

Prof. RNDr. Pavel Hulva PhD.

22.11.1975 – **1.11.2026**

není mezi námi

S nejhlubším zármutkem sdělujeme,
že dne 1.11.2026 nás navždy opustil
ve věku 51 let

Prof.RNDr. Pavel Hulva PhD.

Profesor katedry zoologie PřF UK a katedry zoologie Ostravské university, klíčová osobnost současné české přírodovědy, jeden z hlavních organisátorů konceptuálních a metodologickým inovací dnešní vertebratologie, jejích biologických souvislostí a návazností na domény globální konservační biologie. Mezinárodně uznávaná autorita s výraznou publikační aktivitou (> 250 položek, z toho 95 prací s vyšším IF (kde v 35 je hlavním autorem), včetně Nature, PNAS, GlobCons, MolPhylEvol, Heredity, SciRep,atd.,) a její odezvou (>3000 citací, úvodní přednášky konferencí atd.).

Pavel byl myslitelem mimořádně hlubokých náhledů a širokého záběru, průběžně sledoval nejrůznější peripetie dnešního dění a jeho kořenů, posuny oborového dění nevyjímaje.
Vynikal schopností parsimoniální integrace přísných konceptuálních a metodických nároků špičkové vědy s nejaktuálnějšími poznatky různých přesahových domén a rozvrhem tradičních pohledů integrujících náš obor do celkovostních obrazů povahy Světa. Jeho kurs Evoluce obratlovců byl opakovaně četnými absolventy označen jako nejpůsobivější přednáška biologického studia.
Nikdy nešel přes mrtvoly. Vždy byl otevřen alternativám, diskusi a dohodě, cestám tolerance a vzájemného respektování, řádu Leben und leben lassen.
..
Pečlivě ovšem skrýval nemalá omezení své konstituce: velmi citlivou psychosomatiku a – dnes naprosto ojedinělý – rozvrh opravdového muže: hlubokou odpovědnost vnitřním cílům konkretisujícím robustně zbudované poznání povahy jsoucího a cest, jimiž lze, v řádu Leben und leben lassen, tyto cíle na osobní odpovědnost naplnit. Byl k tomu nadstandardně vybaven – mimořádnou silou a vnitřní odvahou k neobvyklým rozhodnutím a jejich realisaci. Které pohříchu - v samotě mužné důslednosti - obrátil nejednou i vůči sobě, tam, kde cílů dosáhnout nemohl.



trocha historie

r.2000 – PH, co diplomant
Kat.mol.genetiky (ZuzStorch)
→ přichází na PhD na katedru
Zoologie (IHor)

