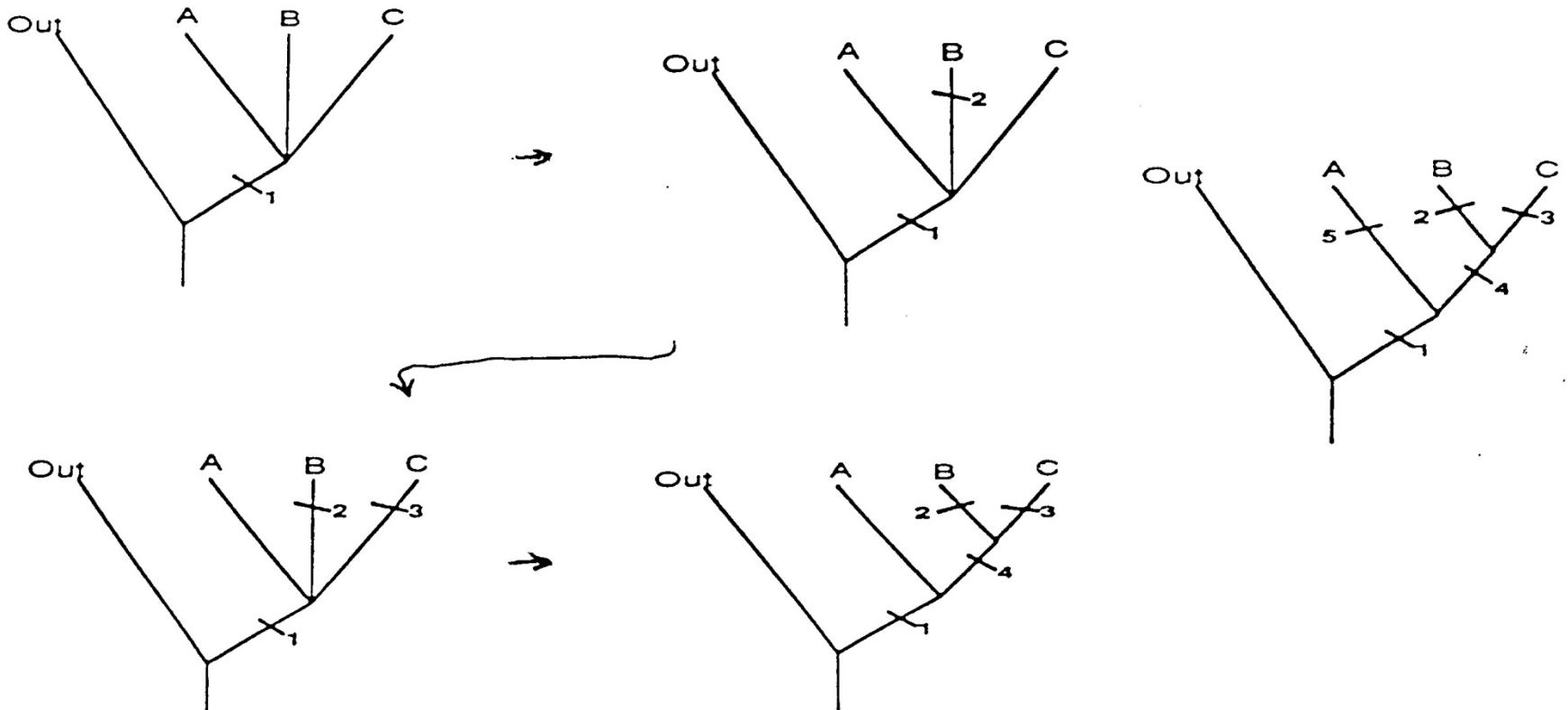


Hennigova metóda

znaky (transf. série)

1 2 3 4 5

outgroup	0	0	0	0	0
A	1	0	0	0	1
B	1	1	0	1	0
C	1	0	1	1	0



Wagnerov algoritmus

Najprv je potrebné zaviesť niekoľko termínov (vzorcov):

- 1) Určitý **znak** (X) určitého taxónu je definovaný ako $X(A,i)$, kde i , je i ty znak vo vektore i znakov.
- 2) **Vektor znakov** určitého taxónu je definovaný ako $\Sigma X(A,i)$. Napr. vektor znakov taxónu A je: $\Sigma X(A,i) = 1\ 1\ 0\ 0\ 0\ 0$.
- 3) **Rozdiel (difference, D)** medzi dvomi taxónmi je suma absolútnych rozdielov medzi ich znakmi:

$$D(C,B) = \Sigma |X(C,i) - X(B,i)|.$$

Počítame ho nasledovným spôsobom:

$$\begin{aligned} D(C,B) &= \Sigma |X(C,i) - X(B,i)| = \\ &= (1 - 1) + (0 - 0) + (1 - 1) + (1 - 0) + (0 - 1) + (1 - 0) \\ &= 3 \end{aligned}$$

Taxon	Characters					
ANC	0	0	0	0	0	0
A	1	1	0	0	0	0
B	1	0	1	0	1	0
C	1	0	1	1	0	1

4) **Interval (INT) taxónu** je dĺžka línie medzi týmto taxónom a jeho predkom. Napr. interval taxónu B je:

$$\text{INT}(B) = D[B, \text{ANC}(B)]$$

kde $\text{INT}(B)$ je interval taxónu B, $\text{ANC}(B)$ je hypotetický predok taxónu B a $D[B, \text{ANC}(B)]$ je vzdialenosť od B k jeho predkovi.

Taxon	Characters						
ANC	0	0	0	0	0	0	0
A	1	1	0	0	0	0	0
B	1	0	1	0	1	0	0
C	1	0	1	1	1	0	1

1. ANC vektor v tabuľke predstavuje predka/mimoskupinu.

2. Vypočítame D od ANC pre každý taxón:

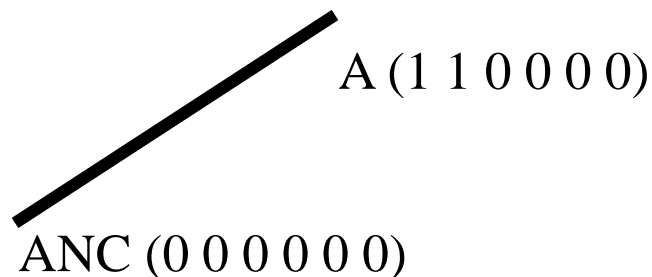
$$D(A,ANC)=2$$

$$D(B,ANC)=3$$

$$D(C,ANC)=4.$$

3. Zostrojíme interval pre tento taxón. A má najmenšiu vzdialenosť k ANC, takže zostrojíme interval $INT(A,ANC)$:

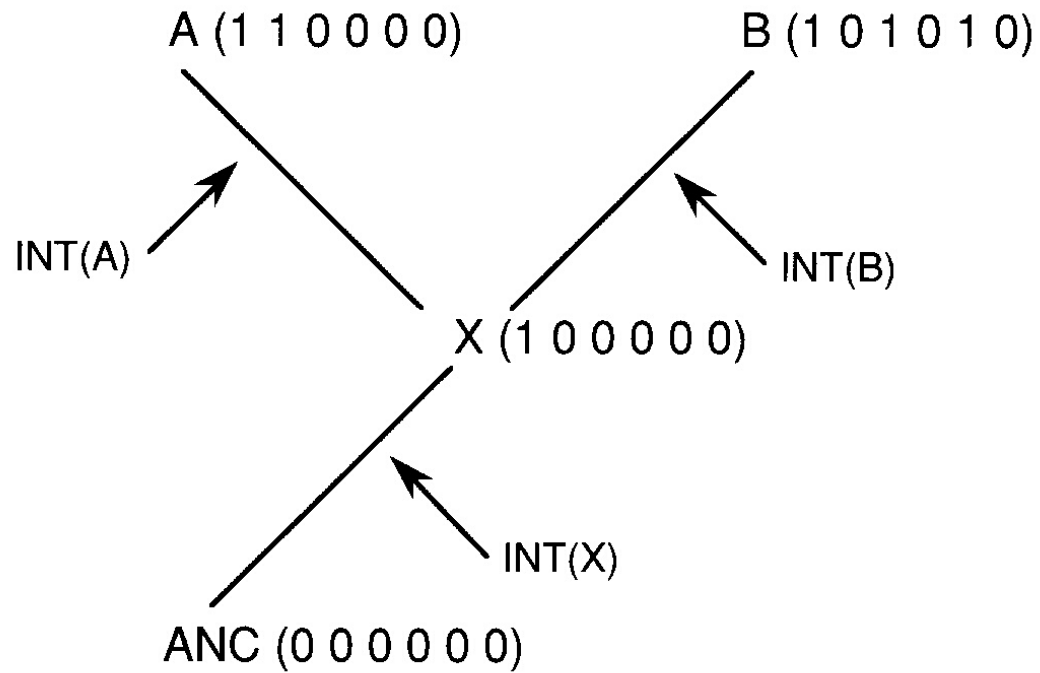
$$INT(A,ANC) = D(A,ANC) = 2.$$



4. Vyberieme taxón, ktorý má druhé najmenšie D k ANC. Bude to taxón B.
5. Nájdeme interval, ktorý má najmenšie D k taxónu B. Zatiaľ máme len jeden interval $INT(A,ANC)$, takže nemáme na výber. Takže nemusíme rátať $D[B,INT(A)]$.
6. Pripojíme B k $INT(A)$, zostrojením hypotetického predka (X), ktorého znaky sú mediánom transformačných sérií ANC, A a B, teda troch taxónov, ktoré sme zatiaľ zahrnuli.

Taxon		Characters					
ANC	0	0	0	0	0	0	0
A	1	1	0	0	0	0	0
B	1	0	1	0	1	0	0
X (median)	1	0	0	0	0	0	0

Taxon		Characters					
ANC	0	0	0	0	0	0	0
A	1	1	0	0	0	0	0
B	1	0	1	0	1	0	0
X (median)	1	0	0	0	0	0	0



7. Vraciame sa ku kroku 4 algoritmu, pridaním ďalšieho taxónu, ktorý má najmenšie D k ANC. Zostáva už len taxón C. Algoritmus uvádza, že ho pripojíme k intervalu, ktorý má najmenší rozdiel od C. Takže musíme vypočítať rozdiely C a troch existujúcich intervalov. K tomu musíme vyrátať rozdiely medzi jednotlivými taxónmi, ich predkami a taxónom C:

$$\begin{aligned}
 D(A,X) &= |X(A,i) - X(X,i)| = 1 \\
 D(B,X) &= |X(B,i) - X(X,i)| = 2 \\
 D(C,X) &= |X(C,i) - X(X,i)| = 3 \\
 D(C,A) &= |X(C,i) - X(A,i)| = 4 \\
 D(C,B) &= |X(C,i) - X(B,i)| = 3 \\
 D(X,ANC) &= |X(X,i) - X(ANC,i)| = 1
 \end{aligned}$$

Taxon	Characters					
ANC	0	0	0	0	0	0
A	1	1	0	0	0	0
B	1	0	1	0	1	0
X (median)	1	0	0	0	0	0

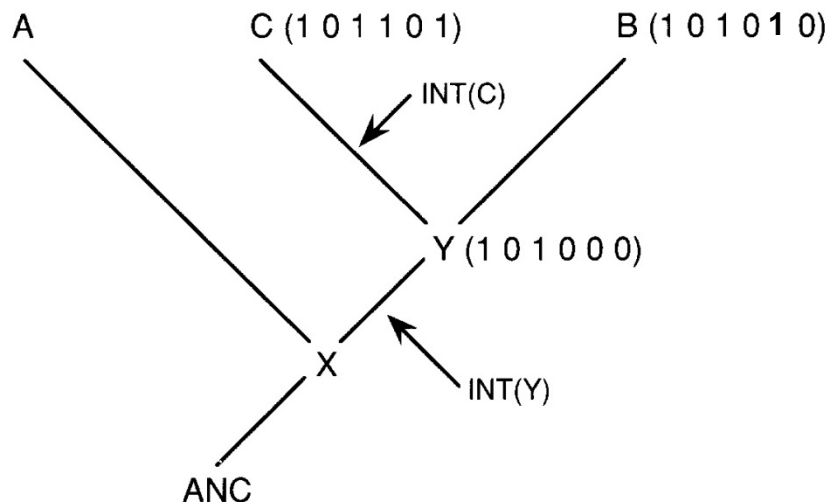
Vzdialenosti k intervalom sú nasledovné:

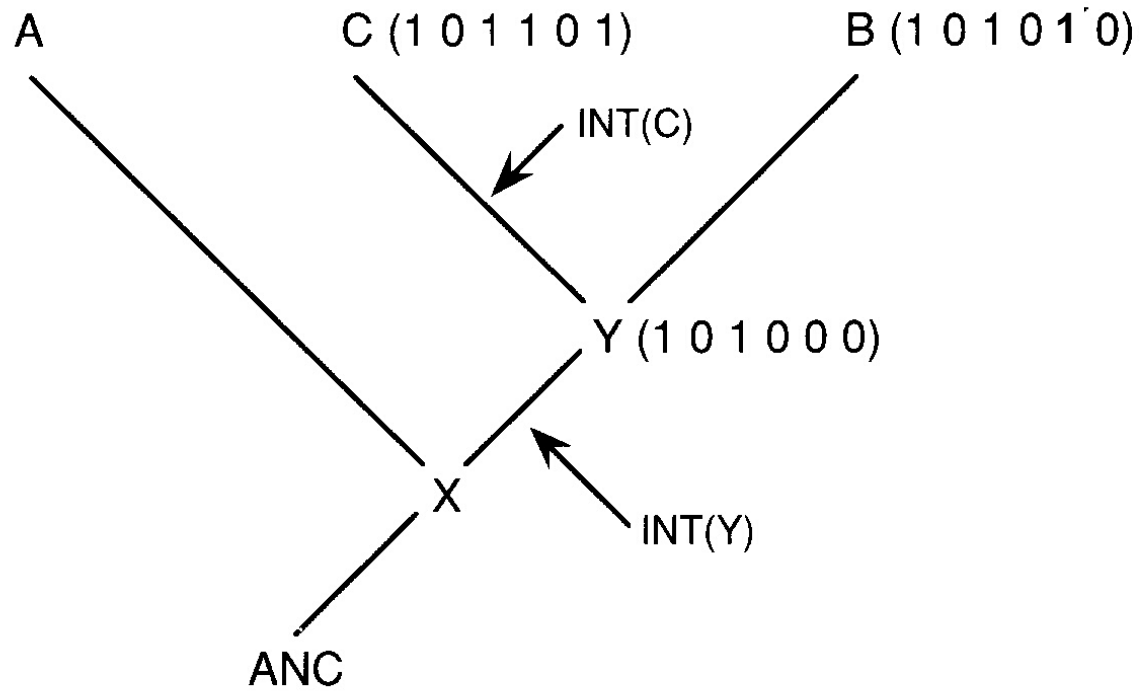
$$D[C, \text{INT}(A)] = D(C, A) + D(C, X) - D(A, X)/2 = (4 + 3 - 1)/2 = 3$$

$$D[C, \text{INT}(B)] = D(C, B) + D(C, X) - D(B, X)/2 = (3 + 3 - 2)/2 = 2$$

$$D[C, \text{INT}(X)] = D(C, X) + D(C, \text{ANC}) - D(X, \text{ANC})/2 = (3 + 4 - 1)/2 = 3$$

Pretože rozdiel medzi C a INT(B) má najmenšiu hodnotu, zostrojíme ďalšieho hypotetického predka (Y) a pripojíme C k stromu cez tohto nového hypotetického predka k intervalu INT(B). Vektor tohto hypotetického predka vypočítame ako medián vektorov troch príslušných taxónov X, B a C. Výsledný strom bude nasledovný:





Taxon

Characters

X	1	0	0	0	0	0	0
B	1	0	1	0	1	0	0
C	1	0	1	1	0	1	0
Y (median)	1	0	1	0	0	0	0

Metódy tvorby evolučných stromov

metóda tvorby stromov	vzdialenosti	typ dát DNA sekvencie alebo iné znaky
zhlukovací algoritmus	UPGMA neighbor-joining tree	
optimalizačné kritérium	minimum evolution tree	parsimónia maximum likelihood Bayesova analýza

Willi Hennig (nemecké vydanie 1950, španielsky preklad 1965, anglický preklad. 1966, 1968)

Evolučné vzťahy sa odvodzujú na základe **SYNAPOMORFIÍ**
odvodených stavov znakov, podobnosť – na základe spoločného pôvodu (**HOMOLÓGIA**)
neposkytol však jasnú a opakovateľnú metodológiu determinácie synapomorfíí.

