Obrovské množství molekulárních sekvenčních dat získaných pro identifikaci druhů metodou barcodingu lze využít i pro rekonstrukci fylogeneze a související taxonomie. V tomto článku bylo zpracováno 4168 sekvencí 3278 druhů z 671 rodů lumků a dosaženo vysoké taxonomické kongruence. Quicke, DLJ; Smith, MA; Janzen, DH; Hallwachs, W; Fernandez-Triana, J; Laurenne, NM; Zaldivar-Riveron, A; Shaw, MR; Broad, GR; Klopfstein, S; Shaw, SR; **Hrcek, J**; Hebert, PDN; Miller, SE; Rodriguez, JJ; Whitfield, JB; Sharkey, MJ; Sharanowski, BJ; Jussila, R; Gauld, ID; Chesters, D; Vogler, AP; 2012: Utility of the DNA barcoding gene fragment for parasitic wasp phylogeny (Hymenoptera: Ichneumonoidea): data release and new measure of taxonomic congruence.
MOLECULAR ECOLOGY RESOURCES 12: 676–685
.