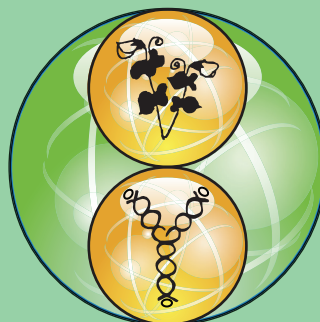




INFORMAČNÍ LISTY



Obsah

6. edukačný workshop o univerzitnom vzdelávaní genetiky	2
Zápis ze schůze výboru GSGM, z.s. konané dne 8.2. 2024	4
Vyúčtování hospodaření GSGM, z.s. v roce 2023 za Českou republiku.	7
Vyúčtovanie hospodárenia GSGM, z.s. v r. 2022-2023 za Slovenskú republiku	8
Upoutávka na knihu „What tumors teach us“, český překlad	9
Cena dr. Ludmily Sedlárovej-Rabanovej v roku 2023.....	11
Příspěvek vítěze Ceny dr. Ludmily Sedlárovej-Rabanovej za rok 2023 (Daniel Jablonski)	13
Příspěvky držitelek Speciální ceny pro mladé vědecké pracovníky (v rámci Ceny dr. Ludmily Sedlárovej-Rabanovej) (Askar Gafurov).....	20
Poznámky z čítania knihy od autora G. Radicka (2023) (L'. Tomáška)	26
Test psaní textu umělou inteligencí (J. Pergner)	29
Výber citátov z esejí kurzu Výzvy súčasnej genetiky (L'. Tomáška).....	36
Eseje (L. Fantová, E. Šranková, Z. Strejčková).....	40
Perličky ze školních lavic (D. Holá).....	49

INFORMAČNÍ LISTY

číslo 60, březen 2024

Vydává Genetická společnost Gregora Mendela, z.s.

Redakční rada – Výbor GSGM

Výkonný redaktor – Mgr. Alexandr Sember, Ph.D.

Ústav živočišné fyziologie a genetiky AVČR, v.v.i.

Grafická úprava – prof. Ing. Tomáš Urban, Ph.D.

UMFGZ, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně

ISSN 3029-5270

Cenu Ludmily Sedlárovej-Rabanovej za rok 2023 získal Daniel Jablonski z Katedry zoológie Prírodovedeckej fakulty Univerzity Komenského

Ľubomír Tomáška

Katedra genetiky, Prírodovedecká fakulta, Univerzita Komenského Bratislava,
Ilkovičova 6, 842 15 Bratislava

V ôsmom ročníku Ceny Ludmily Sedlárovej-Rabanovej za výnimočnú publikáciu v biologických vedách sa stal laureátom (a držiteľom finančnej odmeny 2000 EUR) Mgr. Daniel Jablonski, PhD. z Katedry zoológie Prírodovedeckej fakulty Univerzity Komenského v Bratislave (**na obrázku**), za prácu uverejnenú v časopise [*Proceedings of the National Academy of Sciences USA*](#).

