

**Zápis z průběhu obhajoby disertační práce Mgr. Jany Čížkové konané dne
5.9.2013**

**Doktorský studijní program: P 1501 BIOLOGIE
Studijní obor: BOTANIKA**

Téma: Physical Mapping and Evolution of Banana Genome (*Musa* spp.)

Obhajoba disertační práce se konala dne 5.9.2013 v 10,00 hodin v učebně SE-502 na Přírodovědecké fakultě UP v Olomouci – Holici.

Komise se sešla v celkovém počtu 11 členů včetně 3 oponentů.

Předseda:	prof. Ing. Aleš Lebeda, DrSc. (UP Olomouc)
Místopředseda:	prof. Ing. Vladimír Čurn, Ph.D. (JU, České Budějovice)
Členové:	prof. RNDr. Aloisie Pouličková, CSc. (PřF UP, Olomouc) prof. RNDr. Ladislav Havel, CSc. (MENDELU, Brno) prof. RNDr. Boris Vyskot, DrSc. (BFÚ, Brno) - omluven doc. RNDr. Martin Fellner, Ph.D. (PřF UP Olomouc) doc. RNDr. Eduard Kejnovský, CSc. (BFÚ, Brno) doc. Ing. Eva Křístková, Ph.D. (PřF UP Olomouc) Mgr. Karel Doležal, Dr. (PřF UP Olomouc)
Oponenti:	prof. Ing. Vladimír Čurn, Ph.D. (JU, České Budějovice) doc. RNDr. Petr Bureš, Ph.D. (MU, Brno) RNDr. Jiří Široký, CSc. (BFÚ, Brno)
Školitel:	prof. Ing. Jaroslav Doležel, DrSc.

Průběh obhajoby řídil předseda komise pro obhajobu disertační práce prof. Ing. Aleš Lebeda, DrSc. Po uvítání účastníků veřejné části obhajoby seznámil přítomné členy komise se stručným životopisem Mgr. Jany Čížkové. Dále prof. Lebeda přednesl stanovisko školícího pracoviště (katedra botaniky PřF UP + ÚEB AV ČR) a následně prof. Ing. Jaroslav Doležel, DrSc. přednesl stanovisko školitele. Poté se ujala slova doktorandka Mgr. Jana Čížková a přednesla přednášku o výsledcích své disertační práce, která trvala přibližně 20 minut. Studentka využila k prezentaci výsledků dataprojektor. Během obhajoby kolovaly mezi přítomnými exempláře disertační práce a autoreferáty.

Oponenti, prof. Ing. Vladimír Čurn, Ph.D., doc. RNDr. Petr Bureš, Ph.D. a RNDr. Jiří Široký, CSc. přečetli své posudky. Doktorandka následně odpovídala na připomínky a dotazy jednotlivých oponentů. Tyto odpovědi měla rovněž písemně zpracovány a jsou součástí tohoto zápisu. Dále následovala veřejná rozprava.

7

Odpovědi na připomínky k doktorské disertační práci Mgr. Jany Čížkové

Physical mapping and evolution of banana genome (*Musa* spp.)

Prof. Ing. Vladislav Čurn, Ph.D.:

1. Obrázek 2 na str. 15 – je dílem autorky, či byl převzat z literatury? Počty chromozomů jsou uváděny poněkud neobvykle, na první pohled se může zdát, že se jedná o haploidní druhy, vhodnější způsob prezentace je uveden v textu pod obrázkem. Pro úplný přehled a dokonalost by bylo vhodné doplnit i data o velikosti genomu. Do přehledu taxonomické klasifikace by také bylo vhodné uvést nově popsané skupiny, zvláště pokud jsou zmiňované v textu disertace a na dalším obrázku. Jaké je geografické rozšíření dalších dvou rodů v rámci čeledi Musaceae? Na Obr. 4 by bylo vhodné sjednotit barvy pro dva popisované druhy rodu *Musa*.