Farris (1967, 1970, 1972, 1973, 1976, 1977, 1979, 1980, 1982, et al. 1970, a ďalšie)

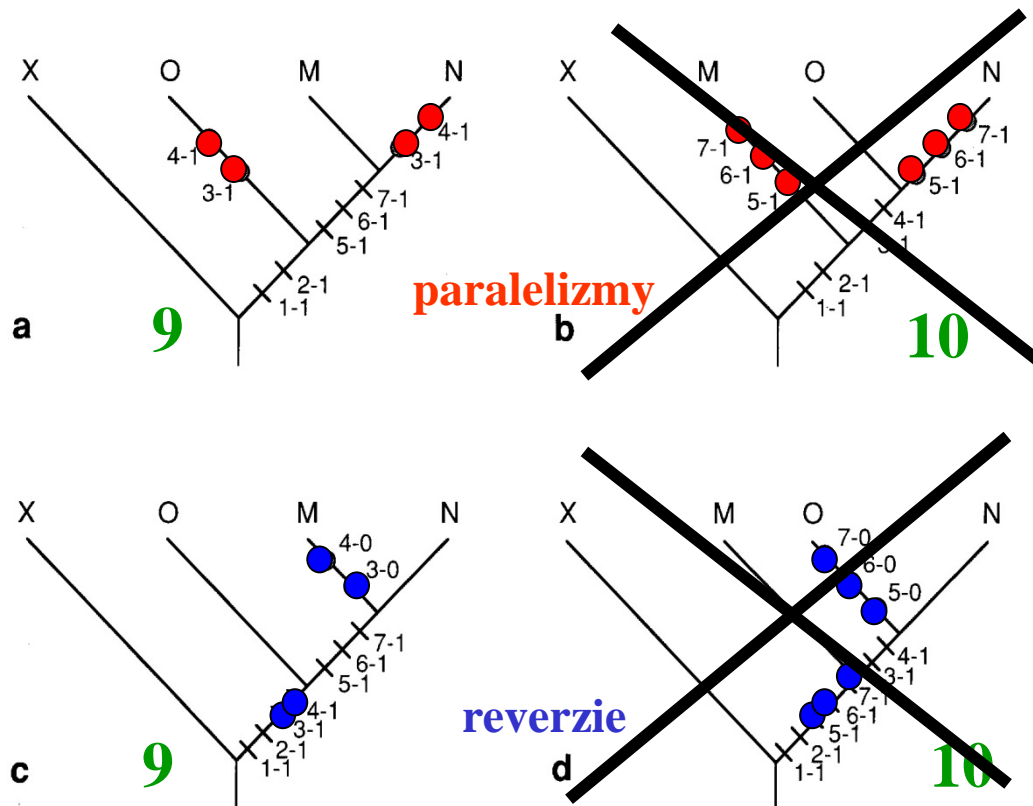
Kritérium na rozoznávanie synapomorfíí je **PARSIMÓNIA**

Parsimónia (maximum parsimony, MP)

Jednoduchá, intuitívna a logická metóda (odvodená od stredovekej logiky – uprednostňujeme najjednoduchšie riešenie), žiadna štatistika

Minimalizuje ad hoc vysvetlenia – homoplázie

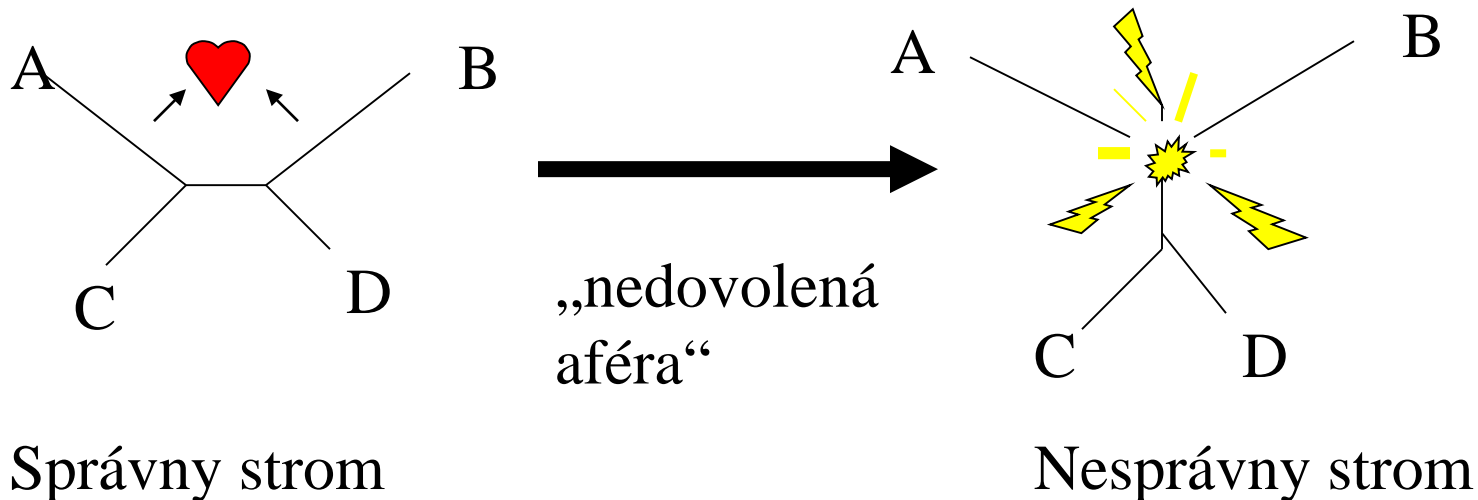
Maximalizuje výpovednú hodnotu



Parsimónia môže dávať zavádzajúce výsledky – long branch attraction

Felsensteinova zóna – niektoré vetvy alebo medziuzly vyzerajú kratšie, lebo sa hromadia mutácie

A -> C -> A, atď'



Parsimónia

- 1) **Wagnerova parsimónia:** považuje znaky za usporiadané, takže zmena z jedného znaku na druhý znamená zmenu cez všetky medziznaky príslušnej transformačnej série. Reverzia znakov nie je obmedzená.
- 2) **Fitchova parsimónia:** považuje znaky v transformačnej sérii za neusporiadané. Reverzia znakov tak isto nie je obmedzená.
- 3) **Dollova parsimónia:** považuje každú synapomorfiiu za unikátne derivovanú, t.j. objavujúcu sa na strome len raz. Môže dôjsť k reverzii synapomorfie, no tá sa potom už nemôže znovu objaviť. T.j. nie sú prípustné paralelné apomorfie. Uvoľnené Dollovo kritérium ("relaxed" Dollo criterion) pripúšťa paralelnú evolúciu, ale za cenu predĺženia stromu (vznik paralelizmu nie je hodnotený ako jeden krok, ale ako viac krokov, "higher cost").
- 4) **Camino-Sokalova parsimónia:** vychádza z predpokladu, že evolúcia znakov je ireverzibilná. Toto kritérium sa používa len zriedka.

Jednoduchá parsimónia (simple parsimony): výber optimálneho kladogramu záleží len na počte zmien znakov, pričom reverzie a paralelizmy majú rovnakú váhu.

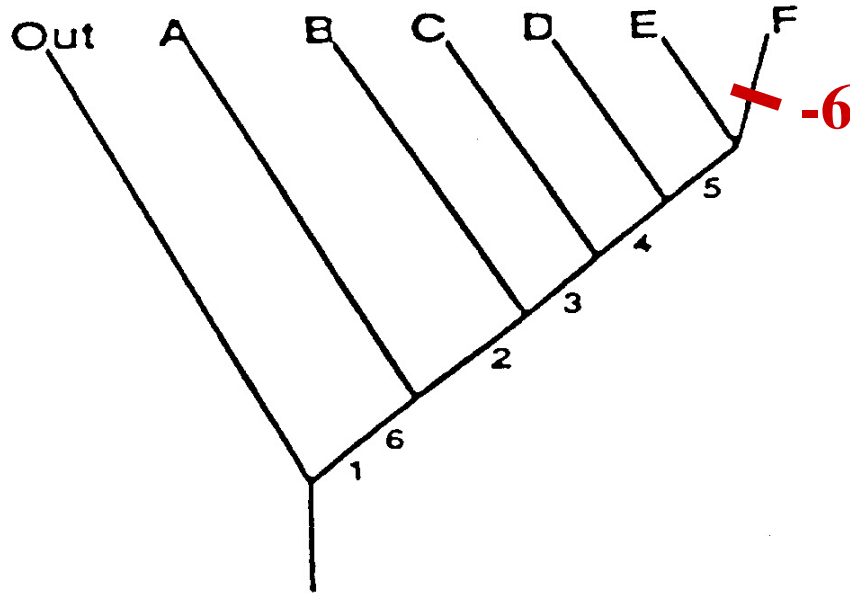
Všeobecná parsimónia (general parsimony): je založená na znalosti znakov. V niektorých prípadoch je vhodné znaky, napr. na základe ontogenetických dát považovať za usporiadané, iné, napr. molekulárne dáta za neusporiadané, v niektorých prípadoch môže byť odôvodnené pridať niektorému znaku vyššiu váhu.

Rovnako parsimonické stromy:

- 1. rovnaká topológia ale rôzna interpretácia znakov – príbuzenské vzťahy sú zhodné, výsledná klasifikácia je rovnaká**
- 2. rôzna topológia – príbuzenské vzťahy rôzne, klasifikácia odlišná**

Konzistenčný index (consistency index, CI, Kluge a Farris (1969)) je merítkom toho, do akej miery topológia stromu zodpovedá informácii obsiahnutej v matici dát. Konzistenčný index sa počíta ako pomer predpokladaných zmien znakov (krokov) vzhľadom k počtu znakov v transformačných sériách v matici dát (m) delený skutočným počtom zmien v kladograme (s) násobený 100: **CI = m/s x 100**

	transformačné série						transf. séria	zmeny
	1	2	3	4	5	6	1	0 -> 1
OG	0	0	0	0	0	0	3	0 -> 1
taxón A	1	0	0	0	0	1	4	0 -> 1
B	1	1	0	0	0	1	5	0 -> 1
C	1	1	1	0	0	1	6	0 -> 1
D	1	1	1	1	0	1		
E	1	1	1	1	1	1		
F	1	1	1	1	1	0		
								Celkový počet zmien znakov v súbore dát je 6.



Zmeny v kladograme sumarizuje nasledovný prehľad:

Transf. séria	zmeny
1	0 -> 1
2	0 -> 1
3	0 -> 1
4	0 -> 1
5	0 -> 1
6	0 -> 1 -> 0

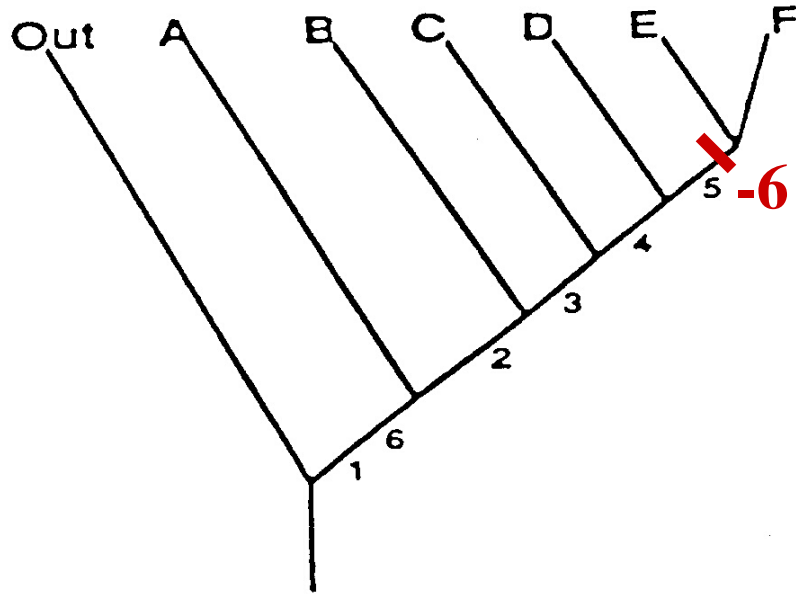
Celkový počet zmien (krokov) v kladograme je 7
 potom $CI = 6/7 \times 100 = 85,7$

Retenčný index (retention index, RI, Farris (1989)) je merítkom množstva synapomorfíí z ich celkového počtu, predpokladaného na základe dátového súboru, ktoré sa zachovajú na kladograme (strome): **$RI = (g - s) / (g - m) \times 100$**

s, m sú definované rovnako ako v CI, **g** je maximálny možný počet krokov (zmien) na strome, čo je celkový počet taxónov so znakom 1 alebo 0 (ktorýkoľvek z nich je menší), sumarizovaný za všetky transformačné série (resp. znaky).

	transformačné série						transf. séria	zmeny
	1	2	3	4	5	6		
OG	0	0	0	0	0	0	3	0 -> 1
taxón A	1	0	0	0	0	1	4	0 -> 1
B	1	1	0	0	0	1	5	0 -> 1
C	1	1	1	0	0	1	6	0 -> 1
D	1	1	1	1	0	1		
E	1	1	1	1	1	0		
F	1	1	1	1	1	0		

Celkový počet zmien znakov v súbore dát je 6.



