Zeitschrift: Mycologia Helvetica
Herausgeber: Swiss Mycological Society
Band: 8 (1996)
Heft: 2

Artikel: Kritik der phänetisch-numerischen Taxonomie
Autor: Clémençon, H.
DOI: https://doi.org/10.5169/seals-1036437

Nutzungsbedingungen
Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften auf E-Periodica. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen sowie auf Social Media-Kanälen oder Webseiten ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Mehr erfahren

Conditions d'utilisation
L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. La reproduction d'images dans des publications imprimées ou en ligne ainsi que sur des canaux de médias sociaux ou des sites web n'est autorisée qu'avec l'accord préalable des détenteurs des droits. En savoir plus

Terms of use
The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. Publishing images in print and online publications, as well as on social media channels or websites, is only permitted with the prior consent of the rights holders. Find out more

Download PDF: 17.02.2026

ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, https://www.e-periodica.ch

Kritik der phänetisch-numerischen Taxonomie

H. Clémençon

Institut de Botanique Systématique, Université de Lausanne, Suisse

Die hier kritisierten taxonomischen Methoden beruhen auf statistischen Analysen numerisch erfasster Merkmal-Zustände, die sich im Phänotyp der untersuchten Taxa ausdrücken. Die Resultate beruhen meist auf der gegenwärtigen Verteilung dieser Merkmal-Zustände, ihren einfachen Korrelationen und Varianzen, seltener auf den Korrelationen zwischen den Taxa. Die Analysen beschränken sich bewusst auf den Jetzt-Zustand und bieten zurzeit keine Möglichkeit, die heute beobachtete Verteilung der Merkmals-Zustände historisch-phylogenetisch zu erklären. Dadurch unterscheidet sich die phänetisch-numerische Taxonomie von den kladistischen und den molekularen Methoden, die versuchen vom Jetzt-Zustand oder von DNS-Analysen her historisch revelante Aussagen zu machen und damit die taxonomischen Resultate auf eine phylogenetische Basis zu stellen. Wie weit ihnen das gelingt, wird in diesem Beitrag nicht analysiert, sondern wir beschränken uns auf die Besprechung einiger Vor- und Nachteile und einiger offener Fragen der phänetisch-numerischen Methodik.

Die phänetisch-numerischen Methoden lassen sich in zwei grosse Klassen aufteilen, die sich durch ihre Grundeinstellungen unterscheiden, die beide in der klassischen Taxonomie zu finden sind, und die oft Anlass zu widersprüchlichen Diskussionen gaben. Die R-Methoden beruhen auf Merkmal-Korrelationen, die Q-Methoden auf taxonomischen Distanzen zwischen den Taxa. Beide bieten Vor- und Nachteile, die anschliessend besprochen werden sollen. Zunächst aber seien einige Bemerkungen allgemeiner Natur erlaubt.

Die phänetisch-numerische Taxonomie versucht, die klassische Taxonomie algorithmisch zu begründen und sie damit aus dem emotionalen in den rationalen Bereich zu bringen, sie zu «objektivieren» und vom «taxonomischen Gefühl» unabhängig zu machen. Leider ist ihr das nur in bescheidenem Masse gelungen, aber die Arbeitsmethoden der klassischen Taxonomie wurden dadurch einer Kritik unterworfen. Es wurde erkannt, was erlaubt ist und was nicht, nach welchen Kriterien die verschiedenen klassischen Autoren arbeiteten und wieweit sich ihre Resultate vergleichen lassen. Oft wurde auch klar, weshalb verschiedene Autoren verschiedener Meinung waren. Als Beispiel sollen die beiden so verdienstvollen Mykologen R. Singer und A. H. Smith genannt werden. Während Singer der Meinung war, die Taxa würden durch das Zusammenspiel mehrerer Merkmale definiert, bestand Smith darauf, zwischen den Taxa Lücken zu suchen. Singer wendete unbewusst die R-Strategie

an, was sich auch in seiner Überzeugung ausdrückte, dass der taxonomische Wert eines Merkmales von dessen systematischem Umfeld abhängt. Smith hingegen wendete unbewusst eine Q-Strategie an, im besondern das «nearest neighbour clustering», das darin besteht, ein bestimmtes Taxon dann einem höheren Taxon einzugliedern (z.B. eine Art in eine Gattung zu verweisen), wenn sein Abstand (= taxonomische Distanz) zum nächst verwandten, bereits eingegliederten Taxon unbedeutend erscheint. Diese etwas schwerfällige Aussage soll durch ein Beispiel veranschaulicht werden: Als Smith die Gattung *Naematoloma* bearbeitete, schloss er darin auch die Arten um N. *myosotis* ein. Diese Arten wurden aber in seiner *Pholiota*-Arbeit zu Pholiota gestellt. Beide Male mit der gleichen Begründung der Nicht-Abtrennbarkeit! Seine Methode gab ihm keinen Anhaltspunkt, das taxonomische Gewicht eines Merkmals abzuschätzen (er blieb darin emotionell), und so kam es dann, dass er dazu neigte, bestimmten Merkmalen, z.B. der amyloiden Sporenwand, immer das gleiche Gewicht zu erlauben, ob es sich nun um eine *Amanita* oder um eine *Russula* handelte.