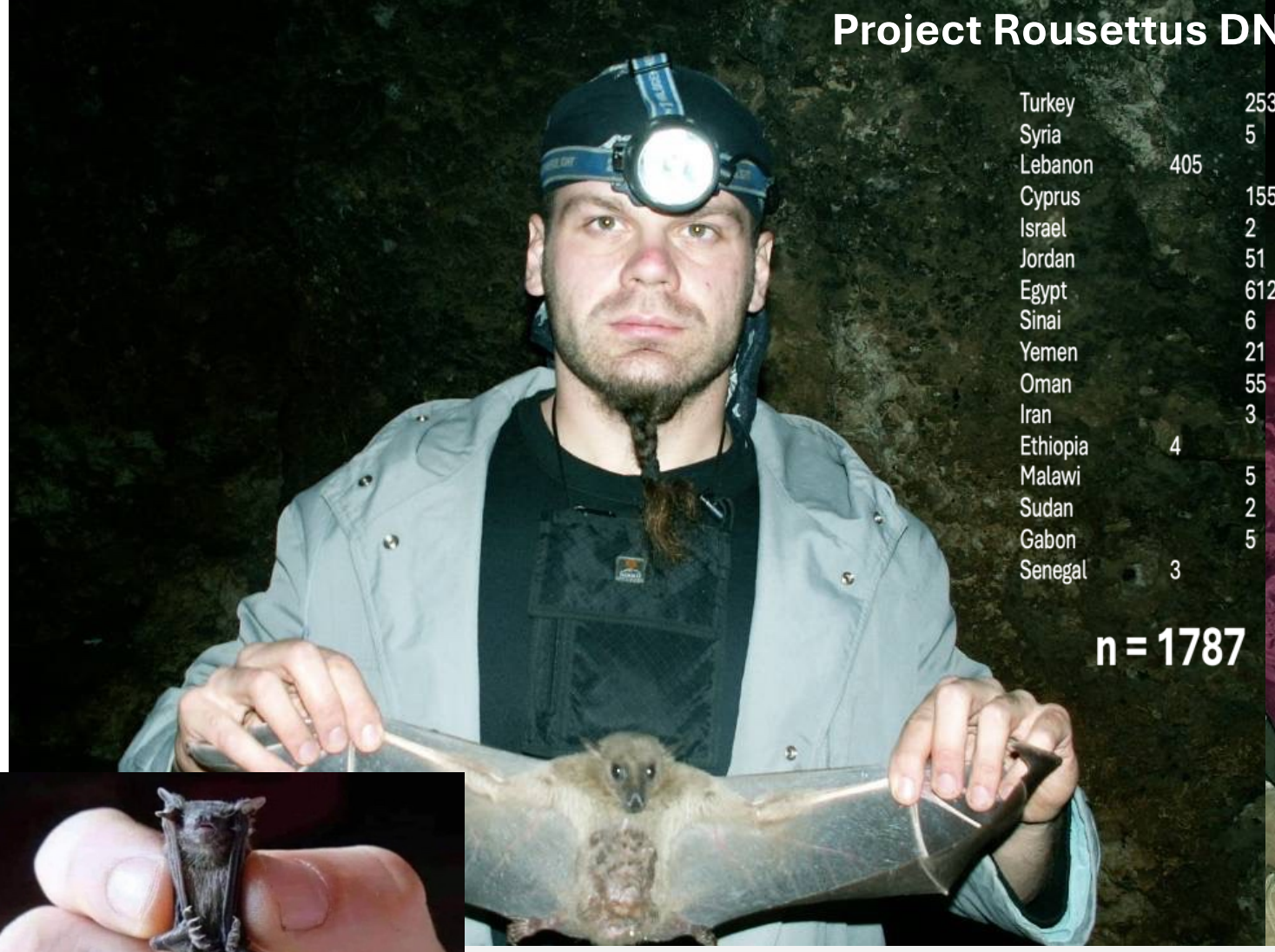
Kulturista
mistr bojových umění

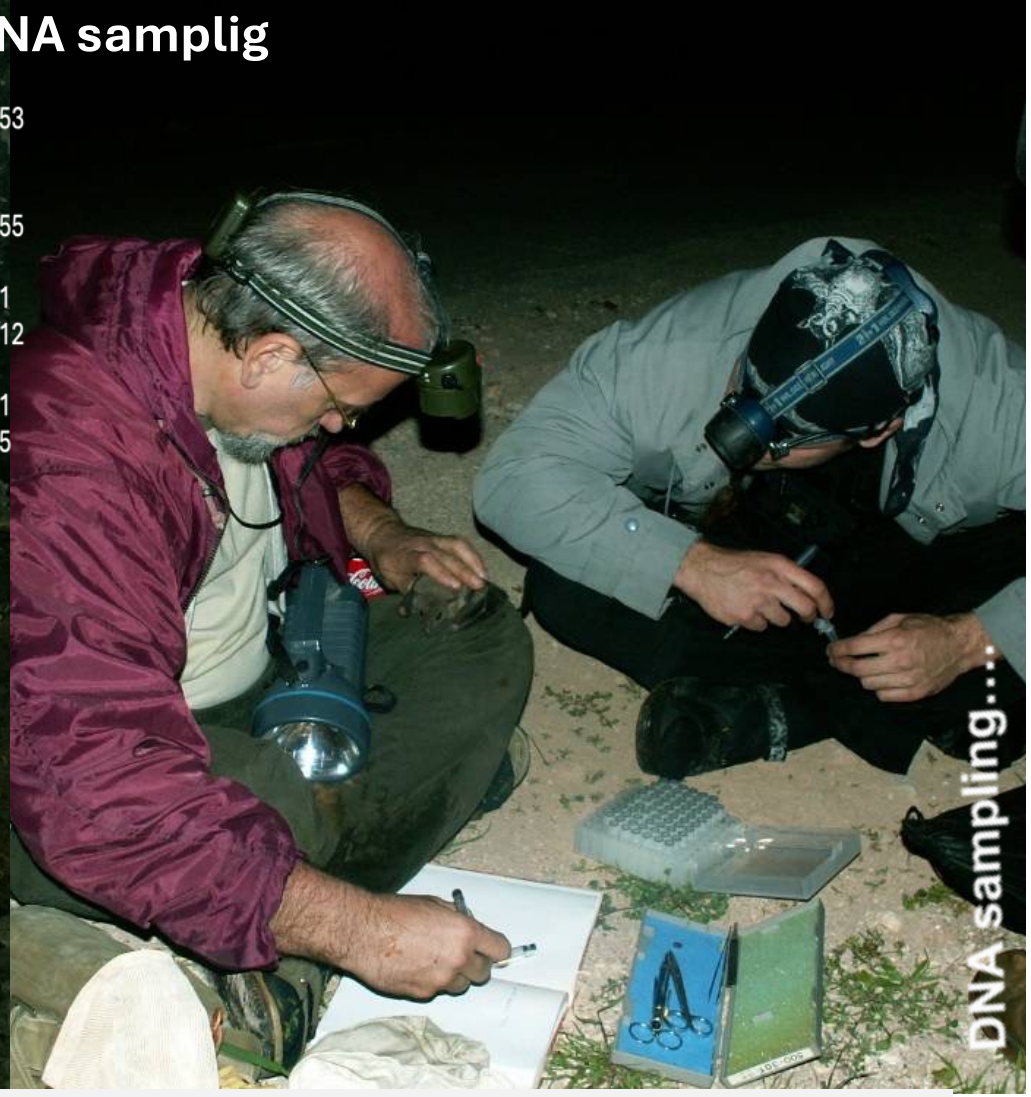
ověřeno:

Kypr,
Libanon
atd.

s minimální podporou uvádí do instrumentaria rutinní vertebratologie
metodologické akcenty molekul.biologie

Project Rousettus DNA samplig







analýzy nejméně známých netopýrů, tu i cizozemských.....

včetně prvních dat a identifikace fylogenetické posice nejvzácnějšího ze všech – *Crasseonycteris thonglonghai*

... prvních dat o nejstarobylejší skupině žijících netopýrů - **Rhinopomatidae**

BMC Evolutionary Biology

BioMed Central

Research article

Open Access

Molecules, morphometrics and new fossils provide an integrated view of the evolutionary history of Rhinopomatidae (Mammalia: Chiroptera)

Pavel Hulva*[1], Ivan Horáček[1] and Petr Benda[2,1]

Address: [1]Department of Zoology, Charles University, Viničná 7, CZ-128 44 Praha 2, Czech Republic and [2]Department of Zoology, National Museum (Natural History), Václavské náměstí 68, CZ-115 79 Praha 1, Czech Republic

