

HODNOCENÍ PŘEDNÁŠKY PRO ODBORNOU VEŘEJNOST

Masarykova univerzita	
Fakulta	Přírodovědecká
Obor řízení	Zoologie
Uchazeč	Mgr. Natálie Martínková, Ph.D.
Datum přednášky	11. dubna 2019
Téma přednášky	Navigating through tree space in phylogenetic reconstruction
Přítomno posluchačů (počet)	70 (viz prezenční listinu v příloze)
Pověření hodnotitelé (členové komise)	Prof. RNDr. Miloš Macholán, CSc. Prof. RNDr. Michal Horsák, Ph.D. Prof. MVDr. Emil Tkadlec, CSc.

Natálie Martínková se ve své veřejné přednášce zaměřila na problematiku dedukce fylogenetických vztahů mezi organismy. V první části se věnovala vyvození těchto vztahů na základě morfologických a ekologických podobností. Jako příklad zvolila vlastní práci na skupině veverek tribu Sciurini palearktické, nearktické a neotropické oblasti. Ve druhé části přešla na konstrukci fylogenetických stromů reflektujících skutečnou genetickou příbuznost zkoumaných taxonů zakódovanou v jejich DNA. Různé typy znaků ovšem mohou poskytovat stromy s konfliktní topologií, což bylo opět názorně ilustrováno na tribu Sciurini. Na druhou stranu jestliže „mapujeme“ morfologické nebo ekologické znaky na molekulární fylogonii, můžeme detekovat nejen zdroj diskrepance, ale také odhalit evoluční procesy, ke kterým docházelo podél jednotlivých fylogenetických linií (změny areálu, potravních preferencí apod.). V závěru se habilitantka zaměřila na praktické řešení konfliktních topologií vyvozených z jednotlivých pozic v řetězci DNA a konstrukci výsledného stromu, na heuristické hledání „nejlepšího“ stromu v množině všech potenciálních fylogenií a inferenci ancestrálních stavů u hypotetických předků.

Přednáška byla vyslovena vynikající angličtinou a přednášející ukázala vysokou prezentační úroveň nejen po stránce jazykové, ale i z hlediska schopnosti názorně vysvětlit i složité pojmy a jevy. Po přednášce se rozproutila diskuse zahrnující celkem 12 dotazů cílených např. konflikt morfologických a molekulárních znaků, potenciální komplikace způsobené horizontálním přenosem DNA, vhodnost použitých morfologických znaků pro vyvození skutečných fylogenetických vztahů mezi veverkami a jejich správnou druhovou identifikaci, minimální délku sekvencí DNA a jejich počet nutný pro spolehlivou fylogenetickou analýzu nebo na budoucí vývoj heuristických metod hledání optimální fylogenie. Byla také diskutována problematika homologie u molekulárních dat. V této souvislosti přednášející správně poukázala na existenci souboru metod, které pracují s jednotlivými homologními úseky místo celých sekvencí a nejsou proto závislé na jejich správném apriorním seřazení.

Závěr

Přednáška Natálie Martínkové „Navigating through tree space in phylogenetic reconstruction“, přednesená v rámci habilitačního řízení / řízení ke jmenování profesorem, **prokázala** dostatečnou vědeckou kvalifikaci a pedagogickou způsobilost uchazeče, standardně požadovanou v rámci habilitačních řízení / řízení ke jmenování profesorem v oboru Zoologie.

Brno dne 11. 4. 2019

Miloš Macholán

Michal Horsák

Emil Tkadlec