

## Abstrakt

Cílem této práce bylo provedení analýzy proteinového složení mouk a pečiva z různých druhů rostlin pomocí metody peptidového mapování. Vzorky byly analyzovány metodami LC/ESI-Q-TOF a výsledná spektra byla porovnána s dostupnými databázemi rostlinných proteinů. Původ nalezených rostlin byl diskutován z hlediska spolehlivosti metody v dané skupině i s ohledem na taxonomické vztahy. Výsledky analýz byly srovnány se složením deklarovaným výrobcem a bylo zhodnoceno, zda u daného typu výrobku lze použitou metodikou verifikovat toto složení.

V případě kukuřice seté (*Zea mays*) byla tato metoda shledána jako spolehlivá, ve výsledku kukuřičného výrobku byly nalezeny pouze proteiny z kukuřice. U rýže seté (*Oryza sativa*) a hrachu setého (*Pisum sativum*) byly nalezen jeden, respektive dva proteiny z rostliny jiného původu, ale přesto lze metodiku i v těchto případech považovat rovněž za spolehlivou. U obilovin byla použitá metodika shledána jako méně spolehlivá, lze sice dobře rozlišit, že vzorek pochází z lipnicovitých rostlin (*Poaceae*), ale v nižších taxonomických jednotkách (už od taxonu rodu) nelze původ proteinů deklarovat. Tato skutečnost je v práci široce diskutována, příčina pravděpodobně spočívá v přílišné příbuznosti jednotlivých lipnicovitých rostlin – identifikace proteinu ze společné části genomu (a proteomu) naráží na limity metody.

**klíčová slova:** metoda proteinového mapování, mouka, pečivo, pšenice, žito, kukuřice, rýže