Email: Pavel Hulva* - hulva@natur.cuni.cz; Ivan Horáček - horacek@natur.cuni.cz; Petr Benda - petr.benda@nm.cz

* Corresponding author

Published: 14 September 2007

BMC Evolutionary Biology 2007, **7**:165 doi:10.1186/1471-2148-7-165

Received: 6 December 2006

Accepted: 14 September 2007

This article is available from: http://www.biomedcentral.com/1471-2148/7/165

© 2007 Hulva et al; licensee BioMed Central Ltd.

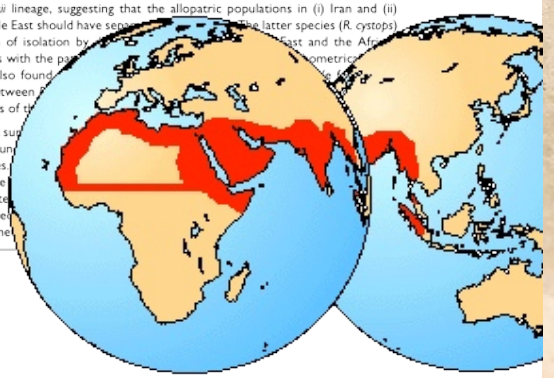
This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (http://creativecommons.org/licenses/by/2.0), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

Abstract

Background: The Rhinopomatidae, traditionally considered to be one of the most ancient chiropteran clades, remains one of the least known groups of Rhinolophoidea. No relevant fossil record is available for this family. Whereas there have been extensive radiations in related families Rhinolophidae and Hipposideridae, there are only a few species in the Rhinopomatidae and their phylogenetic relationship and status are not fully understood.