Cenu si prevzal 11. decembra 2023 v posluchárni CH1-2 PriF UK na slávnostnom ceremoniáli, ktorý sa uskutočnil pod záštitou dekana fakulty prof. Petra Fedora a pred takmer stovkou hostí vrátane sponzora Ceny LSR Ing. Viliama Sedlára. Daniel Jablonski spolu so svojimi spoluautormi z oblasti molekulárnej taxonómie navrhli inovatívny, štandardizovaný prístup určovania druhov a poddruhov, predovšetkým živočíchov. Nový prístup vychádza z genomickej fylogeografie a z poznatkov, ako mnohé druhy v prírode vznikajú. Populácie sa počas procesu vzniku druhov izolujú geografickými či ekologickými bariérami a vyvinú sa do samostatných línií. Keď sa tieto línie opäť náhodne stretnú, snažia sa reprodukovať. Časom nahromadená odlišnosť v DNA spôsobí ich čiastočnú nekompatibilitu. Autori si všimli, že sesterské evolučné línie s odhadmi divergencie pred 3, 4 a viac miliónmi rokov hybridizujú menej ako mladšie línie. Druhy preto predstavujú populácie s limitujúcou mierou výmeny genetickej informácie, čo môže byť teoreticky využité ako jedno z kritérií, či konkrétne línie zodpovedajú druhom, alebo nie. V štúdiu preto navrhujú, aby sa geneticky unikátne, ale evolučne mladšie a reprodukčne stále kompatibilné línie opisovali ako poddruhy. Tak im možno udeliť vedecké meno, študovať ich evolučnú históriu, zaradiť na červené zoznamy a chrániť. Nový návrh preto môže odpovedať na potreby ochrany evolučne jedinečných, i keď reprodukčne kompatibilných populácií bez toho, aby došlo k umelému navýšeniu počtu druhov. Tieto línie, ktoré sú navyše často endemické a hrajú v evolúcii druhu obrovskú rolu, špeciálne chránené nebývajú. Predmetná štúdia tak môže mať výrazný vplyv na hodnotenie biodiverzity bez potreby zvyšovania počtu druhov, čo povedie k



efektívnejšej ochrane na základe poznatkov z evolučnej histórie populácií. Okrem tejto práce bol dr. Jablonski v roku 2023 autorom ďalších 8 publikácií v renomovaných zahraničných časopisoch, čo podčiarkuje jeho výnimočnú vedeckú produktivitu.

Okrem hlavnej Ceny komisia udelila aj Špeciálnu cenu pre mladého vedeckého pracovníka Mgr. Askara Gafurova, PhD. z Katedry informatiky, Fakulty matematiky, fyziky a informatiky za prácu uverejnenú v časopise [BMC Bioinformatics](#). V tejto publikácii so svojimi spoluautormi vyvinuli bioinformatický nástroj *VirPool* určený a odhadovanie zastúpenia jednotlivých variantov vírusu SARS-CoV-2 v zmesných vzorkách, ktoré môžu pochádzať napríklad z monitorovania odpadových vôd. Počas pandémie COVID-19 sa analýza odpadových vôd dostala do popredia ako sľubná metóda na monitorovanie prítomnosti vírusu v určitej oblasti a pokiaľ sa prepojí aj so sekvenovaním, je možné ju použiť aj na kvantifikáciu zastúpenia jednotlivých variantov.

Okrem laureáta hlavnej a špeciálnej ceny si prevzali čestné uznanie aj traja finalisti: Mgr. Andrea Vetráková (Ústav molekulárnej biológie SAV) [za prácu](#) popisujúcu využitie spór baktérií *Bacillus subtilis* na prípravu orálnych vakcín; Mgr. Dominik Šťastný (Centrum biovied SAV) [za publikáciu](#) o molekulárnych nástrojoch vnútrobunkového transportu sterolov a MUDr. RNDr. Dominika Fričová, PhD. (Neuroimunologický ústav SAV) [za článok](#) o význame mitofágie (recyklácie mitochondrií) v etiológii Parkinsonovej choroby.

Ako každoročne boli udelené aj štipendiá LSR. Ich držiteľkami sa v roku 2023 stali Mgr. Diana Mjartinová z Lekárskej fakulty Univerzity Komenského v Bratislave (úpríspevok na konferenciu *Neuroscience 2024* v Chicagu, USA), Mgr. Viktória Fabianová z Katedry biochémie PriF UK (príspevok na zahraničný študijný pobyt na Univerzite v Zürichu) a Mgr. Sofia Virágová z Katedry genetiky PriF UK (EMBO workshop *Scientific integrity: How to publish reproducible results*).

Od roku 2016, keď bola [Cena LSR](#) udelená po prvý krát, sa jej vyhlasovanie stalo už tradičným a veľmi príjemným sprestrením hektického konca roka. Akcia organizovaná občianskym združením Natura a Katedrami genetiky a biochémie PriF UK totiž umožňuje nielen spoločne sa potešiť z úspechov prírodovedcov pracujúcich na slovenských inštitúciách, ale aj neformálne podiskutovať o aktuálnych otázkach spojených s akademickým prostredím. Preto sa už teraz tešíme na návrhy na Ceny i žiadosti o štipendiá LSR v roku 2024.

