

Úvod do klasifikace a fylogenetické rekonstrukce

Biologická klasifikace se netýká evoluce a evolučních vztahů. Pouze zařazuje organismy do systému živočichů na základě jejich anatomických podobností a rozdílů. Systém živočichů a rostlin v současné době používaný je systém Linnéův, který vychází z 10. vydání Linnéovy knihy *Systēma naturae* (1758) v němž jsou poprvé uvedena vědecká jména živočichů a rostlin.

Linnéovský systém má pyramidální strukturu, kdy každá vyšší kategorie zahrnuje jednu a více nižších kategorií. Pracuje na principu větší škatulky ve které jsou vloženy další menší škatulky. Nejnižší úrovní je druh. Pouze tento taxon je považován za přirozený a skutečný ostatní vyšší taxony (krabičky do kterých živočichy a rostliny zařazujeme) jsou vytvořeny uměle člověkem. Systém má minimálně sedm úrovní třídění, ty zahrnují (od nejnižšího po nevyšší taxon): druh, rod, čeleď, řád, třídu, kmen a říši. Ovšem v praxi se používají další taxonomické jednotky, takže může dosáhnout více úrovní (říše, kmen, podkmen, nadtřída, třída, podtřída, kohorta, nadřád, řád, podřád, infrařád, nadčeleď, čeleď, podčeleď, rod, podrod, druh, poddruh) (**obrázek**).

Taxon (z řeckého slova taxis uspořádání) je skupina organismů na kterékoli úrovni v systému (např. čeleď, rod nebo druh). Taxonomie je věda, která se zabývá tříděním organismů do systému. Vědecké názvy, které jsou jednotlivým taxonům přiřazovány jsou řízeny Mezinárodním kódem zoologické nomenklatury. Vědecké třídění do systému je založeno na skupinách organismů, které svými znaky tvoří standardy pro jednotlivé skupiny v systému a nový druh nebo jiný taxon, který má být zařazen musí s nimi být porovnán. Např. každá čeleď nebo pod čeleď má tzv. typový rod a každý rod má typový druh. Každý vědecký název se podle zoologického kódu tvoří např. u čeledi přidáním ke kmenu názvu vytvořeného z názvu typového rodu latinskou příponou *-idae* nebo *-inae* pro podčeleď. Potom máme-li typový rod *Homo*, čeleď budeme nazývat *Hominidae* a podčeleď *homininae*. Pro označení nadčeledi se užívá přípony *-oidea* pro nadčeleď a příponu *-ini* pro (tribe).

Podle zoologického kódu musí být všechny druhy (a pouze druhy) definovány dvouslovnými názvy, rodovým a druhovým. Taky se jim říká binominální názvy, proto se také systému někdy říká binominální nomenklatura. Rodové jméno vždycky píšeme s velkým písmenem a druhové s malým. např. *Homo sapiens*. U fosilních nálezů je někdy problematické zařadit nález určité kostry přímo do druhu a to už definovaného, ale nemělo by činit potíže zařadit nález do nejbližší vyšší jednotky to znamená rodu např. *Homo sp.* takovéto pojmenování identifikuje nález jako patřící do rodu *Homo*, ale tak morfologicky nezařaditelný do definovaných druhů.

Někdy se za rodovým názvem uvádí zkratka cf. (confer) např. *Homo cf. erectus*. Takovýto název indikuje, že nález patrně patří do druhu *Homo erectus*. Také mohou být druhy uváděny se zkratkami s.s. (sensu stricto) nebo s.l. (sensu lato) *Homo habilis s.s.* nebo *Homo habilis s.l.* Užití těchto zkratk není řízeno mezinárodním zoologickým kódem. Zkratka *sensu stricto* je všeobecně užívána u nálezů, které jsou formálně vřazeny (odpovídají) do typového taxonu. *Sensu lato* indikuje širší skupinu nálezů (a snad více variabilní), která by mohla být rozdělena na více druhů než je v současnosti ustaveno. Takováto skupina se také nazývá hypodigma. Někdy se také fosilní nálezy podle zoologického kódu dělí na holotypy a paratypy. Pokud se vytváří nový druh, musí být podložen určitým nálezem nebo sérií nálezů, které budou tvořit typovou skupinu pro nový druh a od této skupiny se bude odvozovat jméno druhu. Holotyp je jediný nález, který slouží jako typový vzorek pro popsání nového druhu nebo poddruhu. Každý další nález patřící do typové série se nazývá paratyp. Typová série se skládá ze všech nálezů, které patří do typového taxonu na základě první definice nového druhu.