Results: Here we present (a) a phylogenetic analysis based on a partial cytochrome *b* sequence, (b) new fossils from the Upper Miocene site Elaiochoria 2 (Chalkidiki, Greece), which represents the first appearance datum of the family based on the fossil record, and (c) discussion of the phylogeographic patterns in both molecular and morphological traits. We found deep divergences in the *Rhinopoma hardwickii* lineage, suggesting that the allopatric populations in (i) Iran and (ii) North Africa and the Middle East should have se… The latter species (*R. cystops*) exhibits a shallow pattern of isolation by … ast and the Afr… populations) that contrasts with the pa… ometrics… A deep genetic gap was also found… minute genetic distance between … the sub/species distinctness of t…

Conclusion: The mtDNA su… first time and revealed an un… *muscatellum* morphospecies … clock data suggests that the… seaway or in India, and exte… Miocene spread into the Me… analysis compared with gene…



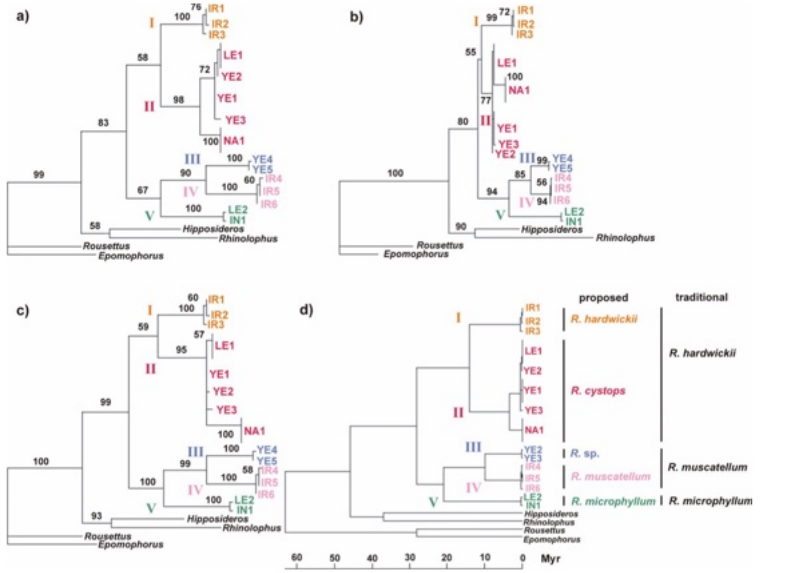


Figure 3
The topology of the rhinopomatid tree reconstructed from the 402 bp sequence of cytochrome *b* gene. (a) maximum parsimony tree, length = 320 mutations, consistency index excluding uninformative characters = 0.57; retention index = 0.82; rescaled consistency index = 0.50 **(b)** maximum likelihood tree calculated under GTR+I+G model of sequence evolution, R-matrix = (2209.1157, 5744.5737, 1027.7924, 0.0014, 23577.1543, 1.0000), base frequencies = (0.2945, 0.3553, 0.1347, 0.2154) and gamma shape parameter = 1.6997, log$L$ = -1867.36 **(c)** Bayesian tree with the same model of sequence evolution as in ML method **(d)** linearized maximum likelihood tree with the same model of sequence evolution as in ML method and molecular clock enforcement, logL_{clock} = -1884.45. Numbers at the nodes correspond to 1000 replication bootstrap supports/posterior probabilities.