Als Nachteil der phänetisch-numerischen Taxonomie wird oft der gewollte Verzicht auf eine phylogenetische Interpretation empfunden, der zu einem bewussten Konflikt mit dem traditionellen Begriff der «natürlichen Systematik» führt, sofern diese als eine auf der Phylogenie beruhende Systematik verstanden wird. Dies ist heute aber meist der Fall, und deshalb kamen die phänetisch-numerischen Methoden in Verruf. In Wirklichkeit beruhen natürlich die heute beobachtbaren Verteilungen der Merkmale und ihrer Zustände auf phylogenetischer Entwicklung, aber die phänetisch-numerische Taxonomie verfügt über keine Methode, diese phylogenetische Information klar herauszuschälen. Diesen gewaltigen Nachteil möchte die Kladistik korrigieren, doch ist ihr Erfolg eher jämmerlich geblieben. Und so bietet sich auch für die Phänetik keine Hilfe aus der Kladistik an.

Die R-Methoden wurden im Wesentlichen bereits im letzten Jahrhundert in Form der Matrizenmathematik ausgearbeitet, die sich dann zur multivariablen Statistik entwickelte. Sie sind deshalb mathematisch begründet, und für viele taxonomische Schlüsse stehen Testverfahren zur Verfügung, die ebenfalls mathematisch begründet sind. Zum Beispiel kann mit Hotelling's T-test die Abtrennung einer Artengruppe von einer andern (z.B. die Aufteilung einer Gattung in zwei Untergattungen) multivariabel kritisch getestet und die taxonomische Schlussfolgerung damit auf soliden Boden gestellt werden. Diese Methoden beruhen auf der Annahme, die Taxa seien durch Merkmal-Korrelationen bestimmt, z.B. ist (im alten Fries'schen Sinn) ein Blätterpilz dann ein Ritterling (*Tricholoma*), wenn sein Sporenpulver weiss, seine Lamellen ausgerandet, sein Stiel unberingt und faserig ist. Hier wird künstlich verlangt, dass vier Merkmal-Zustände alle zugleich erfüllt sein müssen, mit andern

Worten, dass alle Korrelationen 1 sein müssen. Wenn das nicht zutrifft, wenn z.B. der Stiel einen Ring trägt, dann ist ein Pilz kein Ritterling. Die Literatur aus den Jahren zwischen 1880 und 1940 ist voll solcher Beispiele, bei denen volle Korrelationen verlangt werden. Dadurch wurden gewisse Arten immer wieder von Gattung zu Gattung verwiesen, aber immer auf der selben, falschen, scheinbar wissenschaftlichen, aber im Grunde emotionalen Basis. Die Arten der *Lyophyllum* decastes Gruppe geben ein besonders schönes Beispiel für solches irrationales Verhalten. Da bei diesen Pilzen am gleichen Fruchtkörper sowohl leicht herablaufende als auch ausgebuchtete Lamellen auftreten, galten sie bald als *Clitocybe*, bald als *Tricholoma*. Die R-Methoden haben nun klar gezeigt, dass es falsch ist, absolute Korrelationen (R = 1) zu verlangen, sondern dass phänetisch-natürliche Gruppen Arten enthalten, deren Merkmal-Korrelationen oft bedeutend unter 1 sinken. Ein weiterer Vorteil der R-Methoden ist die automatische Merkmalgewichtung, beruhend auf den Merkmal-Korrelationen, die ihrerseits durch die Artenauswahl, also durch das systematische Umfeld bestimmt werden. Diese Gewichtung kann auch benützt werden um vernünftige Schlüssel zu schreiben.

Es gibt verschiedene R-Strategien (Faktorenanalysen, Principal component analysis, Reziproke Faktorenanalyse), denen allen der gleiche Nachteil anhaftet: sie sind mathematisch recht komplex und entziehen sich oft dem Verständnis des Anwenders. Dies ist dann besonders schwerwiegend, wenn, wie heute, bereits Tischcomputer solche Analysen anbieten und scheinbar fixfertige und «richtige» Lösungen auf den Tisch legen, die von den Anwendern oft nicht kritisch beruteilt werden können.