Obrázek 2 na str. 15 je dílem autorky a měl především ilustrovat rozdíly v základním chromozómovém čísle u hlavních taxonomických skupin čeledi *Musaceae*. Uvedení počtu chromozomů v této formě však může být matoucí a nebylo nejšťastnější volbou.

Velikost genomu je u jednotlivých sekcí rodu *Musa* poměrně variabilní a proto se jí věnuje samostatná kapitola (2.2.1.2).

V taxonomickém přehledu jsou uvedeny pouze všeobecně uznávané sekce *Eumusa*, *Rhodochlamys*, *Australimusa* a *Callimusa*. Platnost sekce *Ingentimusa*, obsahující pouze druh *M. ingens* (Argent, 1976), je problematická. *M. ingens* se vyskytuje pouze na Papui Nové Guinei a počtem chromozomů ($2n = 14$) se liší od všech ostatních zástupců čeledi *Musaceae*. Někteří autoři řadí tento druh do společné sekce s druhy sekcí *Australimusa* a *Callimusa*, zatímco jiní ho pokládají za zástupce samostatného rodu.

Informace o geografickém rozšíření rodů *Ensete* a *Musella* jsou uvedeny v kapitole 2.1.2. Původním areálem výskytu rodu *Ensete* je jihovýchodní Asie (od Indie po Papuu Novou Guineu), ale byl rozšířen i do tropických oblastí Afriky. Rod *Musella* se vyskytuje v horských oblastech jihovýchodní Asie.

Na Obr. 4 byly záměrně použity rozdílné barvy pro odlišení areálu výskytu *M. acuminata* a *M. balbisiana*, dvou planě rostoucích předchůdců většiny pěstovaných kultivarů banánovníku.

2. Jaké jsou reálně využitelné metody rezistentního šlechtění u banánovníku?

První programy zabývající se klasickým šlechtěním banánovníku vznikly kolem roku 1920 a nejvýznamnější z nich nyní běží v Nigérii (IITA), Hondurasu (FHIA), Brazílii (EMBRAPA) a na Guadeloupe (CIRAD-FLHOR). Většina pěstovaných kultivarů banánovníku jsou triploidní, vegetativně se množící klony. Klasické šlechtění je komplikováno částečnou nebo úplnou sterilitou těchto kultivarů. Jednou z cest je ruční

opelení triploidních kultivarů se zbytkovou fertilitou diploidním rodičem nesoucím rezistenci vůči danému patogenu (Ortiz a Vuylsteke 1995). Jen v malém procentu případů dojde ke získání rezistentního kultivaru, který by si zachoval požadované vlastnosti původního kultivaru.

V posledních letech se do popředí zájmu dostávají nejrůznější biotechnologické metody. Jejich aplikací pro získání rezistentních kultivarů banánovníku se zabývá např. Katolická Univerzita v Lovani v Belgii, Technologická Universita v Queenslandu v Austrálii nebo soukromá společnost SYNGENTA ve Velké Británii. Využití transgenních rostlin nesoucích rezistenci vůči různým patogenům je však ve fázi výzkumu a testování (Sági et al. 1995; Mahdavi et al. 2012; Namukwaya et al. 2012; Kovács et al. 2013).

RNDr. Jiří Široký, CSc.:

1. V první části autoři detailně studují oblast rRNA genů ITS1-5.8S - ITS2 v úctyhodné kolekci 78 různých diploidních druhů a triploidních hybridů čeledi Musaceae. Odhlédneme-li od zajímavých fylogenetických výstupů, jedním z hlavních nálezů je značná konzervativnost obou intragenových mezerníků vnitrodruhových hybridů. Zde bych se rád otázel, proč u některých hybridů dochází ke genové konverzi spíše než u druhých. Jaké mechanismy se při tom mohou uplatňovat?

