

# Abstrakt

Přestože již existuje účinná a bezpečná vakcína proti viru hepatitidy B, nemocnost a úmrtnost na tuto nemoc jsou stále vysoké. Klíčem k vývoji spolehlivé léčby je detailní znalost životního cyklu viru a funkcí všech jeho složek. V předkládané práci jsme zkoumali interaktoom kapsidového proteinu viru hepatitidy B. Použitím identifikační metody závislé na proximítní biotinylnaci (BioID) spojené s hmotnostní spektrometrií jsme identifikovali seznam potenciálních proteinových kandidátů, kteří jsou buď významně nabohaceni (celkem 105 proteinů) nebo méně zastoupeni v buňce v přítomnosti kapsidového proteinu HBV (40 proteinů). Seznam také zahrnuje známé proteiny interagující s kapsidovým proteinem HBV: SRPK1 a SRPK2 a protein p53, o jehož expresi je známo, že je potlačen v důsledku interakce kapsidového proteinu HBV s transkripčním faktorem E2F1. Mnoho z nově identifikovaných možných proteinů interagujících s kapsidovým proteinem HBV se podílí na biologických procesech, u kterých je již známo nebo u nichž existuje podezření, že jsou ovlivněny HBV, jako jsou translační a transportní procesy nebo genová exprese a produkce makromolekul. Tato práce komplexně charakterizuje interaktoom kapsidového proteinu HBV v živých buňkách a může tedy sloužit jako spolehlivý začátek pro hloubkovou analýzu interakce HBV-hostitel.

Klíčová slova: HBV, HBc, kapsidový protein, proximítní biotinylnace