Pod(druhy) – co nás fylogeografie učí o klasifikaci biodiverzity

Daniel Jablonski

Katedra zoologie, Univerzita Komenského v Bratislave, Ilkovičova 6, 842 15
Bratislava, Slovensko

Když v roce 1975 Peter Scott a Robert Rines prezentovali v prestižním časopise *Nature* text k legendární lochenské příšeře a navrhli vědecké jméno *Nessiteras rhombopteryx* (nový rod i druh), nesledovali tím prvoplánovou senzaci za každou cenu, ale argumentovali, že dle tehdejší (i současné) Britské legislativy, může jedině oficiální opis nastartovat ochranu živočicha, který může být potencionálně na pokraji vyhynutí. A proto je i tak vzácně, pokud vůbec, pozorován (Scott a Rines 1975). Jinými slovy, aby mohlo být něco chráněno, potřebuje být pojmenováno a autoři tím vytvořili prostor pro větší zájem a financování projektu, který by mohl potvrdit existenci tohoto tvora a zajistit jeho ochranu. To se, nutno dodat, dodnes nepodařilo. Tvor se stále věrohodně nenašel a nepomohla později ani moderní analýza environmentální DNA. Vyhynul? Nikdy neexistoval? I když rok 1975 ještě zdaleka nebyl dobou, kdy by se organismy opisovaly a taxonomicky definovaly na základě jejich genetických odlišností, autoři tehdy spojením jména a ochrany přesně trefili do černého. Nic tento fakt v článku nevystihuje lépe než věta „*better, they argue, to be safe than sorry*“. I když studie nepřináší žádný hmatatelný holotyp ani typovou sérii lochenské příšery (což je při taxonomických aktech důležité), autoři poskytli jako doplňující důkazy podvodní fotografie částí těla domnělého jedince, jakož i nákres, při kterém uvádějí, že se druh živí pravděpodobně rybami, včetně lososů. Fotografie jsou sice dle pravidel zoologické nomenklatury podpůrným materiálem pro taxonomický akt, celkový popis vzhledem k absenci tvora je ale spíše kontroverzní.

Po půl století dnes v taxonomii využíváme metody, o kterých se biologům a taxonomům předtím nezdálo. Žijeme vzrušující a jedinečnou dobu, kdy efektivní metody sekvenování DNA poprvé v historii vědy umožňují, při relativně nízkých nákladech, rekonstruovat evoluci biodiverzity. A tím ji i přesněji klasifikovat. To vše ve stínu biodiverzitní krize (De Vos 2014), kdy druhy a neznámé evoluční linie pravděpodobně vymírají rychleji, než jsou objevovány. Šesté masové vymírání započalo. Proto se hraje o čas a o to, abychom stačili objevit co nejvíce ze současné diverzity života na zemi, než nám navždy zmizí. Lidstvo na jednu stranu objevuje a zpřesňuje tuto diverzitu, ale, paradoxně, narůstá i tak zvaná taxonomická inflace (Harris a Froufe 2005). Tehdy dochází k druhovým popisům evolučních linií, která nezodpovídají obecným (a nutno dodat jistým způsobem subjektivním) kritériím toho, co za druh obecně považujeme (Mayr 1942). Popisy druhů a poddruhů jsou přitom zásadní aktem, který dovoluje dorozumívání jak odborné, tak laické veřejnosti. V případě jedovatých živočichů může mít špatně uchopená taxonomie vliv i na veřejné zdraví, kdy mohou být běžné druhy označeny různými jmény, což může způsobovat zmatky např. při aplikaci protijedů. Definovat proto druh, podle jasných a objektivních kritérií, je objektem zájmu mnohých evolučních biologů a tento zájem vzrůstá s množstvím nových druhů a výzev, které tyto objevy přinášejí. Jenže, co je druh je v kontextu diverzity života na zemi opravdu těžké říci jednou, krátkou poučkou. Velmi