Zmeny v kladograme sumarizuje nasledovný prehľad:

Transf. séria	zmeny
1	0 -> 1
2	0 -> 1
3	0 -> 1
4	0 -> 1
5	0 -> 1
6	0 -> 1 -> 0

**CI index je rovnaký,
aj keď sa kladogram
líši od predošlého**

Celkový počet zmien (krokov) v kladograme je 7
potom $CI = 6/7 \times 100 = 85,7$

	transformačné série					
	1	2	3	4	5	6
OG	0	0	0	0	0	0
taxón A	1	0	0	0	0	1
B	1	1	0	0	0	1
C	1	1	1	0	0	1
D	1	1	1	1	0	1
E	1	1	1	1	1	1
F	1	1	1	1	1	0

transf. séria	zmeny
1	0 -> 1
2	0 -> 1
3	0 -> 1
4	0 -> 1
5	0 -> 1
6	0 -> 1

Celkový počet zmien znakov v súbore dát je 6.
Počet zmien na kladograme je 7.

Transf. séria	Max. možný počet krokov
1	1
2	2
3	3
4	3
5	2
6	2

$$RI = (13 - 7) / (13 - 6) \times 100 = 85,7$$

celkový maximálny počet krokov je 13

	transformačné série					
	1	2	3	4	5	6
OG	0	0	0	0	0	0
taxón A	1	0	0	0	0	1
B	1	1	0	0	0	1
C	1	1	1	0	0	1
D	1	1	1	1	0	1
E	1	1	1	1	1	0
F	1	1	1	1	1	0

transf. séria	zmeny
1	0 -> 1
2	0 -> 1
3	0 -> 1
4	0 -> 1
5	0 -> 1
6	0 -> 1

Celkový počet zmien znakov v súbore dát je 6.
Počet zmien na kladograme je 7.

Transf. séria	Max. možný počet krokov
1	1
2	2
3	3
4	3
5	2
6	3

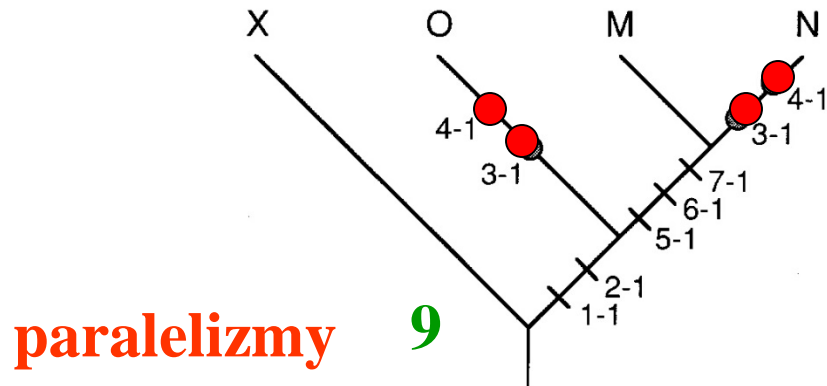
$$RI = (14 - 7) / (14 - 6) \times 100 = 87,5$$

celkový maximálny počet krokov je 14

Namiesto 85,7

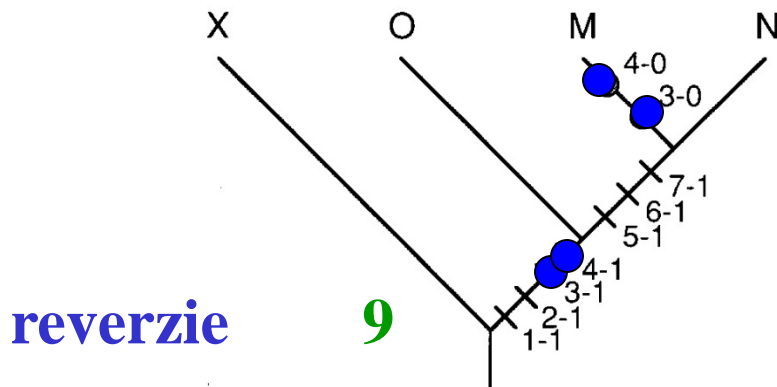
Optimalizácia stromov (optimizing trees)

a posteriori aktivita, ktorá nepomáha konštruovať stromy, ale vyhodnocuje už skonštruované stromy. Ak máme viac rovnako parsimonických stromov pri určitej znalosti vlastností znakov môžeme zvoliť buď strom, pri ktorom uprednostňujeme reverzie pred paralelizmami alebo naopak



DELTRAN

DELays evolutionary
TRANSformation of a
character on a tree



ACCTRAN

ACCelerates evolutionary
TRANSformation of a
character on a tree

Metódy tvorby stromov

Presné metódy

Vyčerpávajúce hľadanie (exhaustive search, implicit enumeration)

Branch-and-bound (ohraničovanie vetiev)

Heuristické algoritmy

Približné (quick-and-dirty) metódy, ktoré však nezaručujú nájdenie najkratšieho stromu

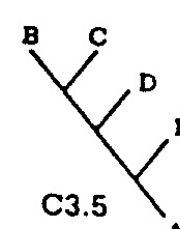
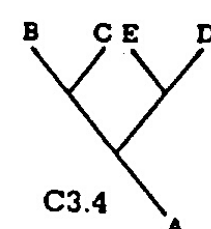
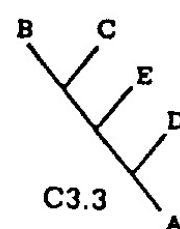
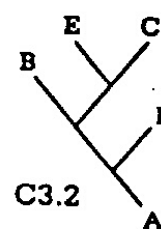
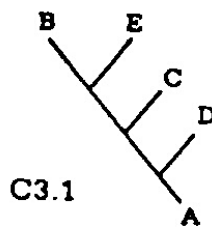
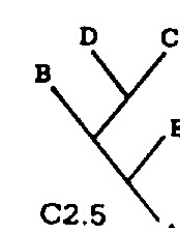
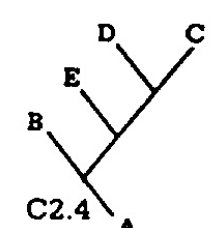
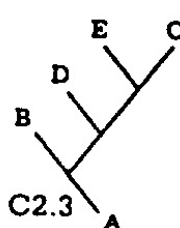
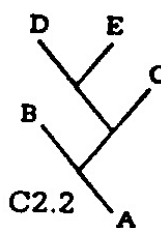
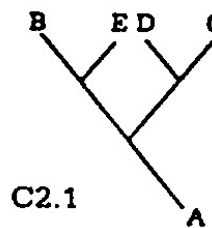
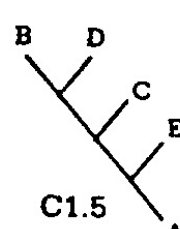
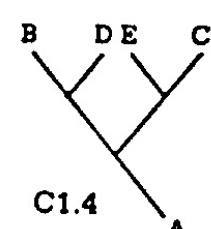
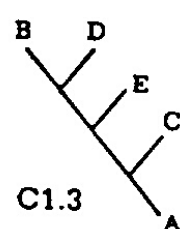
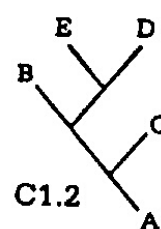
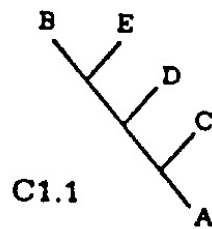
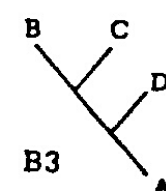
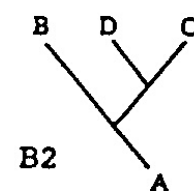
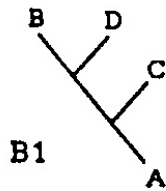
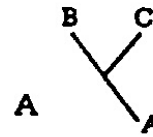
Úpravy počiatočných stromov

Výmena vetiev (branch swapping)

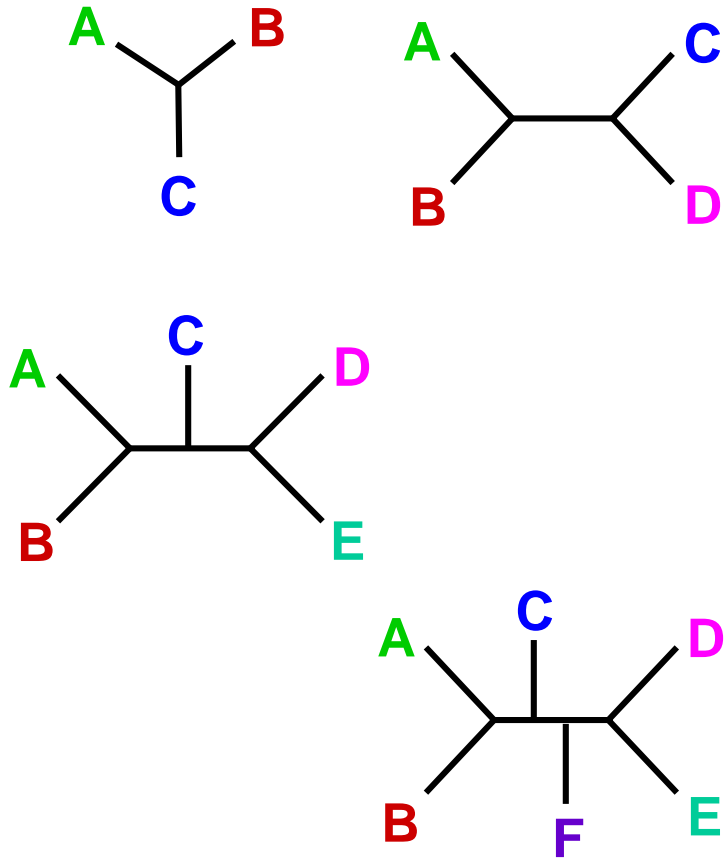
Metódy tvorby stromov

Vyčerpávajúce hľadanie

(exhaustive search, implicit enumeration)

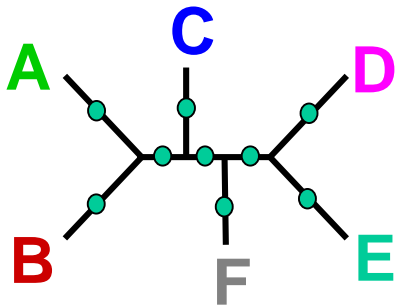
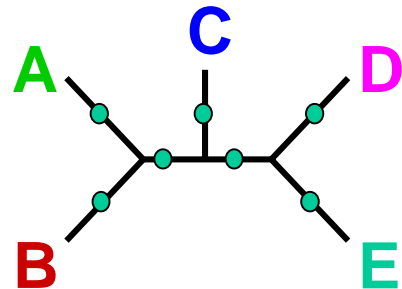
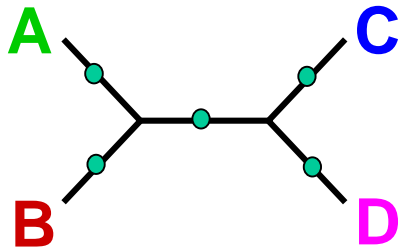


Vyčerpávajúce hľadanie má zmysel ca. do 11 taxónov



Taxóny (N)	Nezakorenené stromy
3	1
4	3
5	15
6	105
7	945
8	10,935
9	135,135
10	2,027,025
.	.
.	.
.	.
.	.
30	3.58×10^{36}

Každý nezakorenený strom môže byť (teoreticky) zakorenený pozdĺž ktoréhokoľvek konára al. medziuzla



Taxóny	Nezakorenené stromy	\times Korene	= Zakorenené stromy
3	1	3	3
4	3	5	15
5	15	7	105
6	105	9	945
7	945	11	10,395
8	10,935	13	135,135
9	135,135	15	2,027,025
.	.	.	.
.	.	.	.
30	$\sim 3.58 \times 10^{36}$	57	$\sim 2.04 \times 10^{38}$
.	.	.	.
135	.	.	2.11×10^{267}

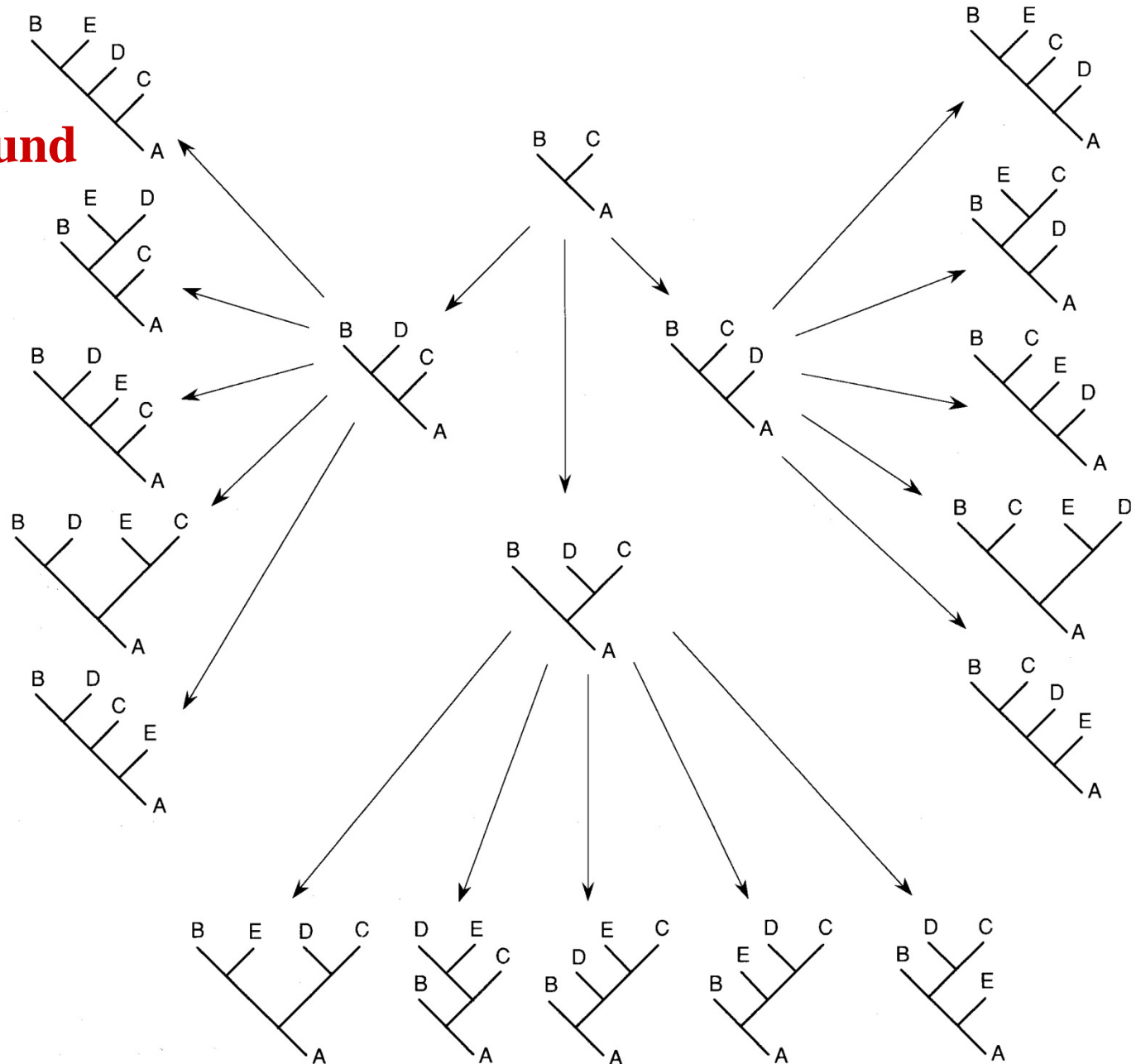
presahuje počet častíc v celom známom vesmíre!!!