Geny pro ribozomální RNA (včetně obou vnitřních mezerníků) podléhají evoluci v koncertu. Mezi předpokládané mechanismy evoluce v koncertu patří nerovnoměrný crossing-over a genová konverze. Absence pohlavního rozmnožování u většiny hybridních klonů banánovníku může vysvětlit přítomnost obou rodičovských sekvencí ITS oblasti. Předpokládáme, že u hybridních banánovníků, u kterých je ITS oblast vysoce homogenizovaná, došlo v počátcích jejich evoluce k pohlavnímu rozmnožování (a k procesům nerovnoměrného crossing-overu a genové konverze). Nemůžeme ani vyloučit zpětné křížení s některým rodičem (De Langhe et al. 2010).

2. Další dvě práce se soustředí na vyhledávání markerů pro identifikaci jednotlivých chromozomů u osmnácti druhů banánovníku v první práci a 21 nových přírůstků banánových genetických zdrojů Bioversity International Transit Centre ve druhé publikaci. Autoři přitom použili jakožto chromosomově specifické sondy 45S rDNA a 5S rDNA, satelitní DNA i jednokopiové sondy. Získané in situ hybridizační vzory, sekvenční údaje mezerníků ITS1 a ITS2 a stanovené obsahy jaderné DNA získané cytometrií přitom posloužily jako základ pro stanovení (a doplnění) fylogenetických vztahů. Zde autoři rovněž potvrzují že sekce Eumusa a Rhodochlamys rodu Musa, v souladu s jinými autory i předchozími pozorováními a publikacemi olomoucké Laboratoře, by měly být sloučeny v jedinou sekci. Svědčí proto konečně i fakt, že obě sekce mají stejný základní počet chromozomů ($1n = x = 11$) oproti sekcím Callimusa a Australimusa (9, resp. 10). V této souvislosti bych se Mgr. Čížkové rád otázel, jaké má zkušenosti s tzv. botanickými autoritami, které někdy velmi tvrdošíjně lpí na tradiční systematice podložené morfologickými charakteristikami. Obvykle nebývá lehké s kacířstvím proti systematice prorazit.

Naše laboratoř se dlouhodobě zabývá studiem fylogenetických vztahů banánovníku za použití molekulárních metod. Výsledky analýz však konzultujeme s odborníky, kteří se věnují taxonomii banánovníku (prof. Edmond De Langhe, prof. Markku Häkkinen) a můžeme je tak dát do souvislosti s morfologickými charakteristikami jednotlivých druhů.

I na základě našich molekulárních analýz, analýzy diverzity a dalších studií v této oblasti došlo ke změnám v taxonomii rodu *Musa*, a to ke sloučení sekcí *Eumusa* a *Rhodochlamys* v sekci *Musa* a sekcí *Australimusa* a *Callimusa* v sekci *Callimusa* (Anne Vezina – http://www.promusa.org/tiki-view_blog_post.php?postId=312).

Doc. RNDr. Petr Bureš, Ph.D.:

1. In the paper 4.1.3 Molecular and Cytogenetic Characterization of Wild *Musa* Species Newly Introduced to ITC Collection (Čížková et al. in prep.), there are nuclear DNA content as well as chromosome numbers of various taxa mentioned in Table 2. When both these parameters are compared, the negative correlation between $2n$ and $2C$ becomes to apparent (Spearman's $\rho = -0.86$; $p = 0.000002$). – (1a) How you can explain this inverted trend "the less chromosomes, the more DNA in somatic cells"? (i. e., Which processes in karyotype evolution can be responsible for such a trend?)

Zatím není dostatek dat, na základě kterých by bylo možné určit, k jakým procesům během evoluce karyotypu docházelo. Z fylogenetických analýz víme, že evolučně starší jsou skupiny s nižším počtem chromozómů ($n = 9$), můžeme tedy spekulovat, že v dalším vývoji mohlo docházet ke štěpení některých chromozómů a ztrátám některých repetitivních sekvencí. K lepšímu pochopení evoluce karyotypu by mohlo vést porovnání sekvencí genomů různých zástupců čeledi *Musaceae* s referenční sekvencí druhu *M. acuminata*.

