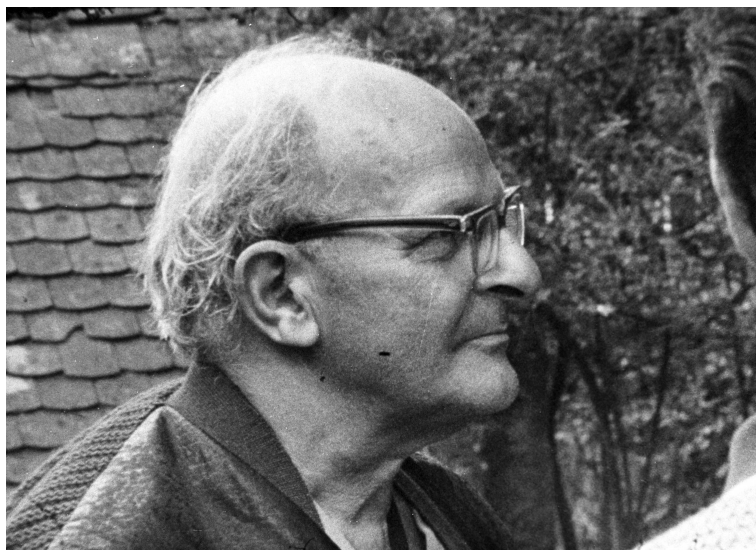


42. Jírovcovy protozoologické dny

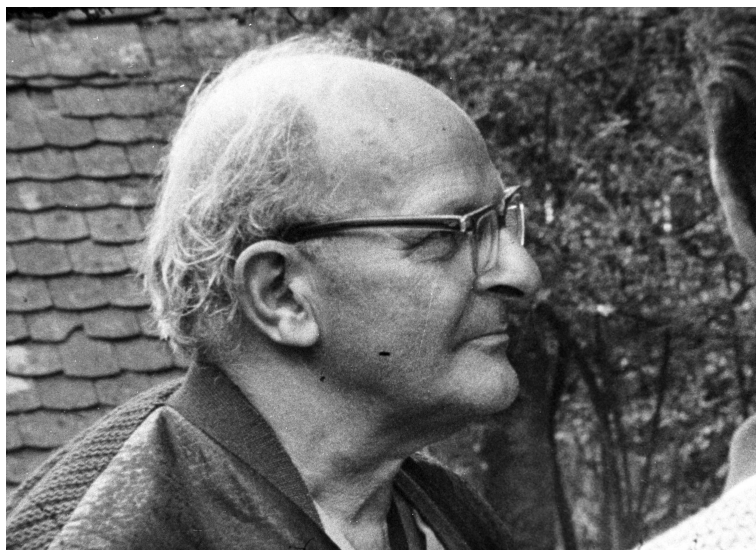
Sborník z konference



Univerzita Karlova v Praze, Přírodovědecká fakulta
Praha 2012

42. Jírovcovy protozoologické dny

Sborník z konference



Univerzita Karlova v Praze, Přírodovědecká fakulta
Praha 2012

42. Jírovcovy protozoologické dny

Sborník z konference

Tato publikace neprošla jazykovou úpravou.

© Univerzita Karlova v Praze, Přírodovědecká fakulta, 2012

ISBN: 978-80-7444-014-4

Obsah

Úvodní slovo	4
Historie protozoologických setkání	5
Seznam účastníků	6
Program 42. Jírovcových protozoologických dnů	11
Abstrakta konferenčních příspěvků	17
Sponzoři konference	61

Úvodní slovo

Vážení přátelé české protozoologie,

v lednu tohoto roku jsme si připomněli 105. výročí narození a v březnu bohužel již i 40 let od smrti vynikajícího a světově proslulého českého parazitologa a protozoologa, prof. Otto Jírovce. Právě profesor Jírovec stál v roce 1964 u založení Protozoologické sekce v rámci Československé zoologické společnosti při ČSAV. Otto Jírovec se zároveň stal i prvním předsedou Protozoologické sekce. Časem se sice změnila její příslušnost, stala se součástí České parazitologické společnosti, tradice pravidelných setkání (pojmenovaných na počest Otto Jírovce Jírovcovy protozoologické dny) však trvá i dnes. Letos mám tu čest, abych byl hlavním organizátorem již 42. Jírovcových protozoologických dní, které se uskuteční nedaleko Humpolce, ve vesničce Kletečná. Čeká nás 45 příspěvků dokládající současou světovou úroveň české i slovenské protozoologie i obrovský pokrok, který se od založení Protozoologické sekce v této oblasti odehrál. Kdo by si před 50 lety dokázal představit, že budeme schopni tak hlubokého vhledu do mikrosvěta a fungování buněk jako takových.