Metódy tvorby stromov

Branch-and-bound (ohraničovanie vetiev)

heuristickou
metódou sa
nájde
suboptimálny
strom, ktorý
slúži ako
východiskové
kritérium

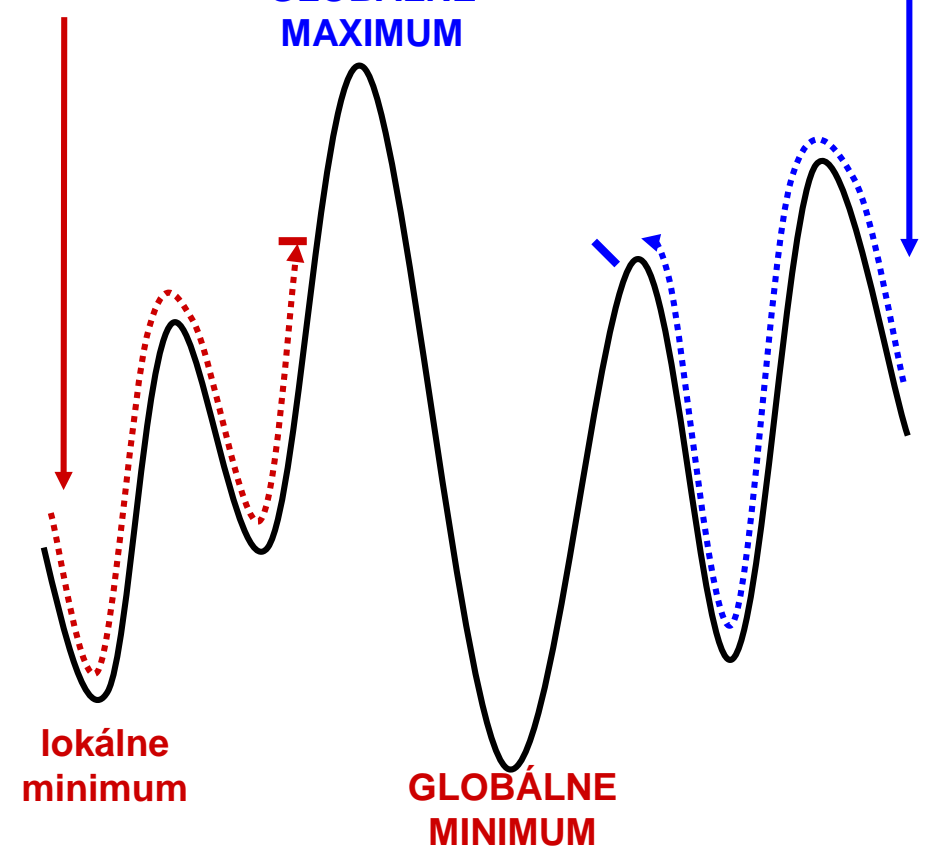
pri počte
taxónov do 25



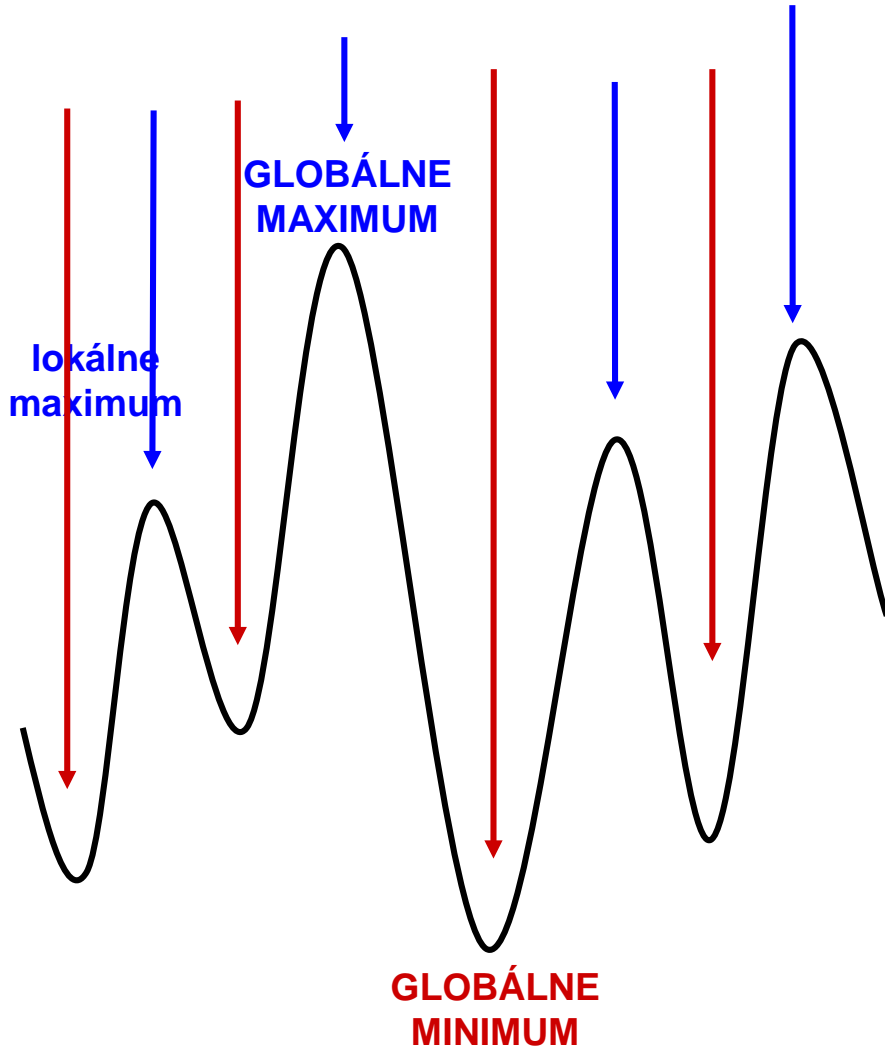
Heuristické algoritmy

Približné (quick-and-dirty) metódy, ktoré však nezaručujú nájdenie najkratšieho stromu

Hľadanie globálneho minima



Pridávanie po krokoch (Stepwise addition)

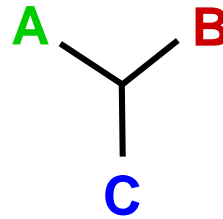


Výmena vetiev (Branch swapping)

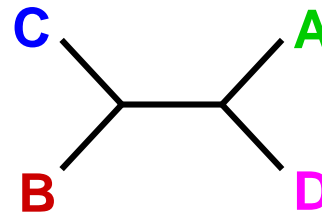
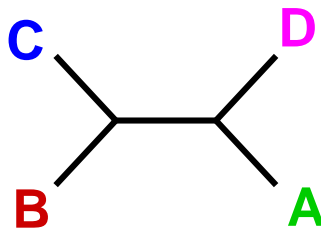
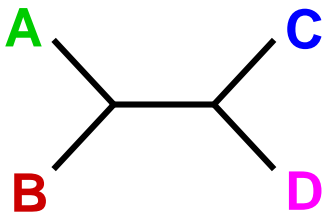
Heuristické algoritmy

Pridávanie po krokoch (stepwise addition)

Najprv sa spoja tri objekty



Potom sa náhodne vyberie štvrtý a postupne sa pridáva k trom existujúcim vetvám (konárom, branch)



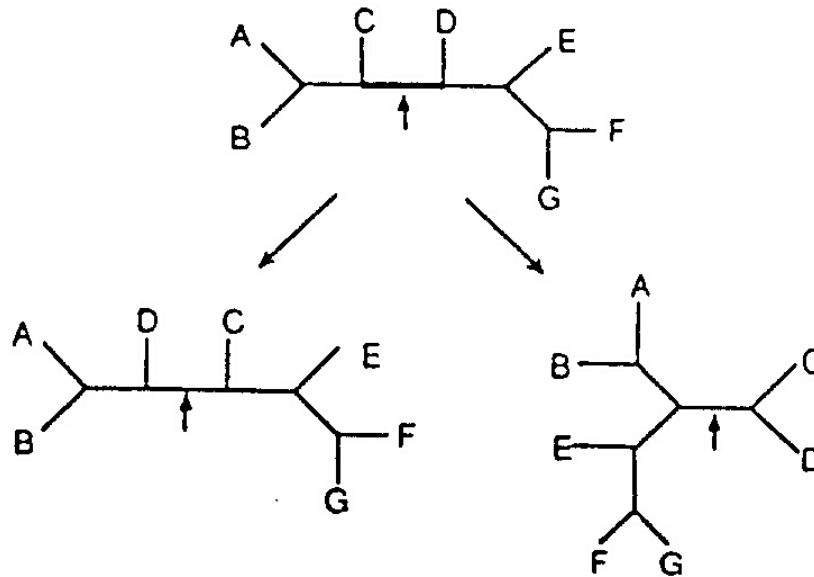
Jednotlivé stromy sa posudzujú podľa optimalizačného kritéria a jeden alebo viaceré najkratšie sa ponechajú do ďalšieho kola, kde sa pridáva piaty objekt, atď.

Proces pokračuje až do vyčerpania všetkých objektov

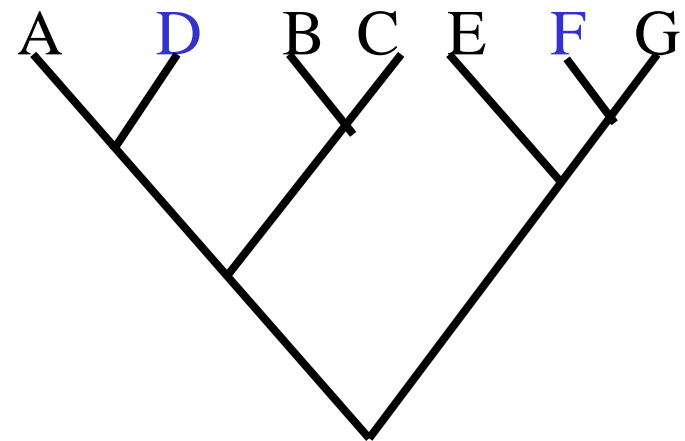
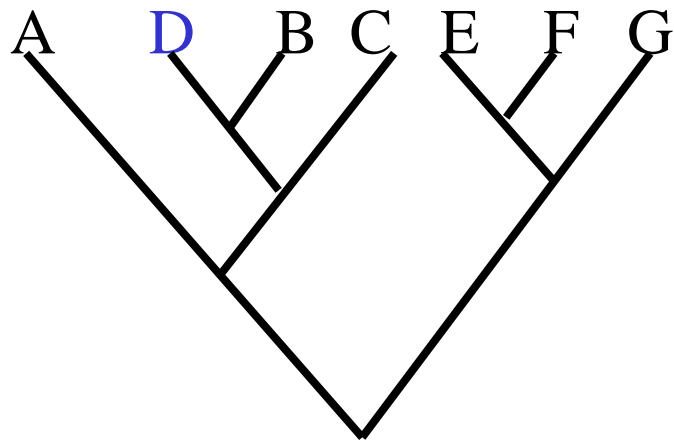
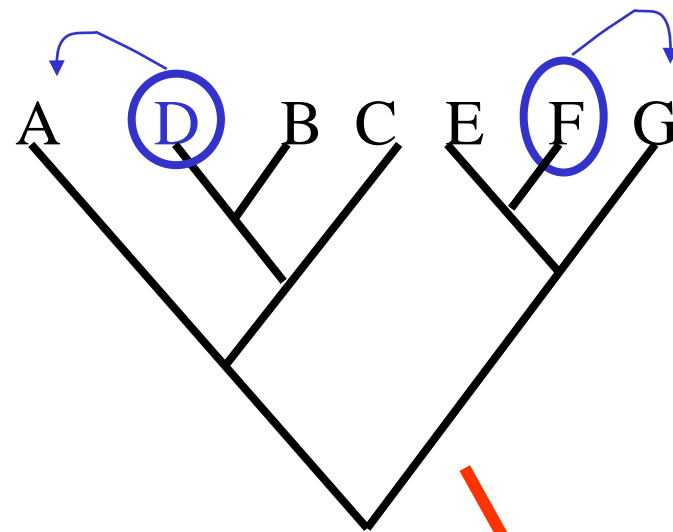
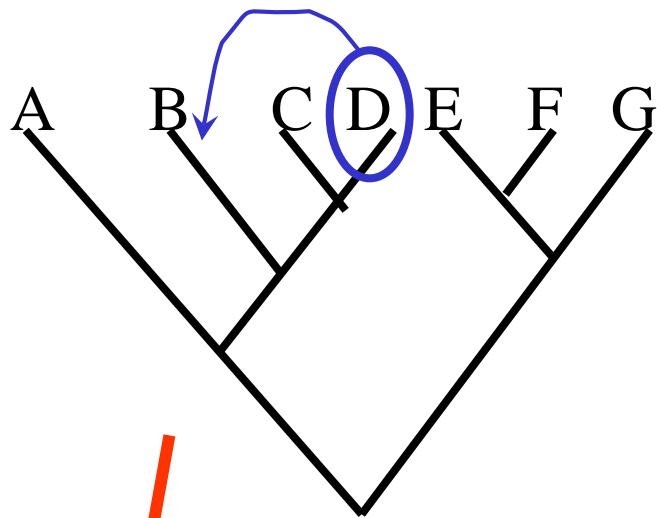
Heuristické hľadanie možno viackrát zopakovať s inými východiskovými objektmi – opakované replikácie (Nreps v PAUP)