2. Most of cultivated bananas are seed sterile diploid, triploid or tetraploid clones. – (2a) Is the hybrid (seed) sterility common feature in banana natural interspecific hybrids? – (2b) Are some of them fertile (at least in male function)? – (2c) What genetic background is responsible for seed sterility in bananas? – (2d) Which one of scenarios can be expected in formation of triploid banana hybrids? [i. e., (i) Hybridization between diploid and tetraploid parents or (ii) homoploid hybridization between diploid parents followed by triploidization of F1.]

(2a, b) Mezidruhová hybridy, kteří vznikli přirozených křížením, jsou sterilní, někteří si však zachovávají zbytkovou fertilitu.

(2c) Genetické pozadí způsobující sterilitu hybridů zatím není prozkoumáno.

(2d) Není zaznamenán přirozený výskyt tetraploidních banánovníků. Předpokládá se, že ke vzniku triploidů docházelo křížením dvou diploidních rodičů.

3. In the same paper you documented incomplete concerted evolution of ITS sequences, i. e., the presence of conserved sequences of both parents in most of banana hybrids. – (3) Can you estimate the age of these hybrids and if so, can be concerted evolution expected in them?

Na základě sekvenačních dat ITS oblasti není možné určit stáří hybridů.

4. One of the topics of your study was to reconstruct the phylogeny in *Musa* (not "to reconstruct phylogenetic analysis - as mentioned on page 139"). Although in banana "phylogeny", true evolutionary processes have actually combined with intentional or inadvertent breeding, the potential patterns and questions which can be addressed remain similar to classical phylogenetic study. One of frequently debated questions in phylogenetic studies is the recurrent hybrid speciation. The really detail study presented in the paper 4.1.1. "The ITS1-5.8S-ITS2 Sequence Region in the Musaceae: Structure, Diversity and Use in Molecular Phylogeny" (Hřibová et al. 2011) revealed really huge amount of ITS data for numerous taxa in the genus *Musa*. – (4) Is there any evidence for independent hybrid events resulted to the formation of the same hybrid cultivar or for recurrent hybrid speciation?

Předpokládá se, že každý hybridní klon je jedinečný. Nejsou žádné důkazy dokládající opakovaný vznik stejného hybridu.

5. "While the function of centromeres is conserved, the DNA sequence is highly diverged and variable in length" as it is mentioned at p. 26. – (5) How this seemingly paradoxical pattern is usually explained?

Studie zabývající se strukturou a funkcí rostlinných centromer ukazují, že zatímco jejich funkce je vysoce konzervovaná, na sekvenční úrovni se mohou centromery lišit i mezi blízkce příbuznými druhy. Nicméně, u většiny studovaných rostlin se v oblasti centromery nacházejí tandemové repetice a různé typy retroelementů.

Vzhledem k tomu, že určitá oblast chromozómu může za určitých okolností získat centromerickou aktivitu (neocentroméra), ačkoliv obsahuje sekvenční DNA odlišné od sekvencí v centroméře, předpokládá se, že centroméra není definována určitou sekvencí DNA, ale spíše specifickou organizací heterochromatinu, která je regulována epigeneticky (Houben a Schubert 2003; Ma et al. 2007; Slotkin a Martinessen 2007).

Použitá literatura:

De Langhe E, Hřibová E, Carpentier S, Doležel J, Swennen R (2010) Did backcrossing contribute to the origin of hybrid edible bananas? *Annals of Botany* 106: 849-857.

Houben A, Schubert I (2003) DNA and proteins of plant centromeres. *Current Opinion in Plant Biology* 6: 554-560.

Kovács G, Sági L, Jacon G, Arinaitwe G, Busorogo JP, Thiry E, Strosse H, Swennen R, Remy S (2013) Expression of a rice chitinase gene in transgenic banana ('Gros Michel', AAA genome group) confers resistance to black leaf streak disease. *Transgenic Research* 22: 117-130.

