

Univerzita Karlova

Matematicko-fyzikální fakulta

Výpis ze zápisu z 3. jednání Vědecké rady MFF UK konaného dne 2. prosince 2020

(akademický rok 2020/2021)

HABILITAČNÍ ŘÍZENÍ

Návrh na jmenování RNDr. Davida Hokszy, Ph.D., docentem pro obor *Informatika – softwarové systémy*.

Vzhledem k účasti zahraničních hostů, proběhlo habilitační řízení dr. Hokszy v anglickém jazyce.

K habilitaci uchazeč předložil práci nazvanou *Similarity-based approaches to molecular function discovery*. Habilitační komise pracovala ve složení – předseda: prof. Ing. Pavel Tvrdík, CSc., (FIT ČVUT v Praze), členové: prof. RNDr. MUDr. Petr Maršálek, Ph.D., (1. LF UK), prof. RNDr. Tomáš Bureš, Ph.D., (MFF UK, Praha), doc. RNDr. Karel Berka, Ph.D., (PřF UP v Olomouci) a doc. RNDr. Vlastislav Dohnal, Ph.D., (FI MUNI, Brno).

Tato komise jmenovala tři oponenty. Stali se jimi: prof. Mgr. Jiří Damborský, Dr., Přírodovědecká fakulta Masarykovy univerzity, Brno; prof. Alex de Brevern, French National Institute of Health and Medical Research (INSERM), Université Paris Diderot, Sorbonne Paris Cite, Francie, a prof. Michael Schroeder, Biotechnologisches Zentrum, Technische Universität Dresden, Německo.

Po zhodnocení výsledků vědecké a pedagogické činnosti uchazeče a po obdržení kladných posudků na habilitační práci se komise tajným hlasováním jednomyslně usnesla na návrhu, aby RNDr. David Hoksza, Ph.D., byl jmenován docentem. Všechny podklady - údaje o uchazeči, stanovisko habilitační komise, CV uchazeče, přehled jeho pedagogické činnosti, výčet publikací, citací a zahraničních pobytů, aktuální výpis z databází WoS, Scopus, posudky oponentů - dostala vědecká rada předem k dispozici, habilitační práce je k nahlédnutí na úložišti dokumentů vědecké rady.

Svoji habilitační přednášku uchazeč nazval *Computer-based molecular function discovery*.

Uchazeč pozdravil všechny přítomné a sdílel se všemi svou prezentaci, doplněnou přehlednými ilustracemi. V přednášce představil dva nejvýznamnější z výzkumných projektů, na kterých se podílel, zabývající se molekulárními funkcemi. Na začátku vysvětlil, jak jednotlivé procesy probíhají na molekulární úrovni. Poté mluvil o objevu molekulárních funkcí a jeho použití. Do oboru přispěl novým přístupem k: vizualizaci sekundárního znaku RNA a způsobu interakce kryptických vazebných míst proteinu. V centru jeho výzkumu jsou tyto tři makromolekuly: DNA, nukleové kyseliny a RNA. Tyto makromolekuly formují buňky, tkáně, ukládají informace, přenášejí signály do soustavy, chrání soustavu. Do budoucna by rád zůstal aktivní v oboru počítačové analýzy aktivních míst proteinu a v oboru vizualizace by rád aplikoval šablonu na různé typy sítí. Dále chce pokračovat ve vývoji nástrojů pro integrační vizualizaci molekulárních dat.

Prod. Doležal přednesl citace výňatků z posudků oponentů. Všichni tři oponenti se vyjádřili velmi pozitivně ve prospěch uchazeče.

prof. Mgr. Jiří Damborský, Dr.:

Velmi oceňuji, že softwarová řešení jsou dotažena do nástrojů, které slouží široké uživatelské komunitě. Nástroje lze používat jako samostatné programy, API a webové aplikace. Závěrem konstatuji, že habilitační práce Dr. Davida Hokszy kvalitou i rozsahem splňuje kritéria pro udělení akademické hodnosti docent a rád ji doporučuji k obhajobě.

prof. Alex de Brevern:

The candidate had showed his abilities to adapt to new scientific areas and new methodologies with great efficiency. He is obviously an international recognized expert; his excellent papers in top Bioinformatics and Cheminformatics journals undoubtedly underlined it. To conclude, I have the highest opinion on the works presented by Dr Hoksza, showing clearly all the quality of researcher needed for an Associate Professor in a world class University.

prof. Michael Schroeder:

Overall, it is interesting that Dr. Hoskza publishes in two closely connected, but separate, communities: bioinformatics and cheminformatics. An achievement. Dr. Hoksza's work combines software engineering and development with state-of-the art algorithms in two important areas of bio- and cheminformatics. He has contributed steadily and with some impact in his area. In summary, I accept his habilitation thesis. He has very clearly shown independent and creative scientific thinking meriting a habilitation.