Die üblicheren Q-Methoden beruhen auf «taxonomischen Distanzen» zwischen den Taxa und deren Auswertung in Form von schrittweisen Gruppierungen zu immer umfangreicheren Gruppen von Taxa. Die Resultate werden meist als Dendrogramme dargestellt. Von Vorteil sind die sehr einfachen Methoden die taxonomischen Distanzen zu schätzen und die Gruppierungen durchzuführen. Aber die Nachteile überwiegen die Vorteile bei weitem. Es gibt zahlreiche Algorithmen zur Schätzung der taxonomischen Distanzen und eine sehr grosse Zahl von Gruppierungstechniken. Da eine Q-Analyse aus beiden Techniken gleichzeitig besteht, ergibt sich eine überwältigende Zahl möglicher Resultate. Leider sind sowohl die Algorithmen zur Schätzung der Distanzen als auch die Algorithmen zum Gruppieren der Taxa aufgrund dieser Distanzen so schlecht bekannt, dass ihr taxonomisches Verhalten nur erahnt werden kann. Beide sind mathematisch unbegründet, und so fehlen auch Signifikanz-Teste. Wir stehen buchstäblich Tausenden von möglichen Resultaten machtlos gegenüber. Dadurch ergibt sich auch die traurige Möglichkeit, die Analyse so zurechtzubiegen dass sie vorgefassten Meinungen nahe kommt, wodurch sie als «mathematisch bewiesen» dargestellt werden kann. Oft wurden die als

Dendrogramme angebotenen Resultate mit phylogenetischen Stammbäumen verwechselt, eine Gefahr, der sich leider viele Autoren zu wenig bewusst sind. Es scheint, dass Q-Methoden so viele Nachteile anhaften, dass keine Rechtfertigung besteht, sie anzuwenden. Und doch sieht man sie immer wieder in Veröffentlichungen, was wohl auf ihren emotionalen Wert als algorithmisch erfasste, klassische, auf scheinbar einleuchtenden «taxonomischen Distanzen» beruhende Taxonomie zurückgeht.

Es gibt aber wohl eine brauchbare Anwendung der Q-Techniken, und zwar in Verbindung mit einer R-Technik. Zwar bleibt eine mathematisch begründete Verbindung beider Strategien ein Wunschtraum, aber wenn es gelingt, über ein auf R-Technik begründetes (dreidimensionales) Modell ein auf Q-Technik beruhendes Dendrogramm zu zeichnen, ohne dass nennenswerte Verzerrungen auftreten, so dürfen wir sagen, dass die dargestellte Taxonomie die heute nach phänetischen Methoden beste Taxonomie ist. Leider kann auch in solchen Fällen die darin verborgene Phylogenetik nicht ans Tageslicht gebracht werden, und somit werden solche Modelle von manchen Taxonomen nicht ernst genommen. Dies ist bestimmt ein eitler Fehler.

Das Verbinden verschiedener Resultate zu einem «besseren Endresultat» wird als Konsensus bezeichnet, der meist als «Konsensus-Dendrogramm» dargestellt wird. Diese Methode ist nur psychologisch und emotionell ansprechend. Mathematische Basen fehlen völlig, und damit auch ernsthafte Teste zur Beurteilung eines solchen Modells. Die Frage, wie weit sich welche Resultate vereinigen lassen, ist immer noch offen.

Zusammenfassende Darstellung der Vor- und Nachteile:

Vorteile:

Allgemein:
- Versuch, die klassische Taxonomie aus dem emotionalen Bereich in den rationalen Bereich zu stellen.
- Die Arbeitsmethoden der klassischen Taxonomie wurden kritisch unter die Lupe genommen. Dadurch wurde erkannt, was erlaubt ist und was nicht; nach welchen Kriterien die verschiedenen Autoren arbeiten und wieweit sich ihre Resultate vergleichen lassen.

R-Methoden:
- Mathematisch klar und sauber
- Signifikanzteste anwendbar
- Automatische taxonomische Gewichtung der Merkmale

Q-Methoden:
- Sehr einfache Algorithmen, einfach zu verstehen und anzuwenden.

Nachteile:

Allgemein:
- Gewollter Verzicht auf eine phylogenetische Interpretation und damit bewusster Konflikt mit dem traditionellen Begriff der «natürlichen Systematik».

R-Methoden:
- Meist recht anspruchsvoll und deshalb unwissend angewendet

Q-Methoden:
- Mathematisch unbegründet
- Keine Signifikanz-Teste
- Eine ausserordentliche Vielfalt von Methoden gibt ungeheuer viele Resultate (Tausende!), deren taxonomischer Sinn verborgen bleibt, weshalb die optimale Lösung kaum mit Sicherheit auffindbar ist.
- Kann so eingerichtet werden, dass das Resultat dem «taxonomischen flair» des Autors entspricht, was dazu verleitet, vorgesetzte Meinungen scheinbar wissenschaftlich zu erhärten.

Offene Fragen:

- Wie kann die zweifellos vorhandene phylogenetische Information klar erkannt und verwertet werden?
- Wie können Konsensus-Resultate mathematisch und statistisch begründet werden?
- Wie weit lassen sich die R-Methoden mit den Q-Methoden sinnvoll verbinden?