Ma J, Wing R, Bennetzen J, Jackson S (2007) Plant centromere organization: a dynamic structure with conserved functions. *Trends in Genetics* 23: 134-139.

Mahdavi F, Sariah M, Maziah M (2012) Expression of rice thaumatin-like protein gene in transgenic banana plants enhances resistance to fusarium wilt. *Applied Biochemistry and Biotechnology* 166(4): 1008-1019.

Namukwaya B, Tripathi L, Tripathi JN, Arinaitwe G, Mukasa SB, Tushemereirwe WK (2012) Transgenic banana expressing *Pflp* gene confers enhanced resistance to *Xanthomonas* wilt disease. *Transgenic Research* 21: 885-865.

Ortiz R, Vuylsteke D (1995) Factors influencing seed set in triploid *Musa* ssp. L. and production of euploid hybrids. *Annals of Botany* 75: 151-155.

Sági L, Panis B, Remy S, Schoofs H, De Smet K, Swennen R, Cammue BPS (1995) Genetic transformation of banana and plantain (*Musa* spp.) via particle bombardment. *Bio/Technology* 13: 481-485.

Slotkin RK, Martienssen R (2007) Transposable elements and the epigenetic regulation of the genome. *Nature Reviews Genetics* 8: 272-285.

ZÁPIS Z DISKUSE OBHAJOBY DOKTORSKÉ PRÁCE Mgr. JANY ČÍŽKOVÉ

1) prof. Ing. Vladislav Čurn, Ph.D.: „Rád bych se zeptal, zda by nebylo přínosné do fylogenetického stromu (kladogramu vytvořeného na základě analýzy SSR markerů) doplnit také údaje morfologické a cytogenetické (velikost genomu,...). Mohlo by to pomoci v rychlejší analýze 'skupin' v rámci rodu *Musa*, které navrhuje na základě molekulární analýzy spojit.“

Mgr. Jana Čížková: SSR kladogram, který je součástí disertační práce obsahuje pouze 69 referenčních druhů rodu *Musa* a 21 nově charakterizovaných položek. Vzhledem k probíhajícímu projektu, je nyní analyzováno cca 500 položek a analýza diverzity pomocí SSR genotypování stále pokračuje. Struktura stromu obsahující všechny dosud analyzované položky vypadá jinak – s každou další analyzovanou položkou dochází k vyššímu rozlišení... Dochází ke zpřesňování této analýzy.

2) doc. RNDr. Eduard Kejnovský, CSc.: „Myslím, že konstrukce stromů je ošidná a to i z hlediska genové konverze. Pokud se bavíme o analýze ITS oblasti, jak jste řekla, někteří hybridní banánovníku mají rDNA lokus a to včetně ITS sekvencí vysoce homogenizovaný a u některých jsou zachovány rodičovské typy ITS sekvencí. Genová konverze není navázána jen na rekombinaci – tedy pohlavní množení. Nemůže být tedy skutečnost rozdílného stupně homogenity ITS lokusu způsobena rozdílným stářím studovaných hybridů?“

doc. RNDr. Petr Bureš, Ph.D.: „Rád bych se přidal k doc. Kejnovskému, jak je známo rekombinaci může docházet v průběhu života i somatických buňkách.“

doc. RNDr. Eduard Kejnovský, CSc.: „Ano, např. Toto je dnes hojně studováno a dochází k tomu velmi hojně v průběhu neurogeneze mozku, kdy dochází k tisícům somatických rekombinací. Genom je neobyčejně dynamický.“

doc. RNDr. Petr Bureš, Ph.D.: „To jo, ale z mozku do spermií se ti to už nedostane... Ale u těch banánů se to může projevit!“

Mgr. Jana Čížková: Zatím nevíme, jestli může stáří hybrida ovlivnit stupeň homogenity ITS lokusu. Ke genové konverzi samozřejmě může docházet i v somatických buňkách, ale nejsem si jistá, jestli potom bude docházet k homogenizaci ITS lokusu ve všech buňkách stejně. Pokud dojde ke genové konverzi nebo ke crossing-overu během pohlavního rozmnožování, dostane se tato informace do všech buněk potomka.

