

Abstrakt

Prozkoumali jsme virom včel medonosných (*Apis mellifera*) prostřednictvím rozsáhlé metagenomické analýzy v rámci dvou hlavních projektů, zaměřených na stabilitu viromu a jeho dlouhodobé změny. První projekt, který zahrnoval 39 vzorků z České republiky, si kladl za cíl pochopit stabilitu viromu v rámci triplikátů, přičemž byly odhaleny různé virové složení včelích virů a výsledky byly publikovány v roce 2022. Druhý projekt rozšířil analýzu na 48 vzorků během tří let, kde jsme prozkoumali nové nástroje v bioinformatice virové metagenomiky, což vedlo k objevu nových DNA virů: *Apis mellifera* filamentous-like virus (AmFLV) a *Apis mellifera* nudivirus (AmNV), spolu s devíti novými genomy z rodiny Parvoviridae, předběžně pojmenovanými Bee densovirus 1 až 9. Dlouhodobá studie zdůraznila významnou variabilitu virové abundance, která může být ovlivněna faktory jako je expozice pesticidům. Rovněž byla provedena analýza porovnávací detekci virů pomocí proteomiky a metagenomiky. Tyto poznatky přispívají k pochopení dynamiky viromu včel medonosných a zdůrazňují potřebu pokračujícího výzkumu virových interakcí a jejich ekologických dopadů.

Klíčová slova: metagenomika, viry, včela, vMAGs