

Abstrakt

Rod schistosoma je jednou z nejvíce studovaných skupin helmintů vzhledem k významu některých zástupců z hlediska humánní a veterinární medicíny. Rozvoj moderních sekvenačních technologií a se stále se zdokonalující výpočetní technika umožnily globální pohled na molekulární biologii schistosom za použití genomiky a transkriptomiky. Dosud byla pozornost předních vědeckých týmů zabývajících se schistosomózou zaměřena na významné lidské patogeny *Schistosoma mansoni*, *Schistosoma japonicum* a *Schistosoma haematobium*. Ostatní zástupci čeledi Schistosomatidae byli z hlediska molekulární biologie/biochemie většinou opomíjeni a výzkum byl zaměřen především na jednotlivé geny/molekuly, bez celkového přehledu.

Předkládaná práce prezentuje komplexní transkriptomickou analýzu ptačích schistosom - neurotropní *Trichobilharzia regenti* a viscerální *Trichobilharzia szidati* během nákazy kachny jakožto definitivního hostitele. Zatímco *T. szidati* využívá běžnou viscerální migraci (stejně jako lidské schistosomy), *T. regenti* využívá k migraci periferní nervy a centrální nervovou soustavu. Způsob neurotropní migrace je mezi schistosomami unikátní a také velmi vzácný v rámci všech helmintů. Práce se zaměřuje na molekulární mechanismy spojené s viscerální a neurotropní životní strategií obou druhů pomocí transkriptomické analýzy dvou vývojových stádií – cercárií (volně žijící stadium) a schistosomul (parazitické stadium).

Naše práce začala transkriptomovou analýzou cercárií a schistosomul neurotropní *T. regenti*, která vedla k identifikaci biologických drah a proteinových skupin důležitých pro každé vývojové stadium se zaměřením na stadium schistosomuly

(publikace č. 1). Aby bylo možné identifikovat molekulární mechanismy spojené s neurotropním chováním schistosomul *T. regenti*, provedli jsme analýzu transkriptomu viscerální schistosomy *T. szidati* a provedli mezidruhovou srovnávací analýzu. Identifikovali jsme řadu procesů, které mohou být spojeny s viscerální a neurotropní schistosomózou (publikace č. 2). Třetí autorský článek je zaměřen na funkční charakteristiku významné peptidázy *T. regenti* - cathepsinu B, včetně detailní analýzy genové exprese jednotlivých isoform (publikace č. 3).