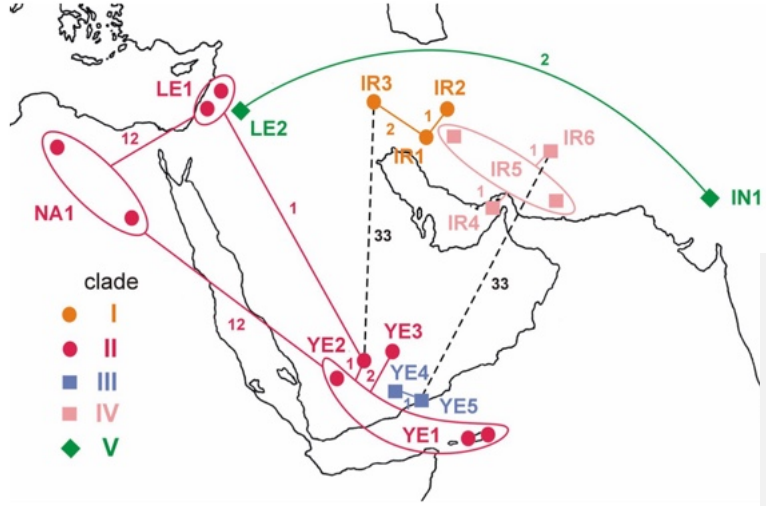


Figure 4
Geographic arrangements of parsimony networks connecting mtDNA haplotypes of bats from the genus *Rhinopoma* within clades revealed by tree building methods. Numbers at the branches indicate number of mutati… steps. Dashed lines – the branches with minimum number of mutations between clades I and II and clades III and IV. The s… imposition of the network in Iran, Yemen and Levant do not match geography exactly due to space limitations.

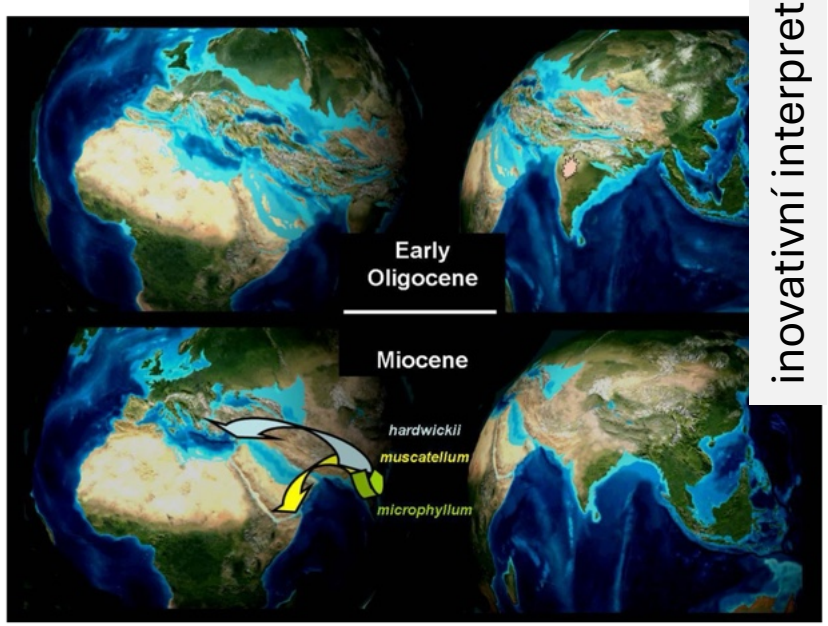


Figure 5
Palaeogeographic situation of the Indian-Middle East region in the Late Eocene/Lower Oligocene (35 My) and in the Miocene (20 My), with expected expansion pathways of three major lineages (sensu Van Cakenberghe and De Vree [9]) of the family. The paleogeographic background maps were compiled by Ron Blakey, Department of Geology, Northern Arizona University, Flagstaff [66]. Printed with permission.

