

ABSTRAKT

Trichomonas vaginalis je lidský parazit, který ročně ohrožuje přibližně 258 milionů lidí. U tohoto parazita byla popsána organela mitochondriálního původu nazvaná hydrogenosom, která je schopná vytvářet energii v podobě ATP za anaerobních podmínek. Zkoumání a popisování nových proteinů, vyskytujících se v této organelce, může přispět k objevení nových cílů pro antiparazitární léčbu. Zároveň nám tento výzkum pomůže porozumět fungování a evolučnímu původu této odvozené organely. Dostupnost již popsaných protokolů pro izolaci hydrogenosomů společně s kompletně zmapovaným genomem *T. vaginalis* umožňuje studovat tyto organely pomocí moderních metod hmotnostní spektrometrie a bioinformatických analýz. V rámci našeho výzkumu jsme použili různé přístupy umožňující popsat proteiny v těchto organelách. Jednalo se o transkriptomické a proteomické analýzy zjišťující buněčnou odpověď parazita *T. vaginalis* na změny koncentrace železa v prostředí. A dále změny v obsahu proteinů hydrogenosomů u *T. vaginalis* rezistentních na metronidazol. Organely byly v obou případech izolovány pomocí diferenciální centrifugace gradientu OptiPrepu. Takto připravené hydrogenosomy byly analyzovány hmotnostním spektrometrem pomocí nano-RP-HPLC/MALDI-TOF/TOF. Zároveň jsme pomocí Tritonu X-114 oddělili membránové a matrixové proteiny a značením iTRAQ tyto frakce analyzovali. K potvrzení hydrogenosomální lokalizace identifikovaných proteinů jsme použili 5 různých bioinformatických programů jako PSORT II, TargetP, Euk-mPLoc 2.0, Yloc a Hunter. Tato studie přináší důležitý příspěvek k porozumění těchto organel.