Mezinárodní kód zoologické nomenklatury vydává pravidla pro řazení do taxonů a jejich pojmenovávání. Ale ostatní oblasti spojené s klasifikací a popisem nových druhů, možné spory o zařazení do taxonů apod. podléhají široké vědecké diskusi. Jsou to oblasti: definice a popis nových druhů, seskupování do taxonů v rámci systému a změny postavení taxonů v Linnéově hierarchii.

Definice a popis druhu

Druhy jsou nejnižšími jednotkami v linnéově systému. Jsou definovány různým způsobem. Nejznámější definicí druhu je tzv. definice biodruhu od Ernsta Mayra (1940). Biodruh je definován jako skupina současně nebo potenciálně se křížících přírodních populací, které jsou reprodukčně izolovány od jiných druhů. Tato definice je aplikovatelná pouze na v současnosti žijící organismy a byla Simpsonem (1961) kritizována, že nepočítá s evolucí druhů. Proto Simpson vytvořil vlastní definici druhu pro tzv. evoluční druhy (vyvíjející se druhy) podle ní druh tvoří tzv. evoluční linii (od předků k potomkům táhnoucí se sekvence populací) vyvíjející se odděleně od ostatních s vlastní evoluční úlohou a tendencemi (Simpson 1961). Tato definice zahrnuje reprodukční kontinuitu v čase a již se podobá definici zavedené Wileym (1978), který definuje druh jako: vývojovou linii organismů od předka až po recentní populaci, která si zachovává svoji identitu od ostatních podobných vývojových linií, a má vlastní evoluční tendence a historii.

Všechny tyto definice druhu způsobují problém při aplikaci na vymřelé druhy. Kontinuita fosilního druhu musí být podložena kontinuitou anatomických znaků a musí zde existovat spojitost mezi anatomickou podobností a rozmnožovací kompatibilitou.

Simpson předpokládal, že pokud se u dvou a více skupin překrývá variační šíře všech studovaných anatomických znaků, všechny tyto skupiny musí pocházet z jedné křížící se populace nebo biodruhu. Naopak, jestliže se variační šíře znaků nepřekrývá je jasné, že tyto skupiny pocházejí ze dvou různých biodruhů. Právě u fosilních nálezů ovšem, často dochází k překrývání anatomických znaků. Na druhé straně mnoho autorů jako (Vrbová 1980, Tattersall 1986, Turner a Chamberlain 1989) tvrdí, že neexistují důkazy že speciace je spojena s anatomickými znaky.

Právě v paleoantropologii se to týká mladších fosilních nálezů, konkrétně neandertálců. Zda anatomické odlišnosti potvrzují existenci samostatného druhu *Homo neanderthalensis*, což by znamenalo jejich reprodukční izolaci od *Homo sapiens*, což by znamenalo, že neandertálci nepřispěli svými geny do genofondu člověka.

Paleoantropologové tedy operují s morfospecies, druhy které jsou definovány na základě morfologické nebo anatomické podobnosti. Všechny představy o jejich schopnosti křížení s jinými druhy jsou pouze hypotézami založenými na anatomické podobnosti, což uvolňuje prostor pro diskusi o ohraničení fosilních druhů.

Jiné definice druhu, které jsou aplikovatelné na fosilní druhy vymezují druhy jako paleospecies nebo chronospecies. Oba takovéto druhy označují časově po sobě následující druhy v jedné linii (Simpson 1961). Ovšem zde je problémem identifikovat kde končí jeden druh a kde na něj navazuje jiný. Např. pokud považujeme za chronospecies *Homo habilis* a *Homo erectus* ovšem jak poznáme, kde končí *H. habilis* a začíná *H. erectus*? Podle Simpsona (1961) by měly být následné druhy definovány podle morfologických znaků jako druhy patřící do jedné skupiny žijící současně. Existuje však hodně taxonomů, většinou přívrženců fylogenetické systematiky kteří tvrdí, že není možné rozdělit přímé vývojové linie na chronospecies a paleospecies. Pokud existuje přímá vývojová linie např. od *H. habilis* k *H. sapiens* z níž nevzešly žádné jiné odnože, celá tato vývojová linie by měla patřit do jednoho druhu *H. sapiens* (Eldredge a Carcraft 1980, Bonde 1981).

