

Abstrakt

V první části práce byl zjišťován původ vybraných povrchových CD znaků člověka, konkrétně molekul CD19, CD20, CD21, CD24, CD27 a CD38. Dále byly v práci mezidruhově porovnávány sekvence nukleotidů a aminokyselin těchto molekul pomocí *in silico* přístupu. Využity byly bioinformatické databáze sekvencí vybraných molekul na úrovni DNA, mRNA a proteinu, například GeneBank, NCBI BLAST, Homologene a OrthoDB. Záměrem bylo na doménové úrovni identifikovat nejpůvodnější organismy, u nichž lze sledovaný protein poprvé nalézt. V N-koncové doméně molekuly CD38 ptáků byla nalezena sekvence vykazující významnou podobnost s archebakteriální flagelinovou doménou. Tato flagelinová sekvence se u ptačí molekuly CD38 nachází v oblasti transmembránové domény, což naznačuje, že výskyt této sekvence mohl se vznikem transmembránové domény souviset. Použitý postup by bylo možné zařadit do komparativních hybridizačních studií jako nástroj v přípravné nelaboratorní fázi výzkumu existence paralogů a ortologů u fylogeneticky starých druhů.

Klíčová slova: CD znak, imunocyt, B lymfocyt, vrozená a adaptivní imunita, databáze sekvencí, aminokyselina, nukleotid