dobře to vystihl Charles Darwin v roce 1856, kdy v dopise J. D. Hookerovi napsal, že *„Je skutečně směšné vidět, jakou významnost mají nápady v myslích různých přírodovědců, když mluví o „druzích“ ... myslím si, že to všechno pochází z pokusu definovat nedefinovatelné.“* Charles Darwin však tehdy netušil o efektivních genetických metodách, které se v taxonomii budou široce využívat v prvních desetiletích 21. století.

Na světě dnes existuje více taxonomů popisujících druhy než kdykoli předtím v historii lidstva a jejich počet dokonce roste rychleji než rychlost popisu druhů. Některé popisy jsou ale založeny na překvapivě vágních kritériích a samostatné druhy reálně představovat nemusí. Proto jsme se rozhodli navrhnout standardizovaný přístup klasifikace druhů (a poddruhů), zejména živočichů, a to na základě jejich odlišnosti, času DNA divergence a hybridizace. To vše s využitím integrativních, multilokusových a ideálně genomických dat, která jsou dostatečně robustní na to, aby dovolovala klasifikovat biodiverzitu na základě její evoluční historie (Dufresnes et al. 2023). Jelikož se taxonomie dotýká patrně všech biologických věd a má celospolečenský význam, návrhy uvedené ve studii mohou mít široký dopad. Nově definovaný přístup tak zároveň slibuje připravit cestu pro efektivnější a objektivnější úsilí o ochranu volně žijících živočichů.

Abychom však mohli popsat nový druh (případně poddruh), musíme se nejprve shodnout na tom, co druh (a poddruh) je. Od pradávna se lidé snažili organismy žijící v jejich prostředí třídit případně pojmenovat. Revoluční pohled na tuto užitečnou vlastnost však přinesl Carl Linné ve svém díle *Systema naturae*, konkrétně jeho desátém vydání (1758), které mělo na dnešní systematiku a taxonomii zásadní vliv. Linné byl však i v kontextu doby specifický člověk a jeho třídění bylo založené na myšlence, že *„Země byla stvořena ke slávě Boží... ...Studium přírody vyjeví božský řád Božího stvoření, a proto bylo úkolem přírodovědce vytvořit takový systém třídění, který by odhalil tento vesmírný řád“*. Co je tedy klíčem systému vesmírného řádu? Mnoho odborníků tradičně definuje druhy jako populace, které ztratily reprodukční spojení, čím dojde vzniku reprodukčně-izolačních bariér, což je základní definice tzv. biologického konceptu druhů německého evolučního biologa Ernsta Mayra (1942). Je to velmi přímočará definice, jistě správná, ale určitě nekompletní v kontextu komplexity živého světa. Od doby, co Mayr postuloval biologický koncept druhu bylo totiž definováno okolo dalších 30 druhových konceptů (např. kladistický, ekologický, genetický, fylogenetický apod.; Zachos 2016). Vše podle toho, jak se rozvíjel výzkum evoluční biologie a později molekulární taxonomie. Z hlediska taxonomie (a inflace) byl průlomovým tzv. „General lineage species concept“ (de Queiroz 1998), který definuje každou fylogenetickou linii jako druh, přičemž tyto linie mohou, ale nemusí vykazovat odlišnost ve fenotypu. To vedlo do stavu, že se začaly popisovat druhy z téměř každé odlišné populace s cílem zachovat jejich ochranu. Je to opačný extrém vůči biologickému konceptu a nutno dodat, že vycházel i z euforie (molekulárních) taxonomů, kteří narazili na jakousi „zlatou žílu“ výzkumu a klasifikace biodiverzity.