Seskupování taxonů do systému

Aby mohly být taxony řazeny do systému živočichů, musí být napřed z nich nižších jednotek vytvořeny skupiny např. příbuzných druhů. Tyto skupiny se potom řadí do vyšších jednotek. Aby k tomu mohlo dojít, musí být napřed objeveny evoluční vztahy mezi jednotlivými skupinami (předek, potomek) příkladem může být např. vztah psa, vlka a kojota. Kdy pes a kojot jsou tzv. sesterské skupiny, kdežto vlk a kojot stejně jako vlk a pes mají mezi sebou vztah předka a potomka.

Hierarchické třídění je založeno na jednoduchém, principu anatomické podobnosti. Je zde ovšem jedna potíž. Všechny podobnosti si nejsou z vývojového hlediska rovny. Některé anatomické znaky jsou se vyskytují u více druhů, které vzešly ze stejného předka (i když jsou do jisté míry modifikovány). Nazývají se homologie nebo homologní znaky. Tyto znaky jsou si podobné svou strukturou, ale nemusí plnit stejnou funkci. Klasickým příkladem homologie např. křídlo netopýra a ruka člověka. I když netopýří křídlo je adaptováno k letu, je vytvořeno ze stejných kostí jako lidská paže, která má ale již jinou funkci, je adaptována k manipulaci. Kostí skládající tyto končetiny se od sebe liší velikostí a tvarem.

Některé anatomické znaky mohou být u živočichů podobné aniž by byly homologní.

Takovéto znaky jsou řazeny do kategorie tzv. homoplastických znaků. Homoplastické znaky se podobají způsobem jejich využitím živočichem, ale nejsou dědictvím po společném předku. Např. křídla netopýrů, ptáků a hmyzu jsou ukázkou homoplastických znaků. Jsou si podobné, protože slouží ke stejnému účelu. Strukturálně se od sebe velmi liší. Takovýto typ homoplasie vychází z paralelismu, konvergence nebo analogie. Paralelismus znamená vznik homoplastických znaků u druhů, které vznikly ze společného předka poměrně nedávno.

Convergence znamená existenci znaků souběžně u vzdáleně příbuzných skupin živočichů, zatímco analogie znamená vývoj homoplastických znaků u velice vzdálených skupin, kde tyto znaky nemají žádný vztah ke společnému předku. Příkladem analogie mohou být křídla ptáků a hmyzu. Za homoplastické znaky můžeme také považovat např. mimikry u hmyzu, které jsou projevem náhody, kdy napodobují tvarem, barvou tělo jiných živočichů. Vznik těchto znaků je dílem náhody, kdy se nezávisle na sobě vyvíjejí podobné znaky z různých příčin.

V hierarchickém třídění, které má za úkol odrážet evoluční vztahy, musí být brány za základ homologické znaky, protože právě ony, které pocházejí od společného předka. Ovšem není vždycky snadné je odlišit od paralelních znaků, získaných po recentních předcích u nichž je podobnost struktur velká.

Také není možné posuzovat stupeň příbuznosti mezi jednotlivými druhy na základě všech jejich homologních znaků. Často některé homologické znaky v průběhu evoluce taxonu vymizí nebo se modifikují. Na základě absolutního počtu znaků může být vytvořena naprosto chybná klasifikace vztahů mezi druhy. Ovšem všechny podobné znaky si nejsou rovny, to znamená ne všechny homologie nejsou na stejné úrovni. Některé homologie jsou odvozeny od velmi vzdáleného předka, kdežto jiné znaky pocházejí od mnohem bližšího předka. Proto je třeba takovéto homologní znaky rozlišovat. Např. pokud máme tři druhy a chceme zjistit, které dva z nich jsou blíže příbuzné, musíme hledat homologie, které nesl předek těch dvou blízce příbuzných druhů a které chybí třetímu, vzdálenějšímu druhu. To znamená, že problémem je odlišit blíže příbuznou skupinu od vzdáleněji příbuzné.

Označení taxonů a jejich úrovní v linnéovském systému je jednou z nejkontroverznějších oblastí klasifikace. Proti sobě stojí tři školy: jedna, která je založena na gradech – to znamená na evoluční systematice, druhá na kladech – to znamená na fylogenetické systematice, třetí je fenetika. Systematiku definoval Simpson (1961) jako vědecké studium druhů a diverzity organismů a všech vztahů mezi nimi.

