

Lidské tělo je hojně osídleno nejrůznějšími mikroorganismy. Tyto mikroorganismy tvoří ucelená společenství, které v kontaktu s konkrétními lidskými orgány vytváří tzv. mikrobiomy. Každý mikrobiom je unikátní ve svém složení. Studium mikrobiomů napomáhá nejen odhalit jejich složení, ale i pochopit komplexní interakce, které vznikají mezi mikroorganismy a člověkem. Metody analýzy mikrobiomů se stále zlepšují. Ke studiu mikrobiomů se v současnosti nejvíce používá sekvenování nové generace, které například napomáhá identifikovat jednotlivé zástupce, kteří se v mikrobiomech vyskytují. Je již známo, že bakterie rodu *Lactobacillus* u většiny žen tvoří dominantní složku zdravého vaginálního mikrobiomu. Zdravý vaginální mikrobiom má nezastupitelný význam v udržování homeostáze a správného fungování urogenitálního traktu žen. Hraje také důležitou roli v jeho ochraně před patogenními agens. Mezi tyto patogenní agens patří viry, bakterie, archea a eukaryota. V rámci této bakalářské práce je vybráno několik zástupců z domén Bacteria a Eukaryota, kteří primárně napadají urogenitální trakt žen. Dle statistických odhadů vyplývá, že *Trichomonas vaginalis* je celosvětově nejrozšířenějším patogenním agens urogenitálního traktu žen, a proto je studium obranyschopnosti vaginálního mikrobiomu vůči tomuto parazitovi velmi důležité. U všech vybraných zástupců jsou popsány mechanismy patogeneze a jejich vliv na vaginální mikrobiom v průběhu infekce.