Něco takového však zákonitě vede ke třem základním problémům, i) taxonomické inflaci, ii) nepřesné katalogizaci (jedna linie = jeden druh je přílišné generalizování tak komplexní problematiky, jako je speciace) narušující důvěru veřejnosti v taxonomický výzkum a vědu obecně, a iii) paradoxnímu odčerpávání zdrojů na skutečné výzvy výzkumu biodiverzity a ohrožených druhů. Příkladem mohou

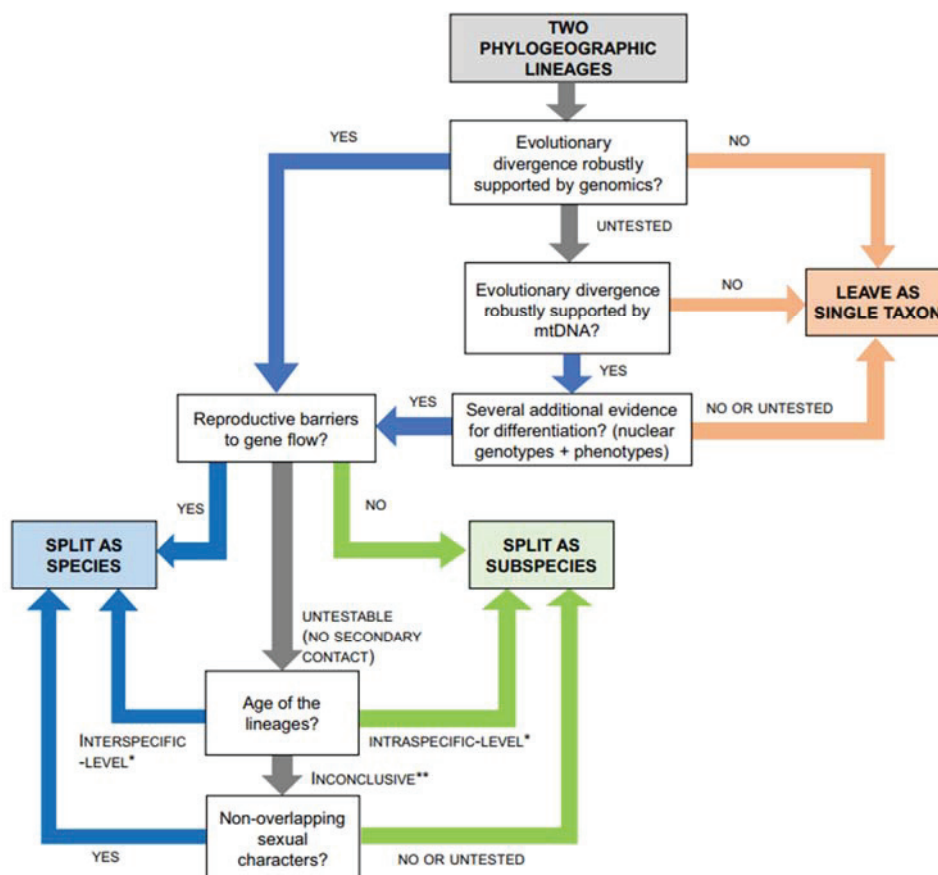
být někteří obojživelníci jihovýchodní Asie, jako rod *Sphaerotherca*, kde jsme ukázali, že některá nová jména by měla být synonyma již starších jmen, protože nereprezentují unikátní evoluční linie (Jablonski et al. 2021). Opačným extrémem je však také taxonomické nehodnocení fylogenetických linií. K tomu se uchylují evoluční studie (viz „lineage B“ nebo „Northern lineage“), pro které taxonomie nehraje význam. Avšak, ani taxonomie vycházející z fylogeografie založené na jednom genu není výhrou. Zejména fragmenty jednolokusové mitochondriální DNA se často používají jako argument, že určitá populace nebo její část se liší od populací s širokým rozšířením a představují speciální událost hodnou popisu. V jistém slova smyslu určitě ano. Avšak, takový argument je málo informačně podpořený, protože ač mitochondriální DNA je v jistých fázích taxonomického výzkumu dobrým kritériem, který naznačuje, co se v historii skupiny pravděpodobně dělo, v zásadě je její informační hodnota diskutabilní a liší se případ od případu (viz např. Dufresnes a Jablonski 2022). Jak se ukázalo, některé mitochondriální linie mohou představovat jen tzv. „ghost“ linie (Petzold a Hassanin 2020), které se při studiu genomické DNA neobjevují. Navíc, pokud to trochu přezenu, téměř vždy se dají i u takových domnělých linií najít morfologické či ekologické rozdíly, které však nemusí být nutně diagnostické a odrážet procesy evoluční divergence. Nejčastěji představují lokální adaptace nebo fenotypovou plasticitu (Jablonski et al. 2023).