Zastánci kladistické systematiky (Henning, 1966, Eldredge a Cracraft 1980, Bonde 1977, 1981, Andrews a Cronin 1982) tvrdí, že linnéovská hierarchie by měla přesně odrážet vztahy v rozvětvených diagramech, tedy kladogramech. Protože větve kladogramu vycházejí ze skupin společných předků, podobně v hierarchickém systému dělení odráží čas, v němž došlo k odštěpení jednotlivých větví (taxonů). Příkladem takové kladistické klasifikace je oddělení lidí a opic na následujícím obrázku (obr. 1,6).

V jazyce kladistické analýzy se homologie, které sdílejí blízké příbuzné taxony nazývají synapomorfni znaky nebo také sdílené odvozené znaky. Homologní znaky vzdálenějších skupin nazýváme symplesiomorfni starobylé ancestrální sdílené znaky. Což znamená, že tyto znaky nejsou unikátními jen pro studovaný taxon a jsou sice staré, zděděné po předcích, ale mohou být recentně modifikované a nést některé nové prvky. Odvozené znaky, které nesou jen členové určitého taxonu nazýváme autapomorfni znaky.

Příkladem těchto znaků může být srst opic a holá kůže člověka. Opičí srst je sdíleným znakem, kdežto holá kůže člověka se vyskytuje jen u jeho druhu, to znamená, že je znakem autapomorfním.

Kladistika má precizně formulovanou metodiku podle které lze poměrně dobře postupovat. Na rozdíl od jiných přístupů. První zákon evoluční analýzy říká, že dva organismy jsou si tím blíže příbuzné, čím více znaků mají společných. Druhý zákon formulovala kladistika: první zákon platí pouze v tom případě, že jsou ke srovnávání použity jen sdílené odvozené znaky, to znamená symplesiomorfni znaky.

Nejužívanějším způsobem, jak rozlišit synapomorfni znaky od symplesiomorfních je porovnání frekvencí výskytu jednotlivých znaků u několika blízké příbuzných taxonů. Skupinu se kterou znaky porovnáváme nazýváme výchozí skupina. Při srovnávání vycházíme z předpokladu, že nejfrekventovanější znaky které se u porovnávaných skupin vyskytují jsou znaky, které měl jejich společný předek. Autory této teorie jsou Eldredge a Cracraft (1980). Máme-li např 5 hypotetických druhů A,B,C,D,E a potřebujeme zjistit zda A je blíže příbuzný B nebo C. Druhy D a E zde tvoří výchozí skupinu. Každý z těchto 5 druhů má dva rozdílné znaky a a b. Každý z z těchto znaků může nabývat dvou forem. Např. v evoluci hominoidů může znak a být tloušťka skloviny, kdy a s čárkou značí tenkou sklovinu a a se dvěma čárkami silnou zubní sklovinu. Tyto formy znaků se vyskytují u našich 5 druhů v následujících variantách (obrázek):

A	B	C	D	E
a2, b2	a2,b1	a1,b2	a1,b2	a1,b2

Znak a1 se vyskytuje ve větší míře než znak a2 a tudíž jej považujeme za primitivnější formu znaku a. Podobně se ve větší míře vyskytuje znak b2 než b1 proto je též primitivnější formou znaku b. Druhy A a B jsou jediné z těchto 5 druhů, které sdílejí odvozený znak (nebo méně frekventovaný znak) a2 a proto je považujeme za nejpříbuznější ze všech. C tento znak neobsahuje a proto jej považujeme za vzdálenější druh. Závěrem můžeme konstatovat že tento znak (synapomorfni) zdědily po svém předku druhy A a B. Znak b1 se objevuje pouze u jednoho druhu B a proto jej považujeme za autapomorfni nebo také za znak, který se vyvinul pouze u tohoto druhu. Znaky a1 a b2 protože jsou velmi rozšířené považujeme za symplesiomorfni nebo-li sdílené primitivní znaky.

Proces zjišťování která forma nebo znak jsou primitivnější a která odvozenější nazýváme determinace polarity morfoklinu. Morfoklin je linie, o které předpokládáme, že odráží způsob jakým došlo k proměně znaků. Zjišťování polarity znamená determinaci směru jakým se

změny znaků ubírají. Jinými slovy určuje se které znaky jsou původní a které jsou mladší to znamená odvozené. To je snad nejkontroverznější oblast moderní evoluční analýzy, protože dochází ke střetu názorů na definici nebo popis jednotlivých znaků, na směr kterým se znaky proměňují a v důsledku toho potom na složení taxonů.