Heuristický algoritmus môže začať aj s **Wagnerovým stromom, na ktorom ktorom v jednotlivých krokoch rôznymi metódami **vymieňame vetvy (branch swapping)**, pričom aj tu sa v každom kroku ponecháva obmedzené množstvo stromov, ktoré ďalej „swapujeme“.**

Výmena vetiev (branch swapping)

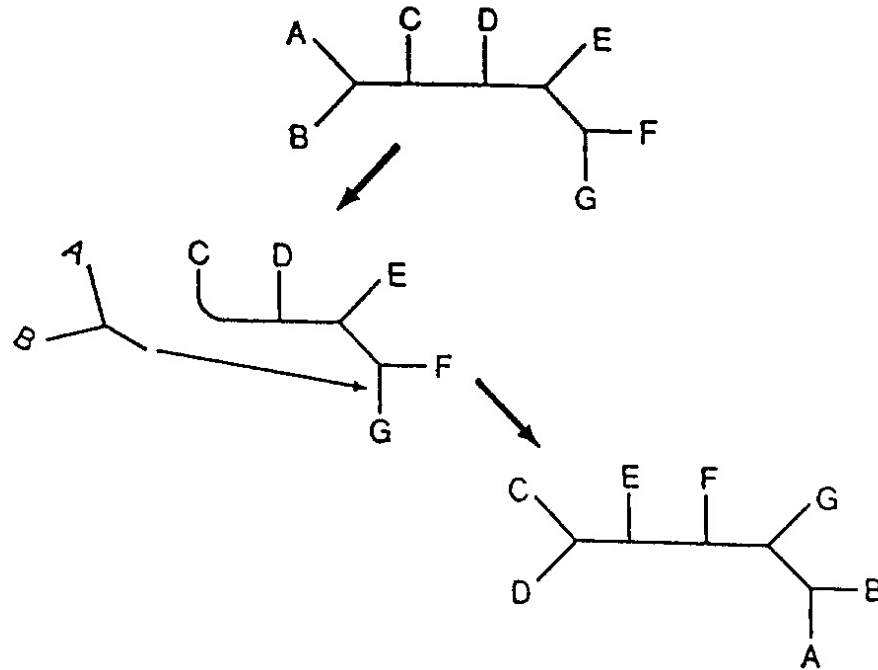


Výmena susedných objektov – nearest neighbor interchange (NNI)

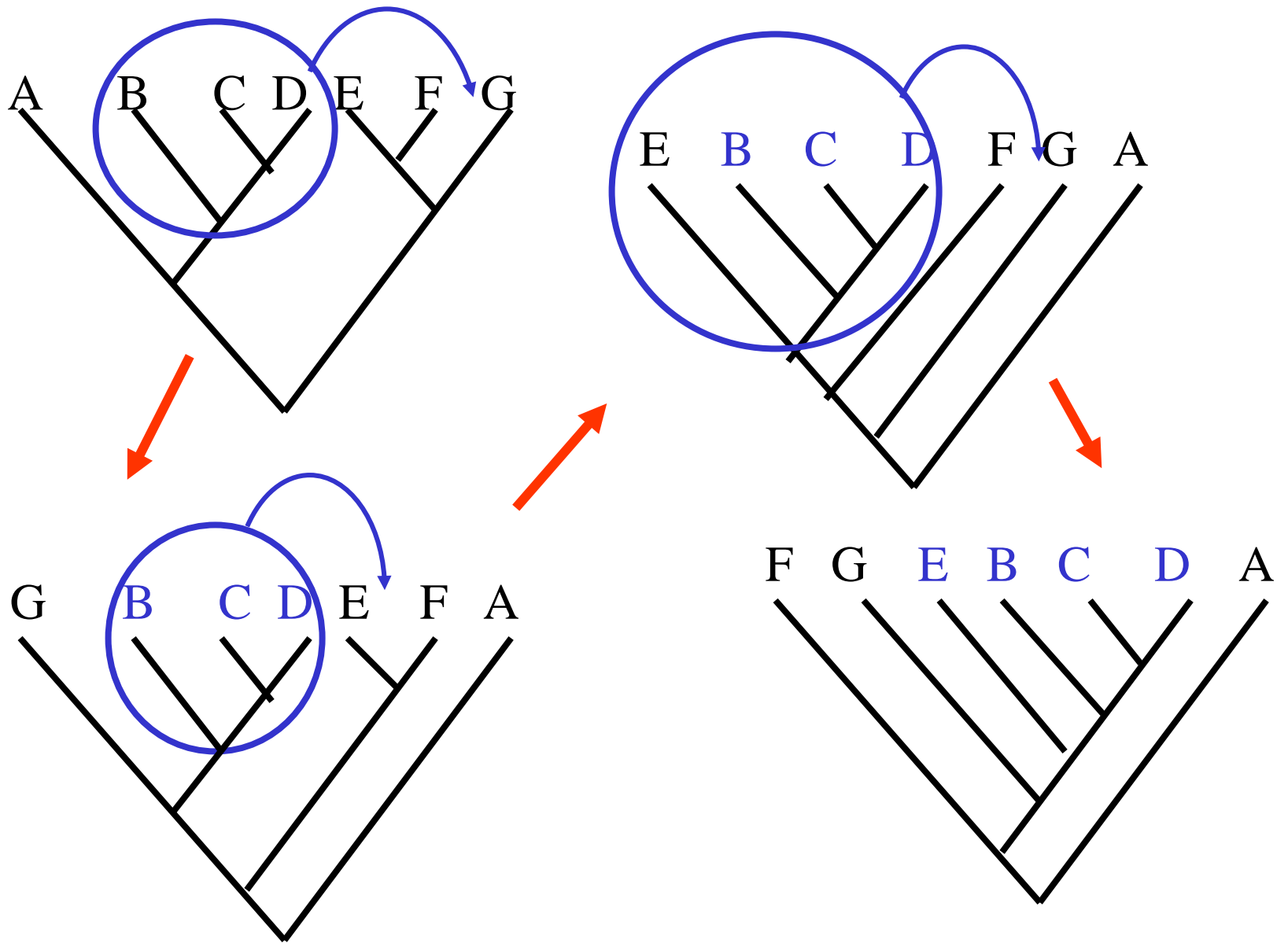


Výměna susedných objektov – nearest neighbor interchange (NNI)

Výmena vetiev (branch swapping)

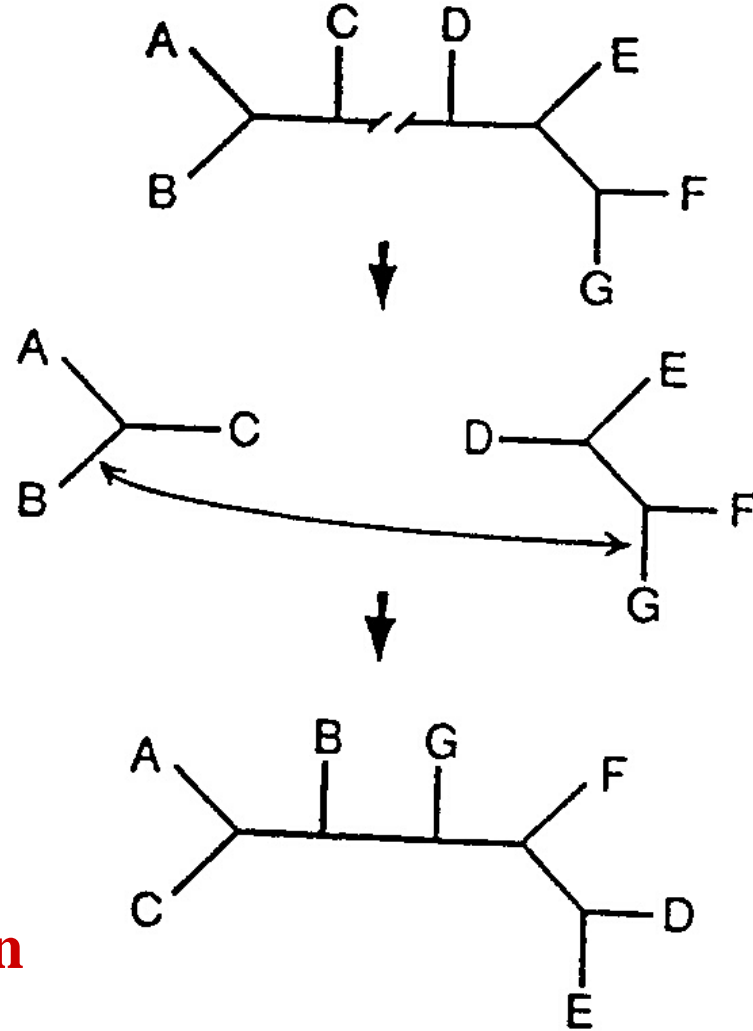


Prerezávanie vetiev (podstromov) a vrúbľovanie (roubování) – subtree pruning and regrafting (SPR)

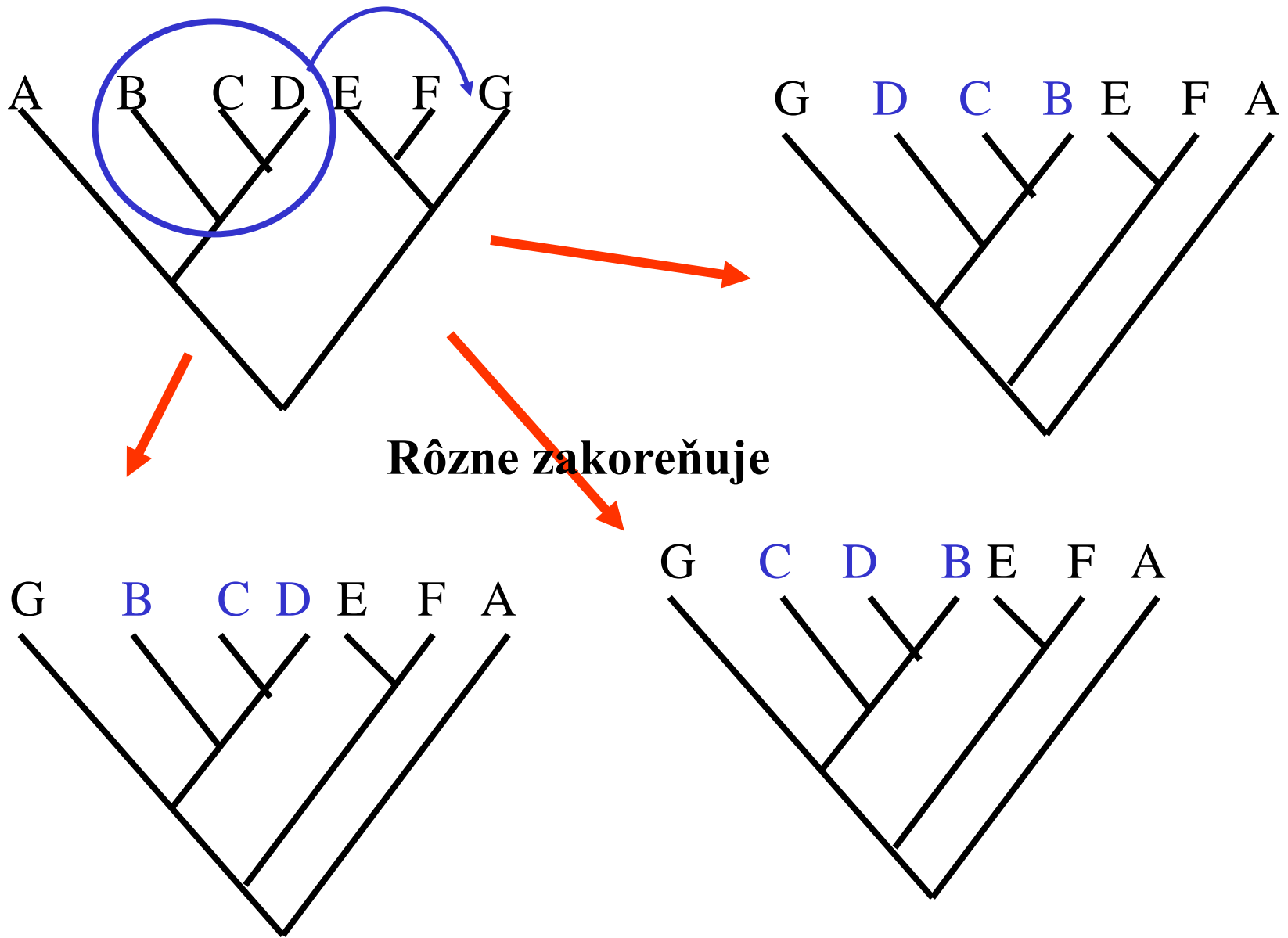


Prerezávanie vetiev (podstromov) a vrúbľovanie (roubovaní) – subtree pruning and regrafting (SPR)

Výmena vetiev (branch swapping)



Delenie a znovuspájanie stromov – tree bisection and reconnection (TBR)



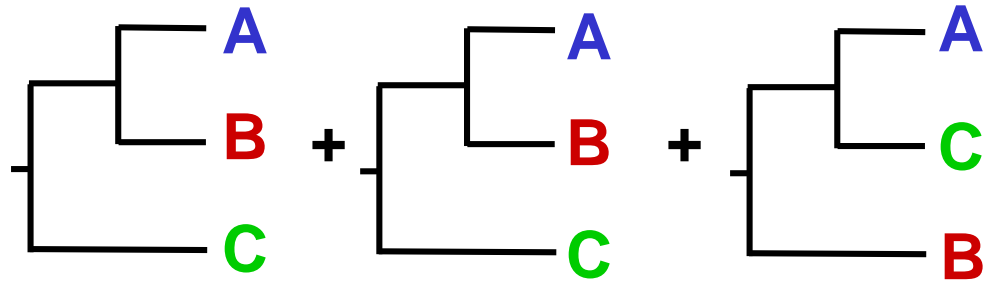
Delenie a znovuspájanie stromov – tree bisection and reconnection (TBR)