Přeji Vám příjemný pobyt, hodně nabytých znalostí a hlavně mnoho zábavy při našem 42. setkání.

Tomáš Pánek

Historie protozoologických setkání

Protozoologové byli přirozenými členy Československé zoologické společnosti od jejího založení v roce 1927. Tak, jak to bylo dlouho takto obvyklé. Všichni patřili do jedné zoologické rodiny.

Postupně se však společnost rozrůžňovala. Tak jako podobné společnosti světově. Jednotlivé obory se stále více vyhraňovaly a sílily a v roce 1964 byla v rámci společnosti ustavena samostatná protozoologická sekce. Po léta to tak trvalo. Na zoologických sjezdech společnosti měla sekce samostatný program a byla pro ni vždy vyhrazena místnost a čas. Zoologické sjezdy se konaly však jen jednou za tři roky a my měli chuť se vídat a setkávat častěji. Začátkem sedmdesátých let tak vznikla myšlenka pořádat naše setkání každoročně. Zatím mezi sjezdy. Nakonec se ale sekce od sjezdů zcela osamostatnila a pořádala vlastní „Protozoologické dny“. A aby účastníci nebyli příliš rozptýlováni svody okolí a žili chvíli pospolitě, konali se vždy mimo velká městská centra v menších místech, zpravidla rekreačních objektech. V roce 1971 tak byli takto uspořádány první dny na blatenské výzkumné stanici. O rok později v Nižboru a třetí v roce 1974 (v roce 1973 se konal zoologický sjezd) na hradě Kost. Od té doby byl včele sekce vždy triumvirát členů, z nichž jeden byl předseda. Ten následující rok skončil a za něho byl zvolen člen nový. Předsedou se stal pak člen, který byl ve výboru již dva roky.

O všech zmíněných a dalších setkáních byla pečlivě vedena kronika, která při pořádání dnů v Jáchymově v roce 1978 byla nějak ztracena či zašantročena a tak současná je vedená až od uvedeného roku. Dnů se začali zúčastňovat též zahraniční hosté. Až do roku 1994 tato sekce existovala pod křídly ČZS, která hojně přispívala na konání dnů, které by bez její finanční pomoci nemohly být v oné míře konány. Členy sekce byli nejen protozoologové zabývající se prvky cizopasnými, ale i volně žijícími. Těch byla však výrazná menšina, a tak v roce 1994 tehdejší vedení sekce celkem logicky sekci z ČZS vyjmul a převedlo mezi parazitology do České parazitologické společnosti. „Protozoologické dny“ byly v roce 1988 přejmenovány na „Jírovcovy protozoologické dny“ a tento stav trvá nadále.

Josef Chalupský

Seznam účastníků

Jméno	E-mail	Pracoviště
Bartošová Pavla	bartosova@paru.cas.cz	Institute of Parasitology, Biology Centre, ASCR, České Budějovice
Čepička Ivan	ivan.cepicka@centrum.cz	Department of Zoology, Faculty of Science, Charles University in Prague
Dobáková Eva	dobakova@fns.uniba.sk	Department of Genetics, Faculty of Natural Sciences, Comenius University, Bratislava
Doležal Pavel	pavel.dolezal@natur.cuni.cz	Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University in Prague
Eliáš Marek	melias@natur.cuni.cz	Department of Biology and Ecology, University of Ostrava, Ostrava
Fiala Ivan	fiala@paru.cas.cz	Institute of Parasitology, Biology Centre, ASCR, České Budějovice
Gnipová Anna	gnipova@gmail.com	Faculty of Science, Comenius University, Bratislava; Institute of Parasitology, Biology Centre, ASCR, České Budějovice
Hampl Vladimír	vlada@natur.cuni.cz	Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University in Prague
Holzer Astrid	astrid.holzer@paru.cas.cz	Institute of Parasitology, Biology Centre, ASCR, České Budějovice
Horák Aleš	ogar@paru.cas.cz	Biology Centre, ASCR; Faculty of Sciences, University of South Bohemia, České Budějovice; Department of Botany, University of British Columbia, Vancouver, Canada
Horváth Anton	horvath@fns.uniba.sk	Faculty of Science, Comenius University, Bratislava
Hostomská Jitka	jitka.hostomska@centrum.cz	Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University in Prague
Hrdá Štěpánka	hrdastepa@seznam.cz	Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University in Prague

