

## Abstrakt:

Dermatofyty jsou skupina hub, z nichž některé mohou díky své schopnosti rozkládat keratinizovanou tkáň způsobovat onemocnění kůže u lidí i zvířat. Mezi zástupce této skupiny patří také kmeny komplexu *Trichophyton benhamiae*, známí původci dermatofytóz zejména drobných hlodavců a králíků. V poslední dekádě se jedna ze čtyř populací tohoto komplexu epidemicky šíří Evropou mezi morčaty a jejich chovateli. Aby mohla být zodpovězena otázka, co stojí za úspěšným šířením této populace, byla zkoumána genová exprese a produkce volatilních organických látek epidemické a neepidemických populací *T. benhamiae*. Genová exprese tří kmenů od každé populace byla studována při růstu v tekutém médiu a na *ex vivo* myších kožních modelech připravených podle nově optimalizovaného protokolu. Pro analýzu genové exprese byly zvoleny metody RNAseq a RT-qPCR. Na základě literatury a výsledků předběžné analýzy RNAseq bylo vybráno několik genů, pro které byly navrženy specifické primery. Spektra produkovaných volatilních organických látek stejných kmenů rostoucích na ovčí vlně ve vialkách byla analyzována metodou GC-MS. Zatímco neepidemické populace se v genové expresi a produkci volatilních organických látek nelišily, epidemická populace se ukázala být odlišná od ostatních zástupců studovaných skupin. Podle získaných dat epidemičtí zástupci zřejmě lépe odolávají stresu a investují více energie do sekundárního metabolismu spíše než do metabolismu primárního. Tato práce zároveň poukazuje na několik nových potenciálních faktorů virulence, např. na katalázu EasC, protein s fasciclinovou doménou a na volatilní látky s vysokým bioaktivním potenciálem, které mohou být uplatněny mimo jiné pro identifikaci epidemické populace v klinické praxi.