**Komentář k systematice Lemuroidea**

Nejdůležitější články o systematice lemurů, které uvádíme (stejně jako IUCN) jsou z období 2006-2010. Některé novější práce jsou taxonomicky zcela neudržitelné (víz: Ze zmíněných 97 až 103 druhů je okolo 1/3 určeno na základě analýzy mitochondriální DNA (mtDNA) což považuje současná evoluční biologie za velmi problematické (Tattersal 2007, Yoder, 2007). Důvod je velmi jednoduchý - mtDNA není totiž jaderná DNA (nDNA), ale defacto bakteriální DNA která je uložena v mitochondriích a která nemá s jadernou DNA nic společného. Dědí se totiž při dělení vajíčka nemendelovským způsobem, počet mitochondrií není rovnoměrný. Při určování holotypu jsou využívání převážně samci což je nekorektní, u samců by měli byt používány haplotypy Y-chromozomů a nikoliv mtDNA. Proto také mnohé s těchto „nových“ druhů jsou jinými autory považovány za poddruhy (Doporučují články: **Yoder Anne D. 2007. Lemurs. Current Biology, Volume 17, Issue 20, 23 October 2007, Pages R866-R868** nebo **Tattersall I. 2007. Vicariance vs. dispersal in the origin of the Malagasy mammal fauna. ELWYN SIMONS: A SEARCH FOR ORIGINS. Fleagle JG Gilbert CC, Editors. New York: Springer. 2007. Pgs: 397-408**). Asi nejobsáhlejší odborný článek, který popisuje druhy a poddruhy lemurů na Madagaskaru je následující: Russell A. Mittermeier, Jörg U. Ganzhorn & William R. Konstant & Kenneth Glander &Ian Tattersall & Colin P. Groves & Anthony B. Rylands & Andreas Hapke &Jonah Ratsimbazafy &Mireya I. Mayor & Edward E. Louis Jr. & Yves Rumpler &Christoph Schwitzer & Rodin M. Rasoloarison. 2008. Lemur Diversity in Madagascar. International journal of Primatology (2008) 29:1607–1656. V tomto článku jsou popsaní jak druhy tak poddruhy lemurů. Autoři uvádí celkem 99 taxonů, vždy uvádějí že se jedná jak o druhy, tak poddruhy. Problematické druhy jsou (také dle seznamů IUCN): čeleď Cheirogaleidae (13 druhů); čeleď Lepilemuridae (12 druhů); čeleď Indriidae (4 druhy); čeleď Lemuridae. Explicite jsou v seznamu uvedeny 4 poddruhy ze 103 taxonů, z toho je minimálně 33 druhů problematických. Dále se primatologové neshodují na počtu druhů rodu Cheirogaleus (některé druhy jsou sporné a může jít o poddruhy) a Phaner (dva druhy nebyly doposud vědecky prokázány). U některých druhů rodu Propithecus se odborníci plně neshodují, zda by se nemohlo jednat o poddruhy (minimálně u dvou druhů je status problematický), tedy minimálně dalších pět druhů je sporných. Jak poukázala Anne Yoder v roce 2007 pro taxonomii by měla byt využívala jaderní DNA, avšak v současné době je zmapován genom pouze u jediného druhu čeledí Cheirogaleide, a to Microcebus murinus (maki trpasličí). V tomto směru za stěžejní článek se dá použit publikace: **Matthias Markolf1\*, Markus Brameier2 and Peter M Kappeler1,3Markolf et al. 2011. On species delimitation: Yet another lemur species or just genetic variation? BMC Evolutionary Biology 2011, 11:216,** [**http://www.biomedcentral.com/1471-2148/11/216**](http://www.biomedcentral.com/1471-2148/11/216)

Dalším problémem určování těchto „nových“ druhu je problematičnost metrických rozměrů, například rozměry ucha nebo prstu, které mají velkou chybu v měření. Navíc není u časti těchto „nových“ druhů využito standardních taxonomických postupů, a to jsou rozměry lebky a dalších částí skeletu. Například ve článku: Thiele D, Razafimahatratra E, Hapke 2013. A.Discrepant partitioning of genetic diversity in mouse lemurs and dwarf lemurs--biological reality or taxonomic bias? Mol Phylogenet Evol. 2013 Dec;69(3):593-609. doi: 10.1016/j.ympev.2013.07.019. Epub 2013 Jul 27. - autoři zaměňují genetickou a taxonomickou (fenotypovou) diversitu. Morfometrická analýza je nedostatečná, není například uladěn počet zkoumaných samců a samic, některá data jsou převzata z jiných zdrojů, může byt rozdíl ve způsobu měření, jedná se o velmi malé vzorky, a proto použití Excelu jako statistického programu je velmi diskutabilní. Znamená to, že bezproblémových druhů je v současné době mezi 60 až 70, u ostatních je třeba vyčkat, až budou zpracovány vetší vzorky a bude použita analýza jaderné DNA. Tedy odhad, že počet jednoznačně určených taxonů je mezi 60 a 70 je zcela koketní, s tím, že se počet taxonů by v budoucnu mohl tuto hranici přesáhnout. Mnoho z těchto taxonů však velmi pravděpodobně zůstane po důsledné taxonomické revizi na úrovni poddruhů, protože se jedná o velmi malé vymírající populace a důkladná taxonomická analýza nebude možná. Je také důležité vyčkat až budou analyzovány hybridizační zóny jednotlivých „druhů“. Pokud by docházelo mezi takovými k běžnému křížení, pak takový taxon bude neudržitelný.