inovativní interpretační potenciál

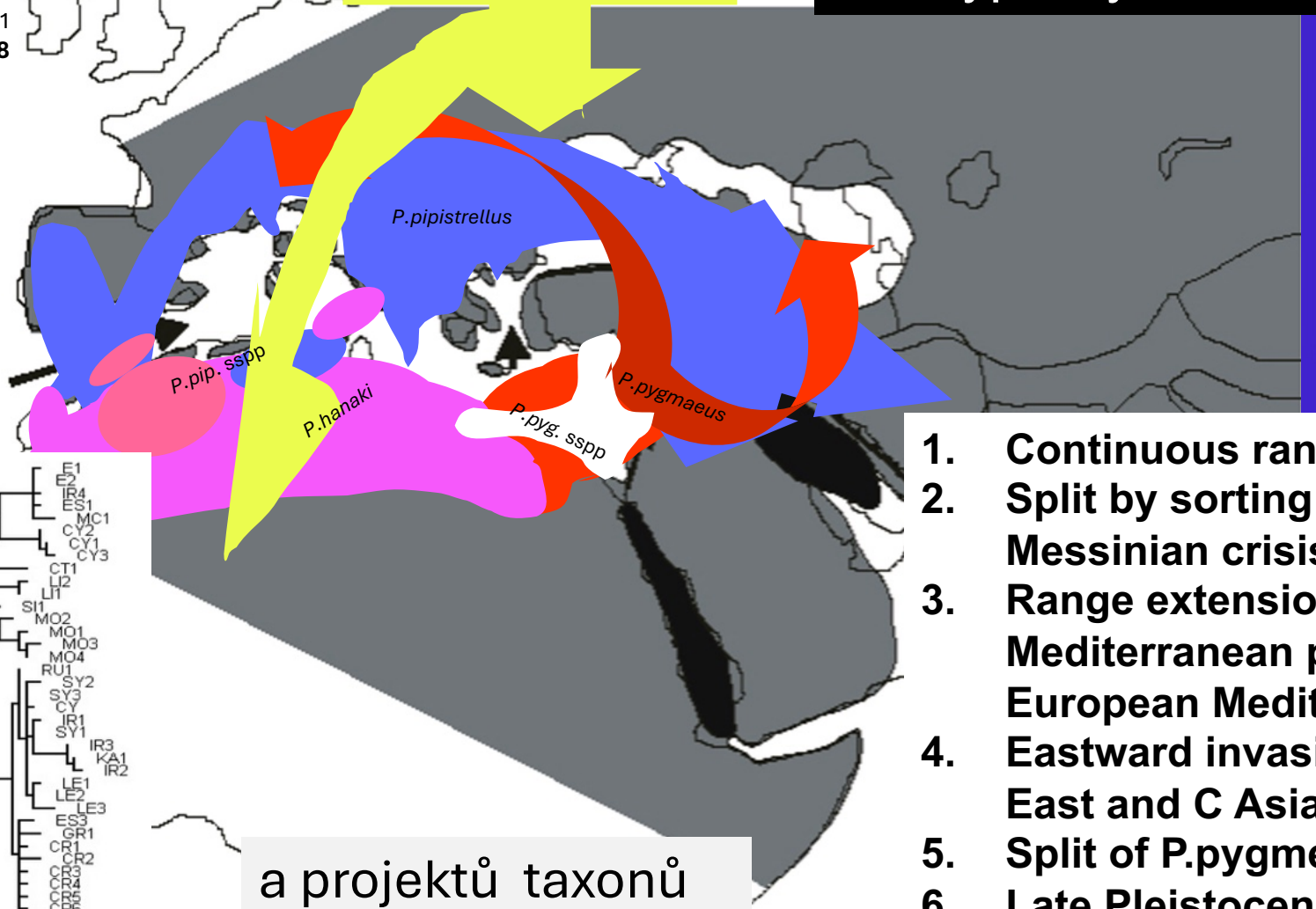
paper s	citations
Hulva et.al 2004	213
Hulva et al. 2007.	58
Hulva et al. 2010.	84
Benda et al. 2004.	81
Benda et al. 2007.	87
Evin et al. 2011.	41
Herdina et al. 2014.	27
Bogdanowic et al.2015.	61
celk. citací	**658**