TBR vyskúša oveľa viac stromov ako SPR

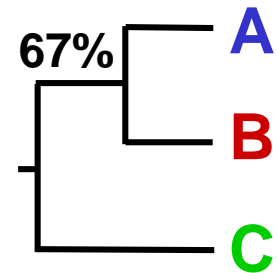
**TBR je teda efektívnejšia v hľadaní najkratšieho stromu,
ale hľadanie aj oveľa dlhšie trvá**

**TBR nie je oveľa efektívnejšou metódou, ak swapujeme
strom, ktorý je veľmi vzdialený od optimálneho stromu –
potenciálne každé SPR swapovanie môže nájsť kratší
strom**

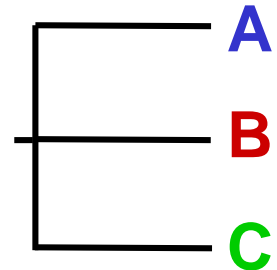
Konsenzuálne stromy (consensus trees)



väčšinové stromy (majority-rule)

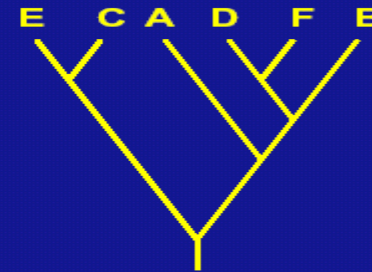
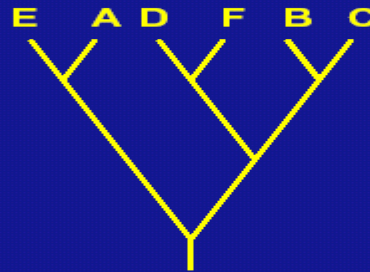
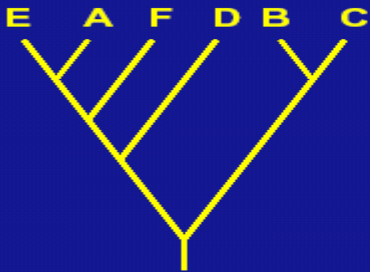
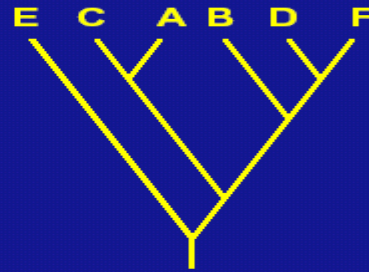
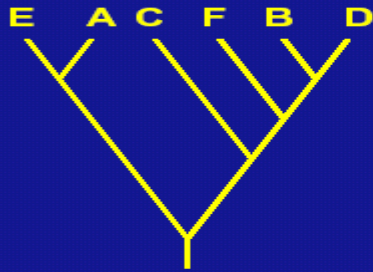


striktne konsenzuálne stromy (strict)



Väčšinové stromy (majority-rule)

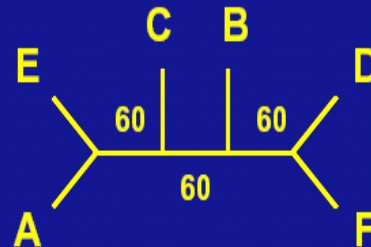
stromy



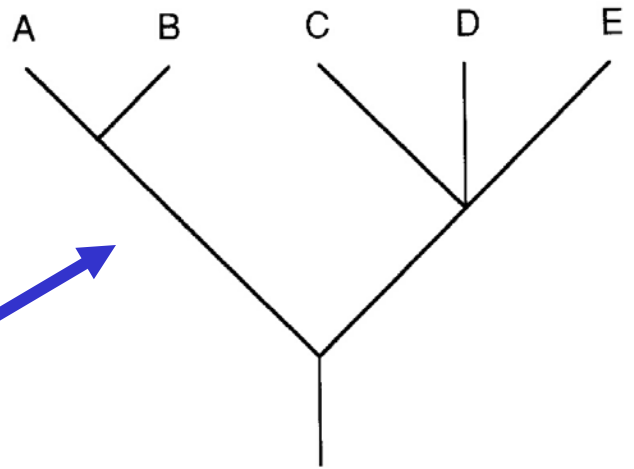
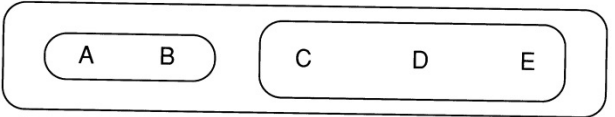
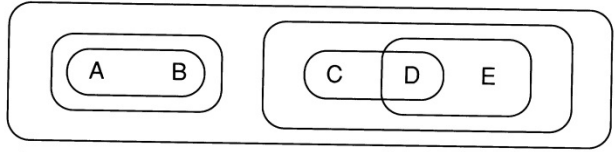
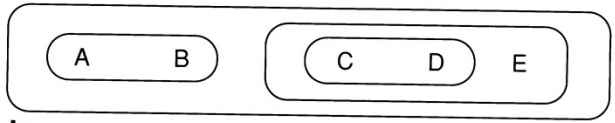
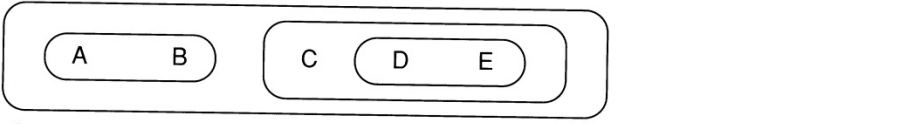
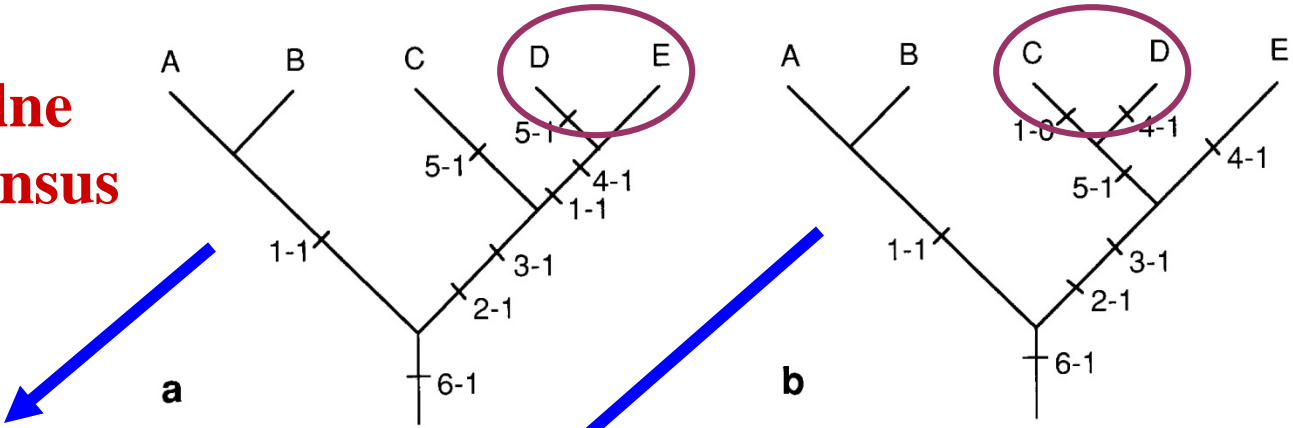
koľkokrát sa každá časť stromu opakuje v pôvodnom súbore

AE BCDF	3
ACE BDF	3
ACEF BD	1
AC BDEF	1
AEF BCD	1
ADEF BC	2
ABDF EC	1
ABCE DF	3

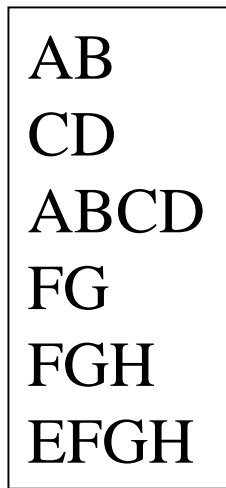
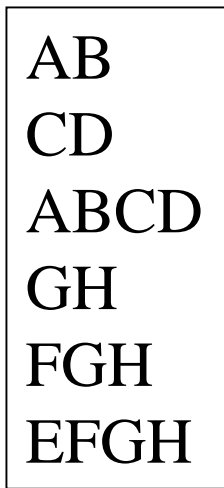
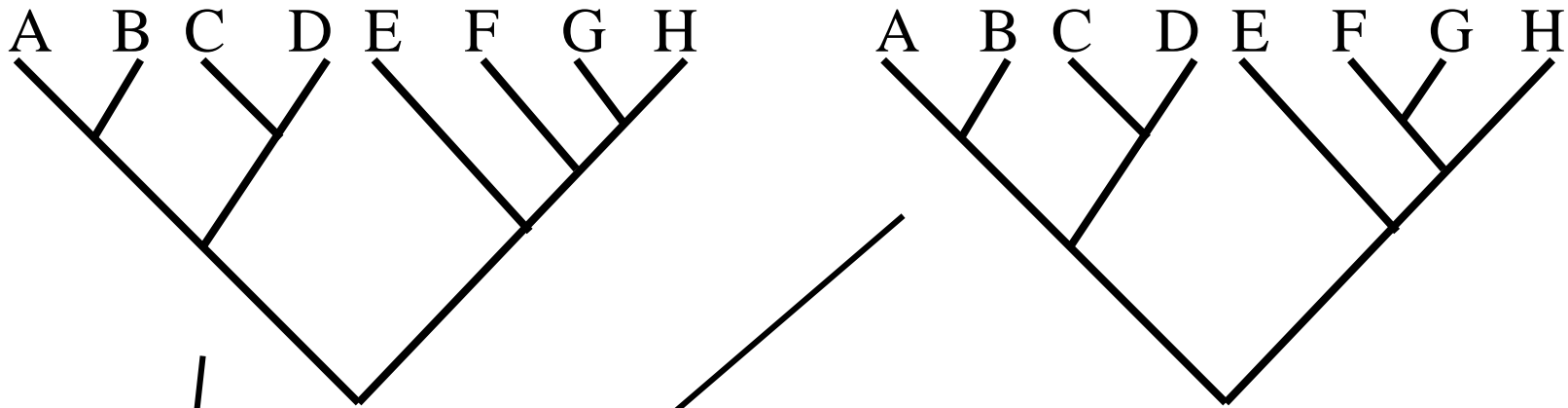
väčšinový konsenzuálny strom nezakorenených stromov



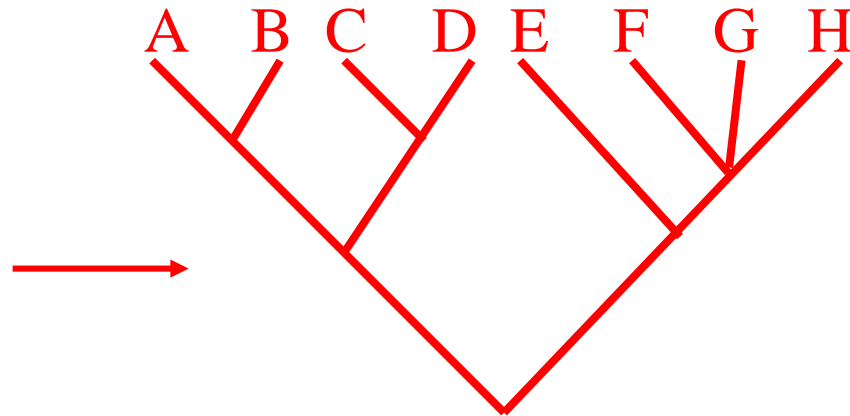
Striktné konsenzuálne stromy (strict consensus trees)



Striktné konsenzuálne stromy (strict consensus trees)

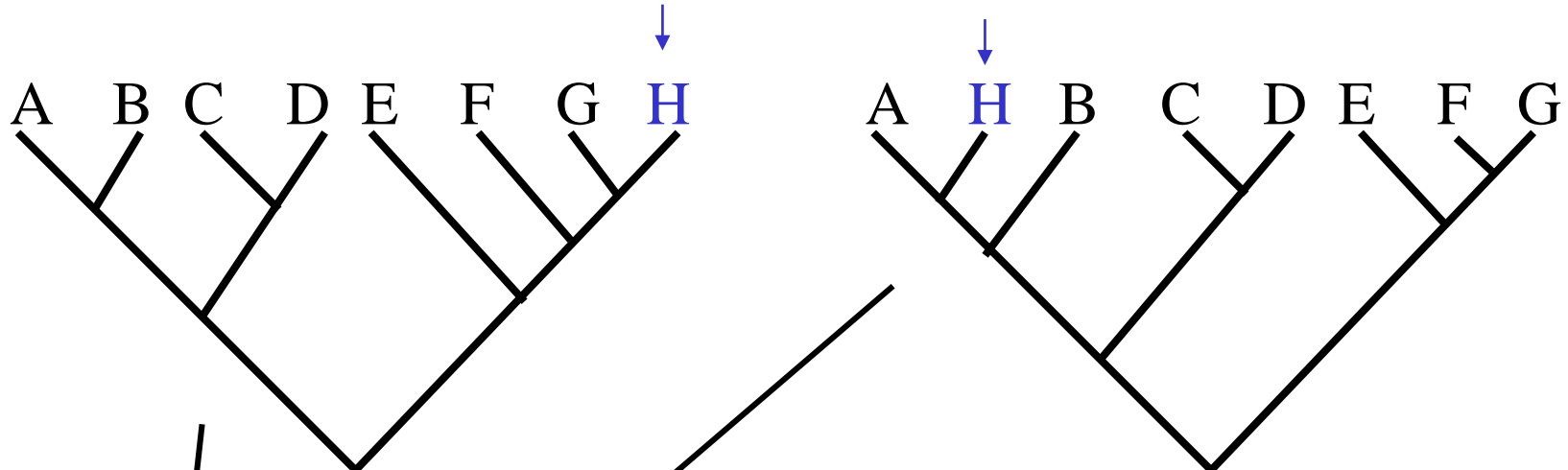


komponenty



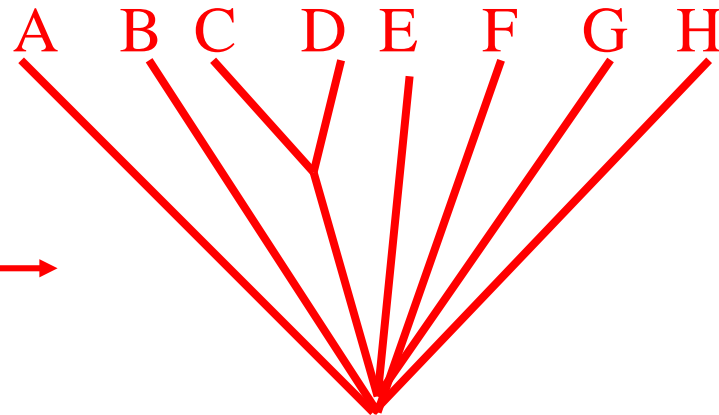
striktný konsenzuálny strom

Nejednoznačná pozícia jediného jedinca môže zapríčiniť kolaps (aj silný signál v dátach môže byť narušený pridaním problematického jedinca do súboru)