Porovnávání výchozích skupin je snad tou nejspolehlivější cestou jak sestavit (pokládat druhy podle odvozenosti od nejstarších k nejodvozenějším) morfoklinu, ale v praxi to není tak jednoduché jak jsem uvedla v příkladu. Při analýze většinou docházíme k protichůdným závěrům, když posuzujeme více znaků nebo také pokud více vědců studuje stejný znak dochází k protichůdným závěrům. Jiným způsobem jak sestavit průběh morfoklinu je studium fosilního záznamu. V tomto případě však vyvstává další problém, není možné vždycky považovat znak, který se nachází u fosilních nálezů za primitivnější vzhledem k znakům mladších druhů. Fosilní druhy mohou mít některé znaky velmi specializované jako moderní druhy. Na obrázku převzatém od Eldredge a Cracrafta (1980) je vyobrazena situace v níž je recentní druh primitivnější než jeho fosilní předchůdci. V tomto případě pokud bychom chtěli zjišťovat posloupnost morfoklinu na základě stáří druhu dospěli bychom k naprosto špatným závěrům.

K obrázku 1.4 Příklad mladšího druhu (druh D), který nese starší znaky než jeho fosilní předkové. To ilustruje nebezpečí které představuje závěr, že všechny znaky fosilních druhů jsou primitivnější než znaky mladších druhů.

Tento příklad ukazuje rozdíl mezi klastrovými diagramy a vývojovými schémata (evolučními stromy). Klastrový diagram také zvaný kladogram více vyjadřuje mezidruhové vztahy a je založen na analýze znaků. Neobsahuje informaci o čase a fosilní druhy jsou posuzovány stejně jako recentní druhy. Kladogram tudíž nevyjadřuje vztahy mezi předky a potomky nebo kdo je předkem koho. Takovéto informace vyjadřují právě evoluční schémata.

Obr. 1.5 Několik možných fylogenetických linií, které lze odvodit z jednoho kladogramu. A kladogram; B všechny druhy mají autapomorfní znaky a tudíž žádný druh nelze považovat za přímého předka ostatních druhů; C druh D je primitivnější vzhledem k jeho následovníkům a můžeme ho tedy postavit na čelo jejich vývojové linie; D druh D je primitivnější vzhledem ke druhu C a ten zase k druhu B.

Abychom mohli transformovat kladogram na vývojové schéma musíme napřed buďto vytvořit nebo naopak osekát jeho větve tak, abychom zachytili jejich postavení v čase. Důležité je mít stále na paměti, že stáří fosilií, ještě nemusí odpovídat době jejich objevení se na zemi, nebo počátku vývoje tohoto taxonu. Tyto druhy se mohly objevit mnohem dříve než jednotlivé fosilní nálezy, které máme k dispozici. Potom musíme přistoupit k mnohem složitějšímu kroku. V kladistické analýze určení vztahu předek – potomek zahrnuje předpoklad, že druhy které jsou spolu přímo příbuzné (lineárně), mají znaky, které jsou odvozené od znaků, které mají jejich předkové. Ovšem všechny druhy jak vymřelé tak recentní mají určité znaky, které jsou vlastní pouze jim (autapomorfní znaky). Logicky tedy druhů, které jsou přímými lineárními předky jiných druhů je jen malé procento. To je patrné na rozvětvení vývojových schémat, které připomínají husté keře. Je to nejpřesnější vyjádření aktuálního stavu poznání evoluce. Podle tohoto pohledu evoluce častěji probíhá kladogenezí, to znamená odštěpováním než anagenezí to znamená graduálním vývojem uvnitř jedné linie. Ovšem jak už jsem uvedla výše, existuje mnoho sporných momentů při hierarchickém třídění taxonů do systému a také v sestavování vývojových schémat.

Všechny taxony v kladistické taxonomii musí být monofyletické. To znamená, že musí zahrnovat společného předka i z něho vzniklé taxony. Naprosto nepřijatelné jsou pro

monofilii polyfyletické taxony a parafyletické taxony. Polyfyletický taxon nezahrnuje pouze jediného společného předka recentních taxonů (ale může obsahovat společné předky). Jedná se o taxon který vznikl ze dvou a více samostatných vývojových linií. Parafyletický taxon je taxon, který nezahrnuje všechny dceřinné druhy, které se odštěpily od společného předka. Přesnost kladistické analýzy je závislá na tom jak velké množství konvergencí bylo použito pro analýzu. Čím jich bylo méně, tím jsou výsledky přesnější.