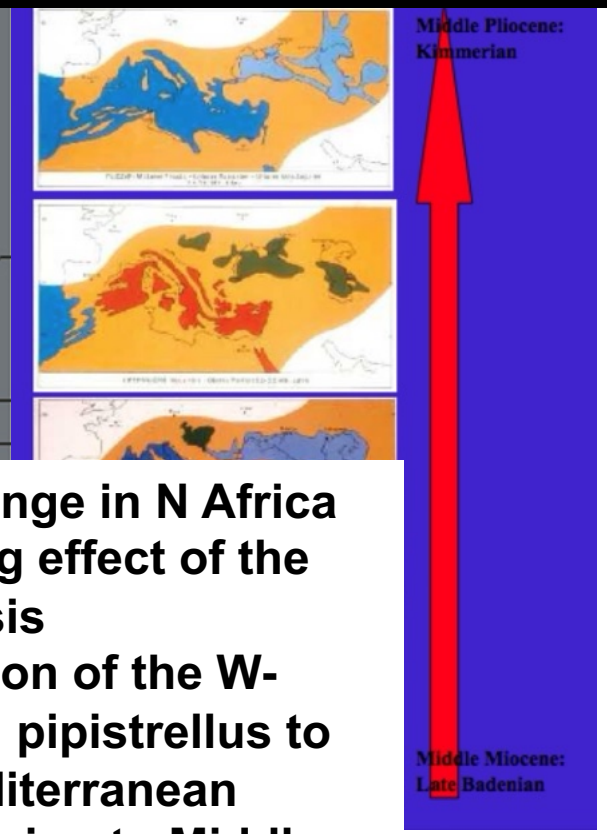
Messinian salinity crisis

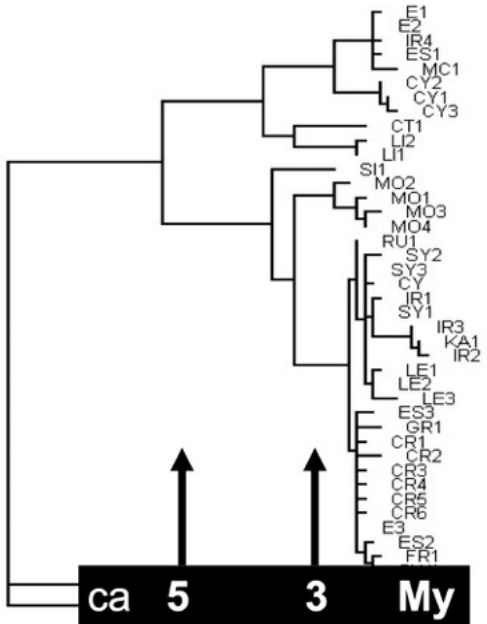
5-3 My

Paleobiogeographic scenario for *P.pipistrellus* group pionýrský projekt

rekonstrukce historie složitého komplexu kryptických druhů → inspirace návazných







a projektů taxonů palearktických

1. **Continuous range in N Africa**
2. **Split by sorting effect of the Messinian crisis**
3. **Range extension of the W-Mediterranean pipistrellus to European Mediterranean**
4. **Eastward invasion to Middle East and C Asia**
5. **Split of P.pygmeaus group**
6. **Late Pleistocene/Holocene northward expansion**

vzorový projekt připomínaný v řadě studií

→ Pavel Hulva – respektovaná osobnost molekulární fylogenetiky netopýrů:

příkladná obhajoba disertace (2006)s osobní pražskou přítomností prof. Emmy Teeling, světové no.1 oboru
a návazné návštěvy



zakládající člen konsorcia G10K a VGP

VERTEBRATE GENOMES PROJECT

A PROJECT OF THE G10K CONSORTIUM

terénní přírodovědec *par excellence*

osobnost mnoha zájmů,
s preferencí nevyzkoušených alternativ



včetně biologie kytovců!

...velkých šelem a kopytníků, ježků aj. neprávem opomíjených, jejich viriomů apod-

brilantně zvládající nečekané situace









Kypr 3.4.2005











objekt četných kontroversí (tu i cizozemských –Slovensko..) → mediální hvězda

profesor Karlovy university

















- v isolaci nezávislého myslitele
- v rustikální idyle Vysočiny a Beskyd

na výzkumu v Ethiop
(s doc. Bartoničkou

revokace velkých projekt
a plány dalšíc
...





kamarád, kolega, přítel, učitel

netopýři
netopýři





povaha
podivností



efekty
mesopredátorů



Bude nám moc, moc chybět ...