

Posudek na dizertační práci

Mgr. Dominiky Kadlečkové

Virom včely medonosné

Předkládaná práce má 66 stran plus citace, součástí jsou dvě prvoautorské publikace v recenzovaných časopisech s vyšším IF a jedna další spoluautorská publikace, která je tematicky propojena. První publikace již stihla za dva roky nasbírat 8 citací, což svědčí o její kvalitě a zajímavosti tématu.

Samotná práce má klasické rozdělení kapitol, výsledky jsou prezentovány především v publikacích, ve vlastním textu pak dizertace rozšiřuje a doplňuje, na co v článcích nebylo místo. Úvod je dobře a přehledně napsaný, je vidět, že autorka se orientuje v tématu. Počet citací je přiměřený a k věci. Všechna získaná data jsou k dispozici ve veřejných databázích, oceňuji, že další data jsou k dispozici i na githubu autorky. Ten by ale zasloužil trochu bohatší README, alespoň s popisem obsahu jednotlivých souborů.

Jedinou výhradu mám k obrázkům a grafům. Obrázky dělané v biorenderu jsou pěkné a vysvětlující, ale další grafika má nízkou úroveň. Fonty jsou často malé až nečitelné, typy grafů nejsou zvoleny pro daná data dobře, část obrázků měla původně jinou velikost a pro účely práce byly jednoduše zmenšeny nebo roztaženy bez zachování poměrů stran. Některé obrázky mají jenom minimální informační hodnotu a připadá mi, že tam jsou jenom jako expanzní materiál. Často chybí podrobnější vysvětlení, co na obrázku je. Je to škoda.

Celá práce a její výsledky jsou zajímavé a mají mezinárodní úroveň. Použité laboratorní metody a bioinformatické přístupy jsou na výborné úrovni. Definované cíle dizertační práce byly splněny. Během čtení jsem nenarazil na žádné známky plagiátorství.

Předloženou dizertační práci doporučuji k obhajobě.

V Praze 30. 8. 2024



Jan Pačes, Ph.D.

Ústav molekulární genetiky AV ČR

Vídeňská 1083, Praha

Otázky k obhajobě

Pro jednotlivé sestavené viry, zaznamenali jste nějaký polymorfismus? Dala by se tak případně analyzovat evoluce konkrétního viru?

Je známo, jakou cestou se šíří DWV a ostatní viry mezi jednotlivými včelami? Z virologického hlediska mě velmi překvapilo, že viromy jednotlivých včel ze stejného úlu neklastují, i když jsou geneticky takřka totožné a žijí ve stejném prostředí a těsném kontaktu. Očekával bych, že včely z jednoho úlu budou v danou sezónu infikované velmi podobně. V plánech do budoucna zmiňujete, že chcete sledovat změny viromů v čase v jednotlivých úlech, jak to plánujete metodicky, když se jednotlivé viromy včel tak liší?

Následují obrázky. Spíše než o otázky se jedná o poznámky k jednotlivým obrázkům pro autorku pro příště. Ale rád bych slyšel odpovědi nebo komentáře k obrázkům, které jsou zvýrazněné tučně:

Figure 11- Sourmash comparison for k-mer size 51

- Nepopsané barevné schéma stromu, asi jsou to klastry? Klastrování stromu v některých částech ne úplně koreluje s barevnou dynamikou v heatmapě, třeba v okolí 2020-VURV4. Zajímalo by mě proč?

Figure 12- Dimensionality reduction of gained high-quality vMAGs.

Figure 17- Dimensionality reduction for honey bee infecting high-quality vMAGs.

- Redukce dimenzí jakým způsobem? Asi PCA? Symboly jsou tak velké, že se navzájem překrývají a není pořádně vidět jednotlivé body.

Jaký je rozdíl v informačním obsahu mezi Fig. 13 a Fig. 15? Mě připadá, že je jenom zaměněné osa y a kategorie, ale že zobrazují stejná data.

Figure 14- Violin plot of observed species diversity (a další violin ploty)

- Jaký je význam čárkovaných spojovníků lokalit? Nedávalo by větší smysl spojovat mediány?

Figure 20- Viral heatmap of the top 20 high-quality vMAGs

Figure 22- Heatmap of DWV viruses

- Pro tři roky čtyři barvy?
- **Jaký je význam nebo co ukazuje hierarchické klastrování? Na ose Y jste chtěli zjistit podobnost jednotlivých vMAG? A na ose X?**

Figure 24- Phylogenetic analysis of LSV variants

- Jaký je význam růžových koleček ve stromu? Asi bootstrap, ale mělo by být popsáno.

Figure 26- The basic information about the new viruses.

- Obrázek "aby se neřeklo", není v něm žádná zajímavá informace, kterou by bylo potřeba vizualizovat.

Figure 21- Interpretation plots of SIAMCAT

- Přiznám se, že ani z textu ani z popisku jsem vůbec nepochopil, co jednotlivé části grafu a barvy znamenají. Možná, že tento typ výstupu je v metagenomické analýze velmi běžný, ale pro nezasvěceného čtenáře by byl potřeba detailnější popis.

Figure 27- Circos diagram of interactions between individual components.

- Circos je mocný vizualizační nástroj, ale tenhle obrázek se nepovedl. Chápu část s korelacemi, ale vůbec nerozumím vnější části grafu a čárám na obvodu. Text je v podstatě nečitelný.

Figure 28- Barplot of viral loads per group of the experiment

- Místo barplotů by byly výrazně vhodnější violinplots jako ve Fig 14. Obrázek je roztažen na výšku, přitom překreslit ho do správné velikosti je jednoduché.