Přehled postupu při kladistické analýze: 1. výběr znaků a druhů pro porovnávání, vytvoření morfoklinu, polarizace morfoklinu, vytvoření kladogramu a vytvoření fylogenetického schématu.

Evoluční taxonomie byla velice oblíbená na konci 60. let a je spojována se jménem Ernsta Mayra, který byl jejím přívržencem. (Simpson 1961, Mayr 1969, Bock 1977) je založená na tzv. gradech (dává dohromady organismy, které se nacházejí na stejném vývojovém stupni např. orangutan, šimpanz a gorila jsou řazeni dohromady. Přitom podle molekulární kladistiky je jasné, že první se oddělil orangutan a gorila, šimpanz a člověk se od společného předka oddělili ve stejném okamžiku). Vychází z předpokladu, že klasifikace nemusí být vždy shodná s evoluční historií skupiny organismů, ale seskupuje k sobě organismy, které se sobě podobají anatomicky i chováním. měla by odrážet jiné vlastnosti zahrnutých organismů než větvení se kladogram. Tato klasifikace je založena na gradech (skupinách zvířat, kteří mají podobný stupeň organizace) a ne na kladech (skupinách zvířat se společným genetickým původem). Správně rozeznává, že ne všechny znaky jsou pro třídění vhodné, ale zkušený evoluční biolog dokáže vhodné znaky rozeznat. Spolehlivé znaky mají větší váhu než znaky nevhodné, ty jsou z analýzy vyřazovány. Znaky posuzuje podle jejich podobnosti. Právě v tom tkví největší problém evoluční systematiky. Nemá definovanou metodu, pouze soubor jakýchsi pravidel, podle kterých se má při klasifikaci postupovat. každý evoluční systematik se řídí svým citem pro evoluci, což je nevědecký přístup. Evoluční taxonomové se při studiu znaků řídí svým citem, čím je badatel zkušenější, tím dosahuje přesnějších výsledků. V evoluční systematice není výjimečná situace, kdy dva badatelé při studiu jedné skupiny, dospějí ke zcela jiným závěrům. Evoluční systematika zcela nezavrhuje kritérium monofyletismu ale považuje minimálně monofylii na úrovni rodu za dostačující. Polyfyletické a parafyletické taxony na vyšších úrovních jsou v této klasifikaci dovoleny. Příkladem evoluční taxonomie opic a lidí je na obrázku 1.7

Fenetika je dalším z přístupů ke klasifikaci organismů. Představitelem této školy je Ralph Sokal. Fenetici uznávají, že ne všechny znaky jsou stejně hodnotné a tento problém řeší tím, že při klasifikaci používají velké množství znaků. Předpokládají, že málo hodnotné znaky mají nižší frekvenci a jsou poměrně vzácné. Pokud tedy použijí velké množství znaků, zmenší nebo dokonce vyloučí tak vliv nehodnotných znaků, protože těch hodnotných je většina a tyto znaky podpoří jejich závěr.

Fenetika má dobře definovanou metodologii. Zde na rozdíl od evoluční taxonomie nehraje roli zkušenost badatele a výsledky, ke kterým dojdou nezávisle dva vědci musí být stejné. Měřítkem přesnosti je zde počet znaků. Čím je použito větší množství znaků, tím jsou získány přesnější výsledky.

Fenetika se od evoluční systematiky odlišuje už v tom faktu, že její přístup ke klasifikaci je vědecký. Má precizně vypracovanou metodologii. Ovšem i zde existuje několik problémů. Znaky, které nemají z taxonomického hlediska váhu nejsou vzácné. To má za následek, že výsledky fenetické analýzy mohou být považovány za správné pouze v případě, že víme které znaky byly ke klasifikaci použity. Jiný badatel, který by použil jiné znaky dojde k jiným závěrům. Pokud spojíme dohromady všechny znaky, které byly v obou případech použity

získáme zase třetí výsledek. Nejsou zde definována pravidla jak si vybrat z několika zcela odlišných závěrů.

říše	říše	
kmen	kmen	
	podkmen	
	nadtřída	
třída	třída	
	podtřída	
	kohorta	
	nadřád	
řád	řád	
	podřád	
	infrařád	-ini
	nadčeleď	-oidea
čeleď	čeleď	-idae
	podčeleď	-inae
rod	rod	
	podrod	
druh	druh	binominální název (rodový a druhový)
	poddruh	