V zásadě se vědecká komunita do značné míry shoduje na tom, že druhy odpovídají odlišným populacím, které se nakonec stanou biologicky izolovanými (koncový bod speciace; Stankowski a Ravinet 2021). Přetrvávají však neshody ohledně toho, jak je v praxi vymezit, tedy zda klást důraz na divergenci a evoluční nezávislost (de Queiroz 1998), nebo na proces, který k ní vede, tedy na reprodukční izolaci. Diagnostika, tj. stanovení použitelných kritérií identifikace a vymezení, je pro praxi taxonomie zásadní, a protože reprodukční izolaci je obtížné posoudit, většina kandidátských druhů je přednostně charakterizována na základě jejich molekulární nebo fenotypové divergence, kombinující genetické, morfologické, behaviorální a ekologické důkazy (např. integrativní taxonomie; Padial et al. 2010). Organismy a populace se však často skládají z různých geograficky odlišných entit, které si z mnohých důvodů zasluhují taxonomické zhodnocení, protože jsou výsledkem proběhlých (druhy) nebo probíhajících (poddruhy) speciálních procesů. Druhy představují linie, ale linie nemusí být a nejsou nutně druhy. Tyto entity, dle mnohých studií sahající do období konce Pliocénu a Pleistocénu, zatím nedosáhly kompletní reprodukční izolace, a i když nepředstavují samostatné druhy, jejich evoluční významnost je nezpochybnitelná (Dufresnes et al. 2023). Pleistocén započal před ca dvěma a půl miliony let, hovoříme tedy ve většině případů o organismech, které jsou zde asi 200x déle než nejstarší lidské civilizace (Natúfien). Představují současnou diverzitu v rámci druhu a mohou tak být klasifikovány jako poddruhy, zjednodušeně řečeno jako jakési „budoucí druhy“, které jsou zdrojem budoucích speciálních událostí i (genetické) variability druhů. Definování těchto koncových větví fylogenetických stromů jako druhů tak představovalo metodologický hazard a subjektivní přeceňování biologické rozmanitosti. Nutno dodat, že podobné přeceňování jsme v historii taxonomie ale už zažili, a to zejména koncem 19. a do poloviny 20 století, kdy bylo druhové jméno udělováno mnohým, morfologicky odlišným populacím.