3) doc. RNDr. Eduard Kejnovský, CSc.: „Rád bych se ještě zeptal, jestli jsou v genomu banánovníku opravdu jen dva satelity, které jste v rámci své práce analyzovala. Obvykle se v genomech vyskytuje více satelitních typů DNA sekvencí a vyskytují se také v centromerických oblastech.“

Mgr. Jana Čížková: Bylo zjištěno, že oproti genomům jiných rostlin obsahuje genom banánovníku jen malé množství satelitních sekvencí. Na základě analýzy 454 sekvenčních dat *M. acuminata* 'Calcutta 4' byly identifikovány dva hlavní DNA satelity CL18 a CL33. Kromě těchto dvou satelitů obsahuje genom banánovníku ještě několik dalších satelitních sekvencí, ale ty jsou přítomné jen ve velmi malém počtu kopií. V centromerických oblastech chromozómů banánovníku pak byly identifikovány retrotranspozóny (především LINE element).

4) **Mgr. Karel Doležal Dr.:** „Zmínili jste se o tom, že analyzované položky pocházely z genové banky, kde jsou udržovány *in vitro*. Při jejich pasážování dochází k používání vysokých koncentrací fytohormonů, což může vést k somaklonální variabilitě. Zajímalo by mě, co děláte s položkami, kde k tomuto dojde?“

Mgr. Jana Čížková: Na ověřování a hodnocení položek genové banky už pracujeme více než deset let a zdá se, že k somaklonální variabilitě u nich moc často nedochází. Pokud však identifikujeme např. položku se změněnou ploidií, v dalším výzkumu už ji nepoužíváme.

5) **prof. Ing. Aleš Lebeda, DrSc.:** „Dospěla jste k závěrům, které se týkají fylogenetického rozdělení rodu *Musa*. Mě v této práci chybělo dát si dosažené molekulární výsledky do souvislosti geografického rozšíření studovaných druhů.“

Mgr. Jana Čížková: Vzhledem k tomu, že jsme především molekulární biologové a naše znalosti geografického rozšíření jednotlivých druhů jsou jen obecné – ve smyslu toho co jsme schopni dohledat v již publikovaných pracích, naše výsledky konzultujeme vždy s našimi již zmiňovanými kolegy – a to především s Prof. De Langhem, který je největším odborníkem v oblasti taxonomie banánovníkem a naše výsledky je schopen a ochoten dávat do těchto geomorfotaxonomických souvislostí. Jak je patrné i z výše uvedených publikací, týkajících se studia diverzity a fylogeneze rodu *Musa*, respektive čeledi *Musaceae*.

6) **prof. Ing. Aleš Lebeda, DrSc.:** „Zmiňovala jsi, že banány se šlechtí na rezistenci. O jaký typ rezistence jde? A co je známo o interakci mezi zástupci banánovníku a *Mycosphaerellou*?“

Mgr. Jana Čížková: Rezistence vůči patogenu může být kmenově specifická nebo nespecifická. Kmenově specifická rezistence je obvykle kontrolována pouze jedním genem (nebo skupinou několika genů). Rostlina nesoucí tuto rezistenci je schopná rozpoznat konkrétní patogenní kmen a rychle reagovat na jeho přítomnost v pletivu, není však odolná vůči ostatním kmenům. V případě nespecifické rezistence vede infekce rostliny patogenem k sérii reakcí, které omezují vývoj patogenu a jeho vliv na hostitelskou rostlinu. Tento typ rezistence je kontrolován širší skupinou genů a zahrnuje větší škálu kmenů patogenu. *Mycosphaerella* se do listů banánovníku dostává průduchy a následně tvoří haustoria v mezibuněčném prostoru. Rezistentní kultivary banánovníku aktivují metabolismus houbového patogenu, který začne tvořit větší množství 2,4,8-trihydroxytetralone. Toxin způsobí nekrózu okolních buněk (mikroléze) a infekce se nemůže šířit do dalších částí pletiva.

