

Posudek oponenta

Autor práce: Veronika Batková

Název práce: Bakteriální a houbová společenstva na povrchu ovoce

Typ práce: bakalářská

	Kritérium hodnocení	Hodnocení						nelze hodnotit
		A	B	C	D	E	F	
1	rozsah práce, vyváženost rozsahů jednotlivých částí a jejich strukturovanost	X						
2	kvalita literární rešerše (např. množství použitých původních pramenných zdrojů, vhodnost výběru)	X						
3	naplnění cílů podle zadání práce a poznatků z literární rešerše		X					
4	správnost a úplnost legend u obrázků a tabulek (např. srozumitelnost bez zřetele k ostatnímu textu, vysvětlení značek, jednotky uváděných veličin)		X					
5	správnost používání citačních odkazů (např. přítomnost necitovaných údajů, dodržování jednotného stylu citací)		X					
6	výstižnost souhrnu práce v českém a anglickém jazyce		X					
7	grafická úprava textu a obrázků		X					
8	jazyková a stylistická úroveň, respektování platné nomenklatury a terminologie			X				
9	volba vhodných experimentálních metod	X						
10	srozumitelnost a výstižnost popisu používaných metod		X					
11	úroveň zpracování experimentálních dat		X					
12	adekvátnost interpretace dílčích experimentálních dat			X				
13	diskuze (souhrn získaných výsledků a jejich začlenění do kontextu dosavadního výzkumu)			X				

Známka (A-F)	B
-----------------	---

Veronika Batková se ve své práci věnuje problematice mikrobiomu rostlin. V teoretické části, Literárním přehledu shrnuje informace o mikrobiomu rostlin, charakterizuje poznatky o jeho rhizobiomu a fylobiomu, včetně metod, které se používají k jeho studiu. Literární přehled bohužel obsahuje řadu stylistických neobratností, které ztěžují orientaci v textu, a také nepřesná použití anebo překlad termínů z angličtiny, anebo nejednotnost v odkazování na literární zdroje.

V praktické části se pak soustředí na detekci a identifikaci mikrobiálního spektra vyskytujícího se na povrchu plodů meruněk, porovnává mikrobiom meruňky vykazující hnědé skvrny a meruňky zdravé. Prezentuje dílčí výsledky detekce a identifikace hub v jejich exokarpu za použití high throughput

sekvenování za použití komerčního Swift Amplicon 16S+ITS kitu a Illumina platformy a přináší tak první poznatky o mikrobiomu plodů meruněk. Kvalitu praktická části bohužel snižuje celá řada stylistických neobratností a formálních nepochopení, na nichž se mohl podílet i specifický režim a tzv. proticovidová opatření a z toho důvodu i obtížnější komunikace s vedoucím práce. V rámci kapitoly výsledky jsou tytéž data prezentována formou textu, tabulky a čtyř grafů, přehlednosti by podle mého názoru napomohlo např. použití složeného grafu. Za nejslabší část práce považuji kapitolu diskuse, která má převážně charakter rozšířeného literárního přehledu.

Ke studentce mám několik komentářů a dotazů:

- Velmi často používáte termíny endofyt a epifyt jako synonymum pro houbu, vhodnější je spojení endofytická/epifytická houba; podobně není mykorhizní rostlina, ale mykorhizní houba; mikroorganismus není parazitární ale parazitický; parazitismus je v současnosti považován za extrémní formu symbiozy.
- V textu postrádám odkazy na některé tabulky, např. Tabulka 2, 4, 5 a chybný odkaz na Tabulku 6; Obrázek 10 – fotografie analyzovaných plodů by měl být zařazen buď v rámci podkapitoly biologický materiál anebo Výsledky; při identifikaci sekvencí pomocí algoritmu BLASTN není nutné v textu striktně uvádět coverage, tento metodický údaj výrazně snižuje přehlednost textu.
- Uvádíte, že důležitým důvodem ke studium mikrobiální diverzity je nedostatek znalostí o vyhynulých mikroorganismech. Znáte nějaké metody, přístupy, kterými by bylo možné vyhynulé mikroorganismy a jejich diverzitu studovat?
- V tabulce 8 uvádíte „očekávané“ velikosti amplikonů, jakým způsobem jste odvodila, že pokud bude amplikon o velikosti 710-850 bp, potom po jeho zaklonování do plazmidu pGEM-T a následné amplifikaci inzertu pomocí plazmidově specifických primerů M13F/R získáte amplikon o velikosti cca 800-900 bp?
- V práci používáte v souvislosti se skládáním sekvenačních výstupů, podle mého názoru chybně, termín „contig“ – mohla byste tento termín definovat a uvést jakým způsobem ho můžete při práci s výstupy z HTS-sekvenování získat?
- Pomocí konvenčního, Sangerova sekvenování, jste v případě obou klonovaných PCR amplikonů získala „contig“ o relativně velké délkové variabilitě, přestože jste zjistila, že původ/identita sekvencí je téměř totožný/á. Čím si tuto variabilitu vysvětlujete?
- V rámci analýzy sekvenčních readů, jste identifikovala jen 147 a 76 readů vykazujících identitu se známými houbami, čím si vysvětlujete jejich tak překvapivě nízkou frekvenci a relativně velký podíl neidentifikovaných readů?
- Jakým způsobem byste doporučila směřovat další experimenty a analýzy, aby byl získán signifikantnější soubor dat?

Veronika Batková přináší v rámci své bakalářské práce primární poznatky o mikrobiomu meruněk, které i přes vznesené připomínky považuji za hodnotné a přínosné.

Závěr: práci doporučuji k obhajobě

V Olomouci dne: 3.7.2020

Podpis:

Mgr. Dana Šafářová, Ph.D.