- AB
- CD
- ABCD
- GH
- FGH
- EFGH

- AH
- ABH
- CD
- ABCDH
- FG
- EFGH



komponenty

striktný konsenzuálny strom

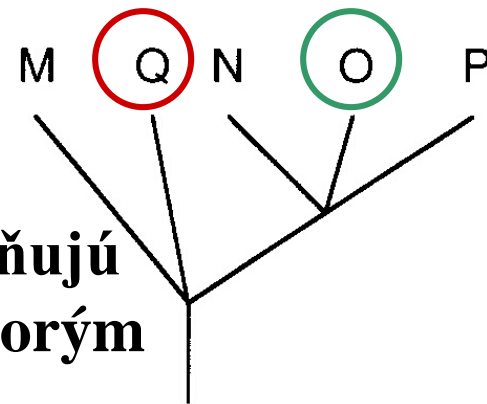
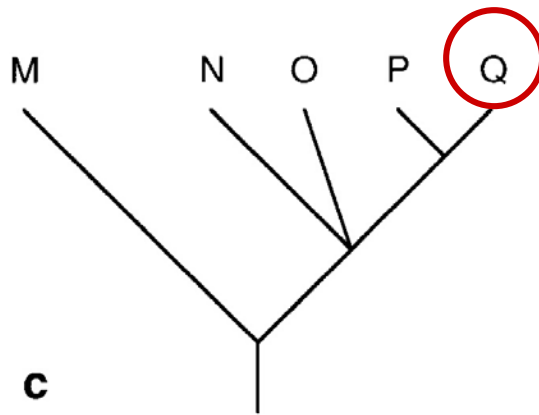
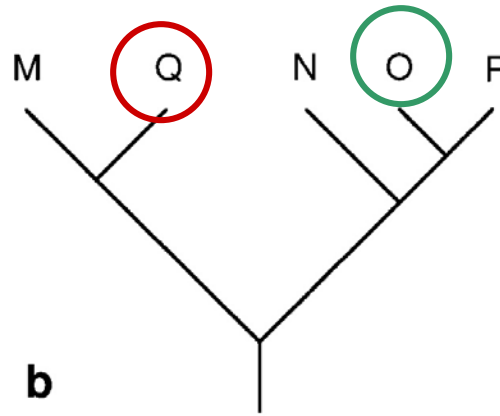
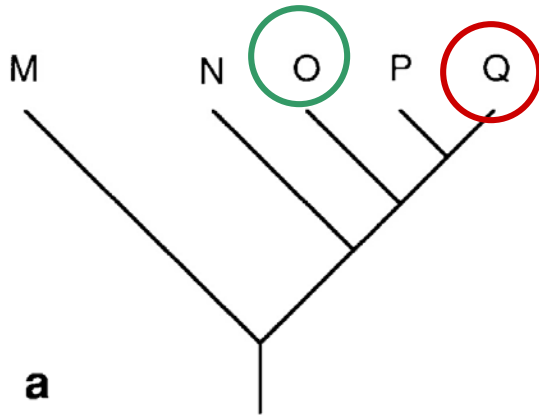
Polytómia je dôsledkom:

1. Chýbajúcich dát – nemáme dostatok znakov (variability), aby sme rozlíšili skupiny

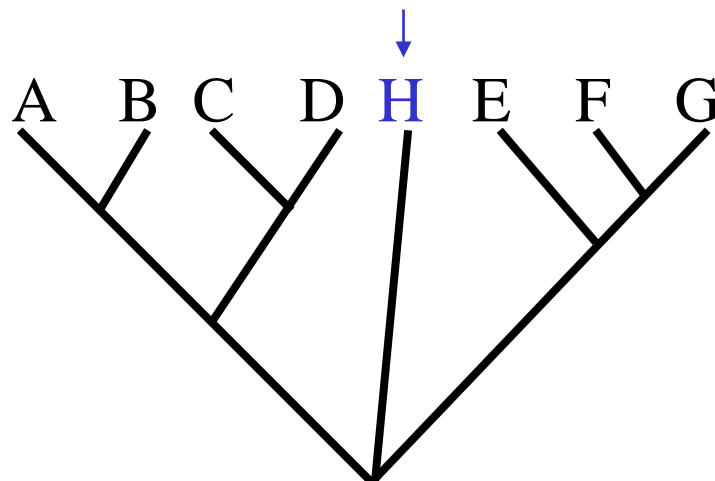
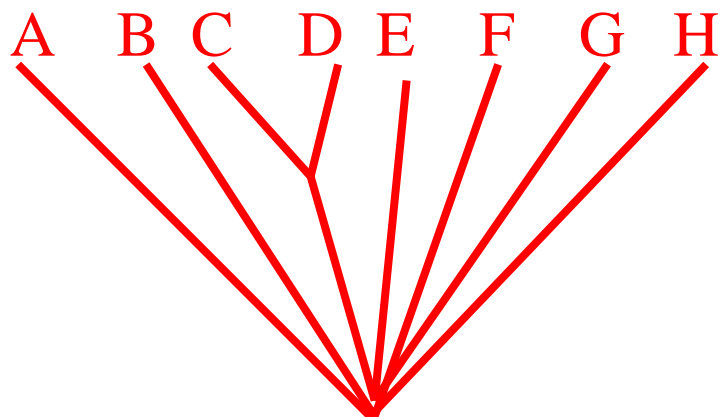
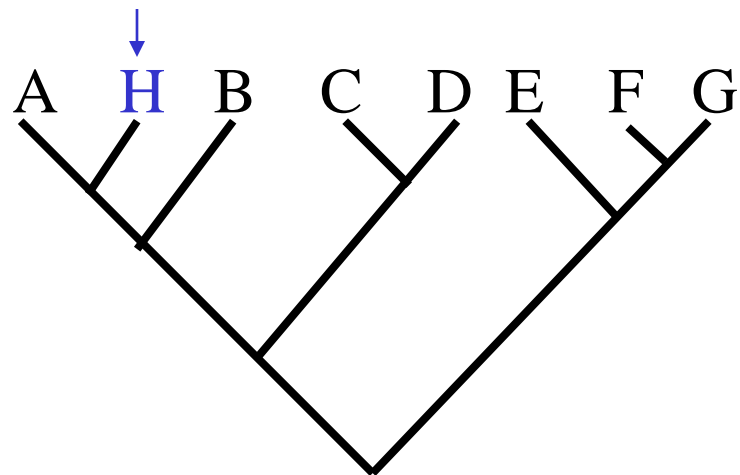
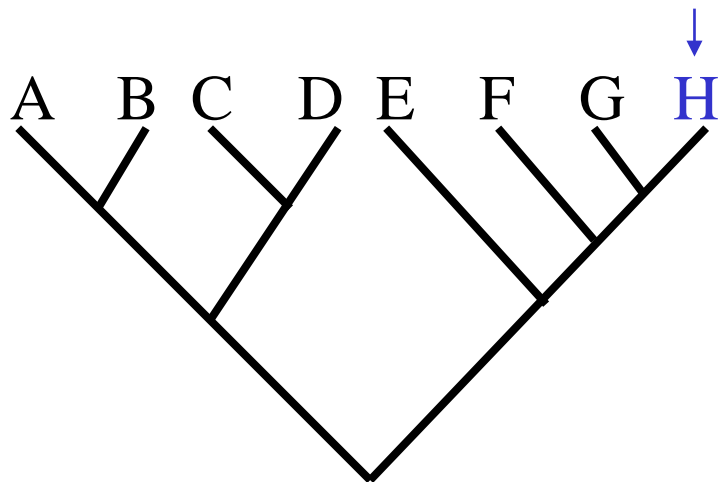
2. Konflikty v dátach – znaky rovnako podporujú umiestnenie objektu na strome na dvoch rôznych miestach (=> chýbajúce dáta)

Polytómiu neinterpretujeme ako rýchlu radiáciu – ide o neurčitost' v dátach !!!

Adamsove konsenzuálne stromy (Adams consensus trees)



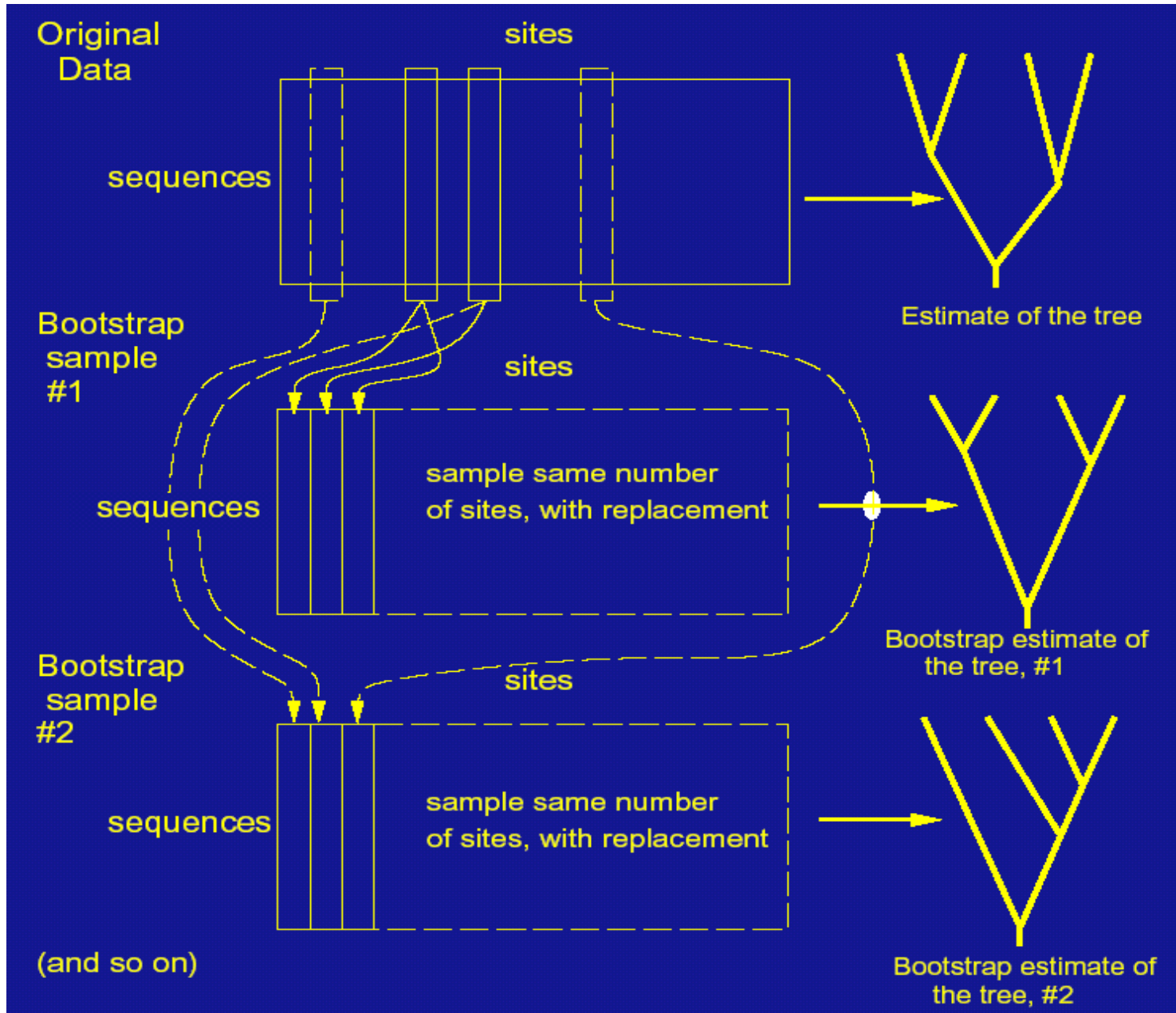
Taxóny spôsobujúce konflikt sa premiestňujú do uzlov, kde už nie sú v konflikte s niektorým z pôvodných stromov



striktný konsenzuálny strom

Adamsov konsenzuálny strom

Bootstrap



Jack-knife

- Jack-knife je veľmi podobné bootstrapu a líši sa iba v **stratégii výberu znakov**
- Náhodne sa vyberá určité množstvo znakov (napr. 50%), ktoré sa vypustia z analýzy
- Jack-knife je v programoch k dispozícii len zriedka a používa sa tiež oveľa menej
- Jack-knife a bootstrap majú tendenciu produkovať podobné výsledky

Bremer support = decay analysis

Bremerova podpora (Bremer support) môžeme vyjadriť ako počet ďalších krokov na strome, ktoré sú potrebné na to, aby príslušná vetva na strome v striktnom konsenzuálnom strome skolabovala do polytómie.

Vetvy na strome, ktoré skolabujú pri tvorbe **striktného konsenzuálneho stromu zo všetkých najkratších** (najparsimonickéjších) stromov majú **Bremmer support = 0**, tento sa však nezvykne uvádzať, podobne ako vetvy s takouto podporou (uvádzajú sa iba vo väčšinových stromoch).