7) **prof. Ing. Aleš Lebeda, DrSc.:** „Vím se něco podrobněji o rozšíření a reakci druhů rodu *Musa* a jejich patogenů, kteří negativně ovlivňují jedlé pěstované druhy? Pochopení těchto interakcí by mohlo vést k tomu, že bychom tyto choroby mohli lépe pochopit a lépe pak porozumět jejich interakcím s jedlými typy.“

Mgr. Jana Čížková: Jak už jsem uvedla, naše znalosti rozšíření jednotlivých druhů jsou pouze obecné, stejně tak se nevěnujeme studiu chorob banánovníků ani jejich původcům. Problematické rozšíření jednotlivých patogenů se však věnuje mnoho jiných laboratoří po celém světě a jejich poznatky jistě pomohou lépe pochopit interakce mezi patogeny a jedlými kultivary banánovníku a následně i v boji proti chorobám devastujícím úrodu.

7

8) **prof. RNDr. Ladislav Havel, CSc.:** „Jak jste již zmiňovala, jedlé typy banánovníků mají bezsemenné plody vyplněné dužinou, k čemuž dochází díky partenokarpíi. Partenokarpie je u rostlin výjimečná, rád bych se proto zeptal, jestli se ví něco bližšího o genetickém pozadí partenokarpie.“

Mgr. Jana Čížková: Genetické pozadí vzniku partenokarpických plodů u banánovníku zatím není prostudováno. Předpokládá se, že za vznik partenokarpie jsou zodpovědné tři dominantní geny P_{1-3} , ale pro důkladné pochopení tohoto problému je nezbytný další výzkum.

9) **prof. RNDr. Ladislav Havel, CSc.:** „Má banánovník zárodečný vak typu Polygonum?“

Mgr. Jana Čížková: Ano, banánovník má zárodečný vak typu Polygonum (monosporický, osmijaderný).

V neveřejné části obhajoby bylo uskutečněno tajné hlasování. Z celkového počtu 11 členů komise pro obhajobu disertační práce se hlasování zúčastnilo 10 členů. Všechny hlasy byly souhlasné. O hlasování byl proveden samostatný zápis.

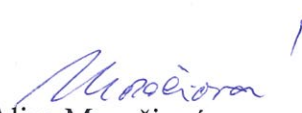
Na následném veřejném závěru obhajoby oznámil prof. Ing. Aleš Lebeda, DrSc. doktorandce, že na základě jednání komise a v souladu s článkem 47, odst. 7 Studijního a zkušebního řádu Univerzity Palackého v Olomouci ze dne 1.července 2011, obhájila disertační práci a je hodnocena klasifikačním stupněm „*prospěla*“.

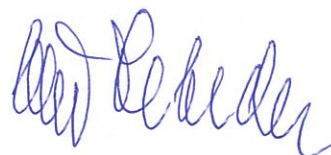
Mgr. Jana Čížková podepsala prohlášení, že ji předseda komise s výsledkem obhajoby seznámil.

Vzhledem ke skutečnostem, že Mgr. Jana Čížková úspěšně vykonala státní doktorskou zkoušku a obhájila disertační práci, stává se dle článku 48, odst. 1 Studijního a zkušebního řádu Univerzity Palackého v Olomouci absolventkou doktorského studijního programu P1501 BIOLOGIE, studijního oboru BOTANIKA.

Komise doporučuje, aby byl Mgr. Janě Čížkové přiznán akademický titul „doktor“ (ve zkratce Ph.D.).

V Olomouci 5.9.2013


Zapsala: Alice Mosočiová



prof. Ing. Aleš Lebeda, DrSc.
předseda komise