

Abstrakt

Železo-sírné klastry jsou kofaktory celé řady významných proteinů. Pro studium syntézy těchto klastrů se využívají především modelové organismy typu *Saccharomyces cerevisiae*, *Homo sapiens* a v poslední době také *Trypanosoma brucei*. U *Trichomonas vaginalis*, anaerobního prvoka, který parazituje v urogenitálním traktu lidí, však nebylo toto téma studováno více do hloubky. *T. vaginalis* patří mezi anaeroby, jejichž mitochondrie byla redukována na hydrogenosom. V této organelle již byly identifikované některé komponenty ISC dráhy pro syntézu klastrů, zatímco proteiny, které se účastní CIA dráhy v cytosolu, nebyly u *T. vaginalis* doposud charakterizovány.

Tato práce se zabývá především TvIscU, jedním z hlavních proteinů ISC dráhy, a dále také komponenty CIA dráhy. Oba dva typy syntézy klastrů, jak v hydrogenosomech tak i v cytosolu, se zásadně liší od typického modelu založeném na studiu *S. cerevisiae*. V této práci jsme studovali hypotetické funkční propojení ISC-CIA systému. Dále jsme identifikovali homology k charakterizovaným proteinům účastnících se CIA dráhy. Konkrétně jsme identifikovali Nbp35, Cfd1, Nar1, Cia1 a Cia2, avšak nenalezli jsme proteiny homologní pro Tah18, Dre2 a Mms19. Nalezené proteiny jsme v *T. vaginalis* exprimovali značené Ha-tagem a lokalizovali je v buněčných frakcích a pomocí imunofluorescenční mikroskopie. Dále jsme imunoprecipitovali dva paralogy Cfd1 proteinu a analyzovali s nimi interagující proteiny. Předběžné výsledky naznačují, že tyto proteiny interagují spolu, namísto jejich obecně známého interakčního partnera proteinu Nbp35.