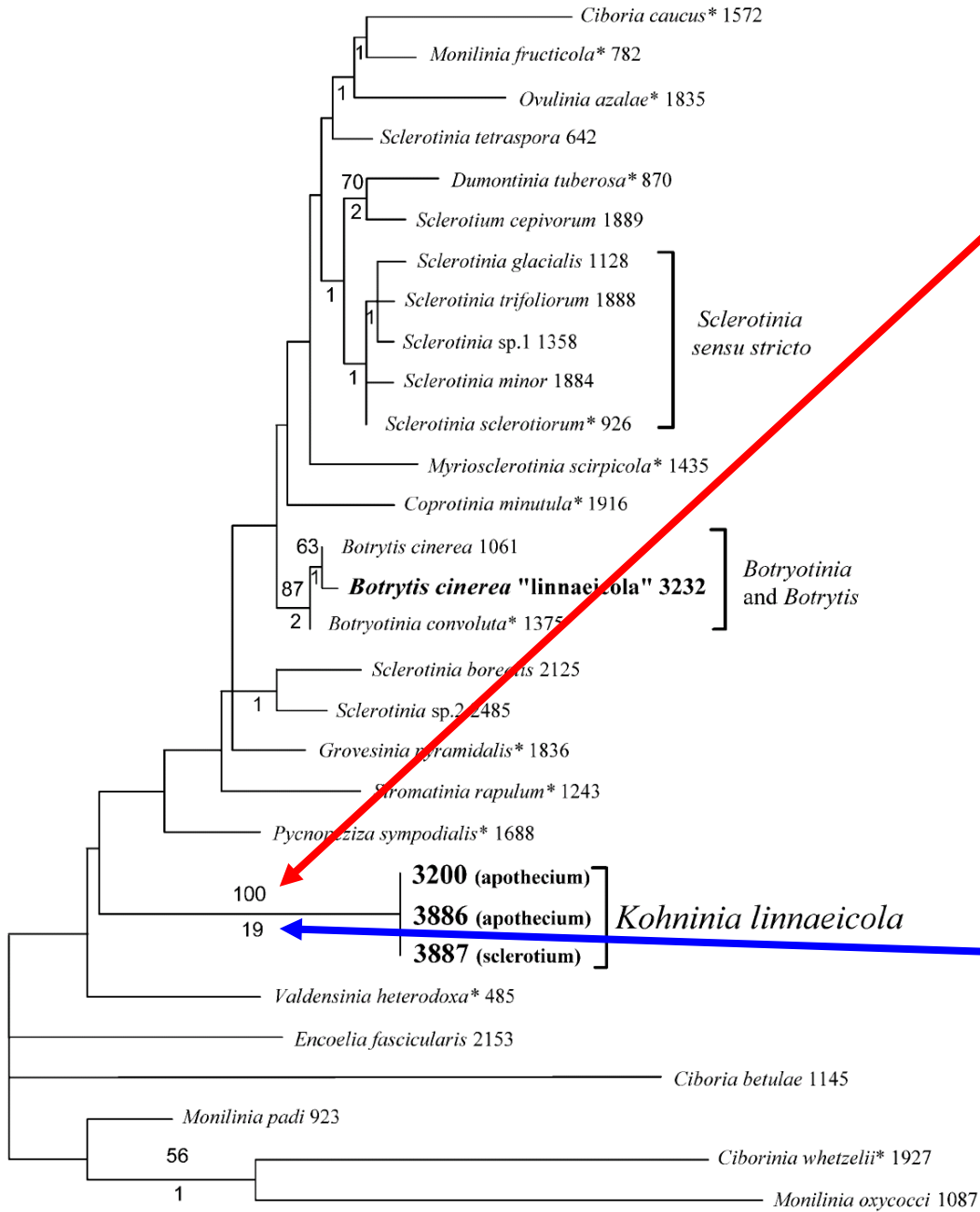
Keď k existujúcim najkratším (najparsimonickéjším) stromom pridáme všetky, ktoré sú o **jeden krok dlhšie**, pri tvorbe striktného konsenzuálneho stromu niektoré vetvy skolabujú, tie majú **Bremmer support = 1**, atď.

Bremer support = decay analysis

Sú dve možné stratégie výpočtu Bremerovej podpory:

- (1) Vypočítat' (zostrojit') všetky kladogramy, ktoré sú dlhšie o isté počty krokov ako najparsimonickéjšie stromy a hľadat' pri akej dĺžke stromu príslušná vetva v striktnom konsenzuálnom strome mizne**
- (2) Vypočítat' (zostrojit') všetky kladogramy, ktoré neobsahujú príslušnú vetvu a zistiť ich dĺžku (metóda „reverse constraints“)**

POZOR: výpočty sú náročné na kompletnosť, pokiaľ hľadanie nedokončíme a predčasne prerušíme, získame príliš vysoké hodnoty Bremerovej podpory



Bootstrap

Bremer support

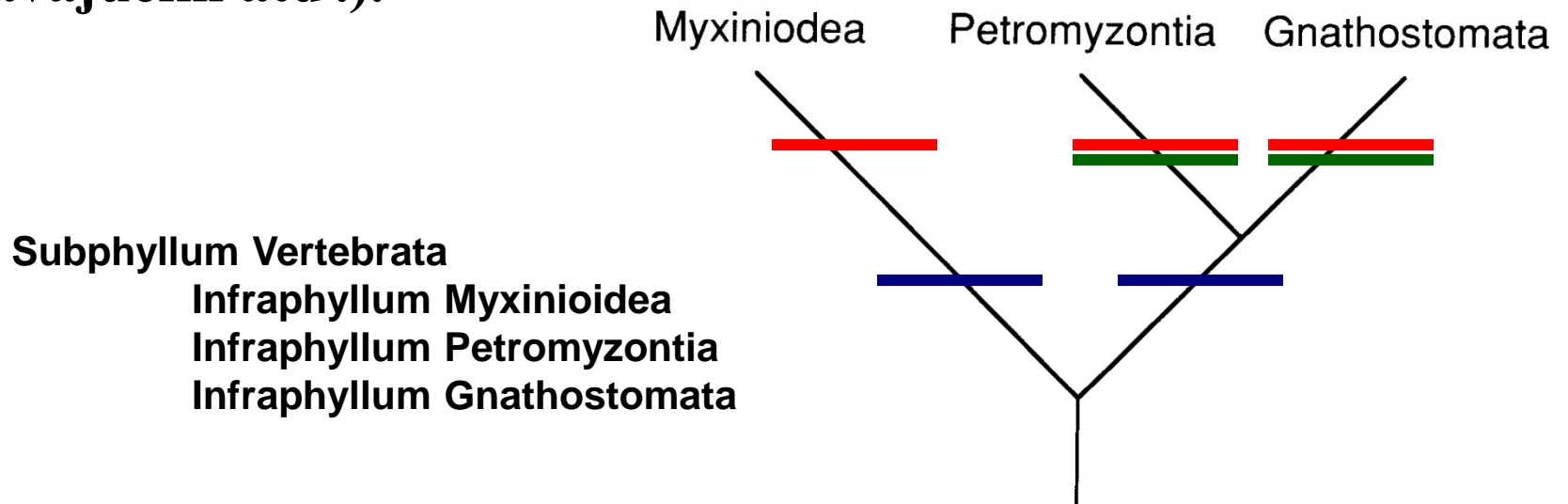
Kohninia linnaeicola

Pravidlá

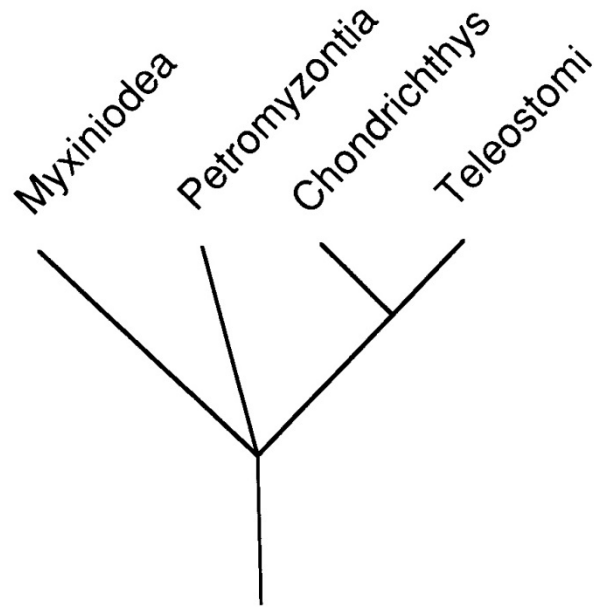
- 1. Klasifikované sú len monofyletické skupiny.**
- 2. Klasifikácia musí byť logicky konzistentná s fylogenetickou hypotézou prijatou autorom.**
- 3. Nezávisle od prijatej konvencie, každá klasifikácia musí byť schopná vyjadriť sesterské vzťahy medzi klasifikovanými skupinami.**

Konvencie

1. Používa sa **Linného systém** kategórií.
2. Pri konštrukcii klasifikácie sa robí **minimálne** nutné **množstvo taxonomických rozhodnutí a modifikácií** existujúcich klasifikácií.
3. **Sekvenčná konvencia**: taxóny obsiahnuté v asymetrickej časti kladogramu môžu byť klasifikované v tej istej kategórii a usporiadané v poradí podľa ich odvetvovania (prvý taxonón je sesterský všetkým ostatným, ďalší je sesterský všetkým zostávajúcim atď.).



4. Taxóny, ktorých vzťahy sú **polytomické** sa umiestňujú do toho istého ranku (kategórie) ako *sedis mutabilis*



Subphyllum Vertebrata

Infraphyllum Myxiniodea (*sedis mutabilis*)

Infraphyllum Petromyzontia (*sedis mutabilis*)

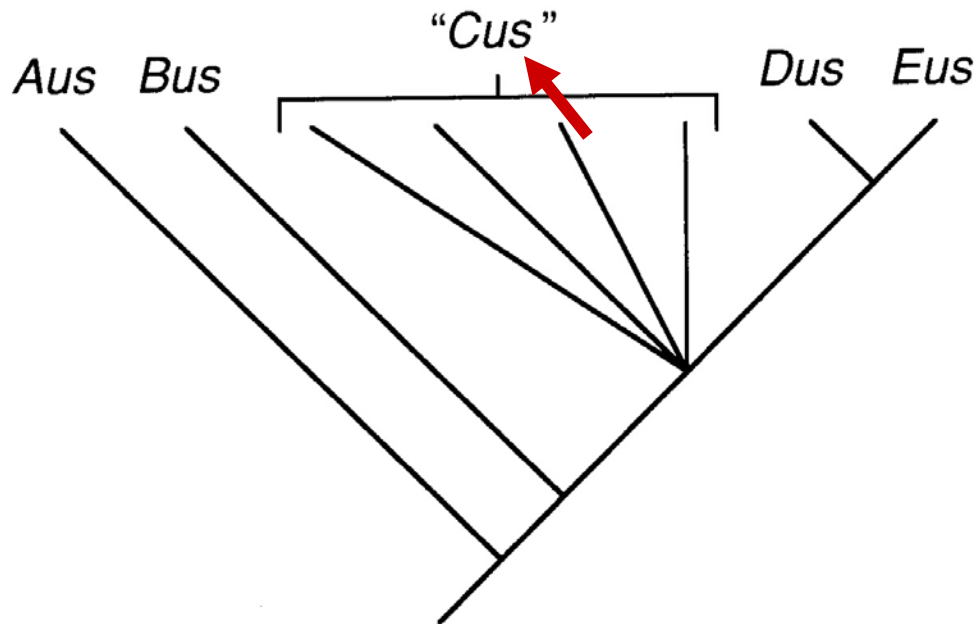
Infraphyllum Gnathostomata (*sedis mutabilis*)

Superclass Chondrichthys

Superclass Teleostomi

5. **Monofyletické taxóny s nejasnými vzťahmi** sa umiestňujú ako *incertae sedis* na tú úroveň hierarchie, kde sú ich vzťahy známe aspoň s istou určitosťou

6. Skupina, o ktorej nie je jasné či je monofyletická, parafyletická alebo polyfyletická môže byť začlenená do fylogenetickej klasifikácie s tým, že sa považuje za *incertae sedis* a jej meno je uvedené v **uvodzovkách**



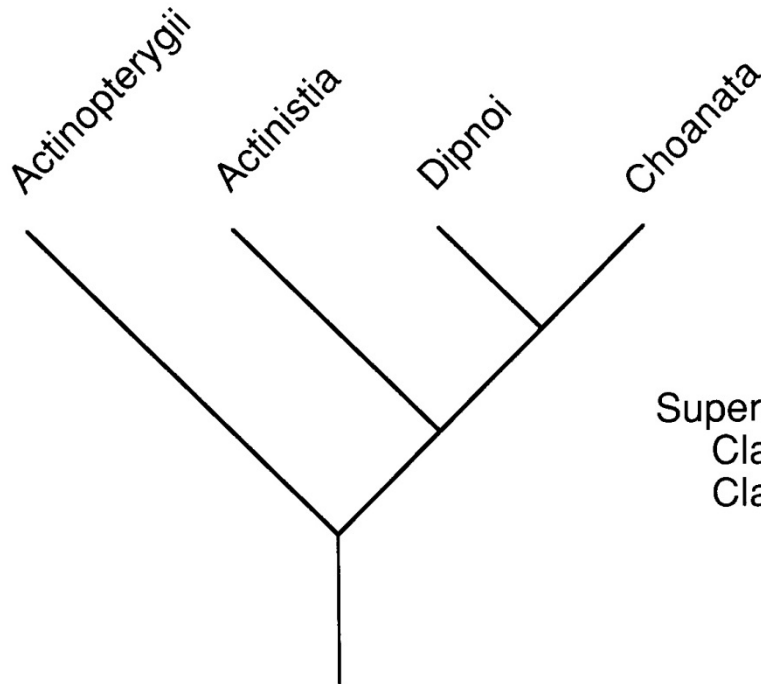
7. S **fosílnymi taxónmi** sa zaobchádza inak ako s recentnými. V prípade, že sa umiestňujú do sekvencie podľa konvencie 3 označujú sa buď **krížikom** alebo sa umiestnia v pozícii neutrálneho ranku (kategórie) „**plesion**“.

a Infradivision Theria
Supercohort Marsupialia
Supercohort Eutheria

b Infradivision Theria
 Plesion *Kueneotherium*
Plesion Symmetrodonia
Plesion Dryolestoidea
Plesion *Paramus*
Supercohort Marsupialia
Supercohort Eutheria

c Infradivision Theria
 † Supercohort Kueneotheria
† Supercohort Symmetrodonia
† Supercohort Dryolestia
† Supercohort Paramia
Supercohort Marsupialia
Supercohort Eutheria

8. Druhy, ktoré sú predkami nejakej skupiny (**ancestral species**, **stem species**) sa umiestňujú do zátvorky vedľa skupiny, ktorá obsahuje ich potomkov.



Superclass Teleostomi
Class Actinopterygii
Class Sarcopterygii (*Sarcopterygius primus*)
Subclass Actinistia
Subclass Dipnoiformes
Infraclass Dipnoi
Infraclass Choanata

