

Abstrakt

Práce se zabývá systémovými píky v proteinové čipové elektroforéze. Cílem práce bylo navrhnout vhodná separační prostředí s ohledem na pozice a počty systémových píků.

Teoretický úvod se věnuje procesům odehrávajícím se při separaci proteinů metodou SDS-PAGE, její miniaturizaci a podává přehled současných aplikací této metody. Dále je stručně shrnuta problematika systémových zón.

Systémové píky byly sledovány ve třech separačních systémech. Chování systémových zón bylo nejprve vyšetřeno teoreticky v programu PeakMaster a získané výsledky byly ověřeny experimentálně na přístroji Agilent 2100 Bioanalyzer.

V experimentech byl zaznamenán větší počet systémových píků, než odpovídalo teoretickému složení systémů. Vzhledem k této skutečnosti nebylo možné zcela ztotožnit výsledky PeakMasteru s reálnými experimenty.