Následovala veřejná rozprava, ve které dotazy vznesl prof. Matas, prof. Jungwirth a prof. Málek. Všichni komentovali, že přednáška pro ně byla zajímavá a vznesli upřesňující dotazy k výkladu kandidáta. Prof. Málka zajímal počet studentů, které kandidát vyučuje a vede. Prof. Matase také zajímalo působení kandidáta na univerzitě v Lucemburku. S odpověďmi kandidáta byli všichni spokojeni.

Na závěr veřejné rozpravy vystoupil předseda habilitační komise prof. Ing. Pavel Tvrdík, CSc.

Shrnul nejdůležitější údaje o uchazeči. Jeho pedagogickou činnost, výzkumnou činnost, publikační činnost a další aktivity. Dr. David Hoksza je odborným asistentem na Katedře softwarového inženýrství MFF UK od r. 2012. Zaměřuje se na výuku témat souvisejících s databázemi, s vizualizací dat a především s bioinformatikou. Pravidelně přednáší a vede cvičení v bakalářském předmětu Bioinformatické algoritmy, databáze a nástroje, který na MFF zavedl. Nad rámec standardní pedagogické činnosti byl hlavním aktérem vytvoření mezifakultního bakalářského studijního programu Bioinformatika (mezi MFF a PřF UK). Hodnocení v studentské anketě jsou pravidelně kladná. Dr. Hoksza má výborné výsledky i při vedení kvalifikačních prací a softwarových projektů. Dr. Hoksza zaměřuje svoji vědeckou činnost na strukturní bioinformatiku. Všichni tři oponenti habilitační práce, mezinárodně uznávaní odborníci v bio- a chemoinformaticce, shodně konstatují, že dr. Hoksza publikuje v předních oborových časopisech. Za posledních 10 let je i spoluautorem 30 příspěvků v sbornících oborových konferencí. Kromě standardních ukazatelů kvality vědecké práce vyniká uchazeč ještě v tvorbě SW bioinformatických nástrojů, které spolu se svými studenty

vytváří a dává k dispozici vědecké komunitě. Za neúspěšnější SW nástroje lze považovat 3 následující. SW nástroj Traveler zabudoval Evropský bioinformatický institut do vizualizačního rozhraní systému RNACentral, což je jeho centrální databáze 7 milionů 1/3 sekundárních struktur RNA. SW nástroj P2Rank, který pomocí metod strojového učení dokáže predikovat v struktuře proteinu vazebná místa ligandů, je součástí kolaborativního nástroje Evropského bioinformatického institutu, v rámci kterého je momentálně tento nástroj druhým největším přispěvatelem funkčních anotací proteinových struktur. Mnoha aplikacím se těší i nástroj MolArt, který dokáže anotovat a vizualizovat strukturu proteinů. Zahraniční přesah jeho činnosti se projevuje například i tím, že má společné publikace se sedmi zahraničními spoluautory. Jeho zahraniční činnost tedy komise hodnotí velmi pozitivně. Na základě výše uvedených zjištění a skutečností došla habilitační komise k závěru, že dr. Hoksza je mezinárodně viditelným mladým výzkumníkem, který dosahuje uznání a rostoucího citačního ohlasu nejen díky svým publikacím, ale i díky schopnosti vytvářet netriviální užitečné SW nástroje, které významně pomáhají bioinformatické komunitě ve 2/3 výzkumu složitých makromolekulárních struktur. Na základě kladných posudků habilitační práce a všech informací, které měla komise k dispozici, se komise shodla, že Dr. Hoksza splňuje kritéria UK i V R MFF pro udělení vědecko-pedagogického titulu docent.

Následovala neveřejná část jednání zakončená hlasováním o návrhu.

Z celkového počtu 27 členů vědecké rady bylo na zasedání přítomno 26 členů a ti odevzdali 26 kladných hlasů, 0 hlasů záporných a 0 hlasů neplatných, 0 se zdrželo hlasování.

Vědecká rada se usnesla na návrhu, aby **RNDr. David Hoksza, Ph.D.**, byl jmenován docentem pro obor *Informatika – softwarové systémy*. Návrh bude postoupen rektorovi Univerzity Karlovy.

Za správnost:

Dominika Brožková

████████████████████