Na Zemi je známo okolo 1.5 milionu druhů živočichů, 2.3 miliónu druhů organismů bylo pojmenováno, ale údajně až milióny zde pravděpodobně stále čekají na taxonomické zhodnocení čili popis (Wiens 2023). Abychom sladili protichůdné názory a chránili rozmanité aspekty biologické rozmanitosti vyváženějším způsobem, navrhli jsme nový přístup, který vychází z genomické fylogeografie a toho, jak druhy v přírodě vznikají. Divergence a reprodukční izolace jsou totiž dvě stránky stejného příběhu. Populace se izolují geografickými nebo ekologickými bariérami, vyvinou se do samostatných linií, a když se tyto linie znovu setkají, a snaží se reprodukovat, nahromaděná odlišnost v DNA způsobí genetickou nekompatibilitu. Druhy jsou tedy odlišné linie s limitující mírou hybridizace. Míra divergence v DNA těchto linií tak může být prakticky použita jako měřítko k argumentaci, zda linie odpovídají druhům nebo ne (viz **Obř. 1**). V praxi aplikace tohoto přístupu vyžaduje kvantifikaci stupně genetické kompatibility mezi liniemi. Např. evoluční linie u obojživelníků a plazů starší více než 3–4 miliony let (miocén/pliocén) jen obtížně mísí své genomy (tzn. hybridizují jen vzácně), zatímco mladší (pleistocenní) linie většinou tvoří stovky kilometrů široké hybridní zóny. A proto navrhujeme, že toto pozorování může být obecně využito v taxonomii, a tedy i přesnějšímu stanovení a klasifikaci současné biodiverzity. I když všechny evoluční linie nemusí nutně reprezentovat druhy, neznamená to, že by měly zůstat bez jména. Proto navrhujeme odlišné, avšak reprodukčně kompatibilní geografické linie popisovat jako odlišné poddruhy. Koncept poddruhů je starý jako binomická nomenklatura sama (Lukhtanov 2024, Dufresnes et al. 2024), avšak až nyní máme možnost objektivněji posoudit, zda daný organizmus reprezentuje druh, poddruh nebo populaci s vyšší mírou lokální adaptace. Právě nedávné výzkumné přihlídnutí k tomu, co se děje v hybridních zónách, přispělo k odborné diskusi a aktualizaci oficiálního seznamu druhů evropských obojživelníků, čímž se ukončily desítky let trvající spory, co je nebo není v Evropě druh (Spyebroek et al. 2020).

Takto definované populace mohou být oficiálně (vědecky) pojmenovány a v případě potřeby mohou být zařazeny na červené seznamy. Náš návrh tak může prakticky odpovědět na potřeby ochrany evolučně jedinečných, i když reprodukčně kompatibilních populací, aniž by došlo k umělému zvýšení počtu druhů a tím i zvyšování nákladů na jejich studium a ochranu. Příkladem mohou být nedávné popisy endemických populací, např. balkánských žab *Pelobates balcanicus chloee* Dufresnes et al., 2019 nebo nejdelšího beznohého ještěra světa, *Pseudopus apodus levantinus* Jablonski et al., 2021 z Blízkého východu, které svými popisy nastartovaly zvýšený zájem o poddruhovou taxonomii a ochranu těchto jedinečných populací (Dufresnes et al. 2019, Jablonski et al. 2021).

Podporou uznání vyšší biodiverzity bez zvyšování počtu druhů nám nový přístup umožňuje tuto diverzitu lépe vymezit tak, aby byla srovnatelnější napříč živočišným světem a tím mohla být i efektivněji aplikována ochranná úsilí.



*as inferred from the age of confirmed species and subspecies

** the relationship between divergence and reproductive isolation could not be established

Obr. 1: Operační postup k vymezení fylogeografických linií do druhů nebo poddruhů dle Dufresnes et al. (2023). Pracovní postup začíná zkoumáním evolučního významu linií a poté se zabývá jejich klasifikací na druhy (modrá) nebo poddruhy (zelená).

Za výsledky výše popsaného výzkumu byl autor v roce 2023 oceněn Cenou Dr. Ludmily Sedlárovej-Rabanové.

Literatura

- De Queiroz K (1998) The general lineage concept of species, species criteria, and the process of speciation: A conceptual unification and terminological recommendations. In *Endless Forms: Species and Speciation*, D. J. Howard, S. H. Berlocher, Eds., Oxford University Press, pp. 57–75.
- De Vos JM, Joppa LN, Gittleman JL, Stephens PR, Pimm SL (2015) Estimating the normal background rate of species extinction. *Conserv Biol.* 29: 452–462.
- Dufresnes C, Jablonski D (2022) A genomics revolution in amphibian taxonomy. *Science* 377: 1272.
- Dufresnes C, Poyarkov N, Jablonski D (2023) Acknowledging more biodiversity without more species. *Proc Natl Acad Sci U S A* 120: e2302424120.

- Dufresnes C, Strachinis I, Tzoras E, Litvinchuk SN, Denoël M (2019) Call a spade a spade: taxonomy and distribution of *Pelobates*, with description of a new Balkan endemic. *ZooKeys* 589: 131–158.
- Dufresnes, C., N. Poyarkov, D. Jablonski (2024) Reply to Lukhtanov: Polytypic species: Old wine in a new bottle. *Proc Natl Acad Sci U S A* 121: e2321819121.
- Harris DJ, Froufe E (2005) Taxonomic inflation: species concept or historical geopolitical bias? *Trends in Ecology & Evolution* 20: 6–7.
- Jablonski D, Masroor R, Hofmann S (2021) Revisited molecular phylogeny of the genus *Sphaerotheca* (Anura: Dicroglossidae): the biogeographic status of northernmost populations and further taxonomic changes. *Diversity* 13: 216.
- Jablonski D, Tzoras E, Panagiotopoulos A, Asztalos M, Fritz U (2023) Genotyping the phenotypic diversity in Aegean *Natrix natrix moreotica* (Bedriaga, 1882) (Reptilia, Serpentes, Natricidae). *ZooKeys* 1169: 87–94.
- Jablonski D, et al. (2021) Morphological and genetic differentiation in the anguid lizard *Pseudopus apodus* supports the existence of an endemic subspecies in the Levant. *Vertebr Zool.* 71: 175–200.
- Linnaeus C (1758) *Systema Naturae per regna tria naturae, secundum classes, ordines, genera, species, cum characteribus, differentiis, synonymis, locis. Editio decima, reformata. Tomus I. Holmiae (Laurentii Salvii): [i–iv] + 1–824.*
- Lukhtanov VA (2024) Polytypic species concept and subspecies in the genomic era. *Proc Natl Acad Sci U S A* 121: e2317038121.
- Mayr E (1942) *Systematics and the Origin of Species* (Columbia Univ. Press, New York).
- Padial JM, Miralles A, De la Riva I, Vences M (2010) The integrative future of taxonomy. *Front Zool.* 7: 16.
- Petzold A, Hassanin A (2020) A comparative approach for species delimitation based on multiple methods of multi-locus DNA sequence analysis: A case study of the genus *Giraffa* (Mammalia, Cetartiodactyla). *PLoS One* 15: e0217956.
- Scott P, Rines R (1975) Naming the Loch Ness monster. *Nature* 258: 466–468.
- Speybroeck J, et al. (2020) Species list of the European herpetofauna – 2020 update by the Taxonomic Committee of the Societas Europaea Herpetologica. *Amphibia-Reptilia.* 41: 139–189.
- Stankowski S, Ravinet M (2021) Defining the speciation continuum. *Evolution* 75: 1256–1273.
- Wiens JJ (2023) How many species are there on Earth? Progress and problems. *PLoS Biol.* 21: e3002388.
- Zachos (2016) *Species Concepts in Biology. Historical Development, Theoretical Foundations and Practical Relevance.* Springer, 220 pp.



Mgr. Daniel Jablonski, PhD. (1987) působí jako odborný asistent na Katedře zoologie PriF UK, kterou také absolvoval. Ve svém výzkumu se zaměřuje na otázky spojené s evolucí, diverzitou a taxonomií obojživelníků a plazů za kterými procestoval více než 50 zemí. Soustřeďuje se na málo zkoumané oblasti, zejména na Balkánském poloostrově, Blízkém východě a ve střední Asii. Navštívil a spolupracuje s mnoha univerzitami a vědeckými institucemi, je členem redakčních rad, spolu-editor časopisu *Alytes* a člen taxonomické komise *Societas Europaea Herpetologica*. E-mail: daniel.jablonski@uniba.sk



Genetická společnost Gregora Mendela z.s.

je sdružení profesionálních genetiků a zájemců o tento obor. Cílem GSGM je rozvíjet spolupráci v rámci oboru i mimo něj, přilákat nové zájemce a informovat širokou veřejnost o nejnovějších poznatcích o genetice.