Pokračování na další straně

SEZNAM ÚČASTNÍKŮ

Pokračování z předchozí strany

Jméno	E-mail	Pracoviště
Hrdý Ivan	hrdy@cesnet.cz	Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University in Prague
Juránková Jana	yanniska@seznam.cz	Department of Pathology and Parasitology, University of Veterinary and Pharmaceutical Sciences, Brno
Kodádková Alena	alena.kodadkova@gmail.cz	Biology Centre, ASCR; Faculty of Sciences, University of South Bohemia, České Budějovice
Kostka Martin	mkostka@centrum.cz	Biology Centre, ASCR; Faculty of Sciences, University of South Bohemia, České Budějovice
Kováčová Bianka	bian.kovacova@gmail.com	Department of Biochemistry, Faculty of Natural Sciences, Comenius University, Bratislava
Kovářová Julie	julie.k@email.cz	Biology Centre, ASCR; Faculty of Sciences, University of South Bohemia, České Budějovice
Krajčovic JuraJ	krajcovic@fns.uniba.sk	Department of Genetics, Faculty of Natural Sciences, Comenius University, Bratislava
Kručinská Jitka	jitka.krucinska@gmail.com	Biology Centre, ASCR; Faculty of Sciences, University of South Bohemia, České Budějovice
Kubelová Michaela	Michaela.Cermakova@seznam.cz	Department of Biology and Wildlife Diseases, University of Veterinary and Pharmaceutical Sciences, Brno
Kulda Jaroslav	jaroslav.kulda@natur.cuni.cz	Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University in Prague
Kváč Martin	kvac@paru.cas.cz	Biology Centre, ASCR; Faculty of Agriculture, University of South Bohemia, České Budějovice
Mach Jan	machjan1@gmail.com	Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University in Prague
Merva Oliver	oliver@merva.cz	Department of Tropical Medicine, 1 st Medical Faculty, Charles University in Prague

Pokračování na další straně

SEZNAM ÚČASTNÍKŮ

Pokračování z předchozí strany

Jméno	E-mail	Pracoviště
Mynářová Anna	anna.mynarova@seznam.cz	Faculty of Science, University of South Bohemia, České Budějovice
Najdrová Vladimíra	najdrova.vladimira@seznam.cz	Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University in Prague
Novák Lukáš	niun42@gmail.com	Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University in Prague
Oborník Miroslav	obornik@paru.cas.cz	Institute of Parasitology, Biology Centre, ASCR; Faculty of Science, University of South Bohemia, České Budějovice
Pánek Tomáš	mistrpanek@seznam.cz	Department of Zoology, Faculty of Science, Charles University in Prague
Petrů Markéta	mspetru@gmail.com	Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University in Prague
Poliak Pavel	pavel.poliak@centrum.cz	Institute of Parasitology, Biology Centre, ASCR; Faculty of Science, University of South Bohemia, České Budějovice
Ptáčková Eliška	eliska.ptackova@centrum.cz	Department of Zoology, Faculty of Science, Charles University in Prague
Pyrih Jan	jan.pyrih@gmail.com	Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University in Prague
Rada Petr	radapetr81@gmail.com	Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University in Prague
Rettich František	rettich@szu.cz	National Institute of Public Health, Prague
Roubalová Eva	roubalova@paru.cas.cz	Biology Centre, ASCR; Faculty of Science, University of South Bohemia, České Budějovice
Rýdlová Eva	ivanarydlova@hotmail.cz	Faculty of Natural Sciences, Comenius University, Bratislava
Skalický Tomáš	Tomas.skalicky@seznam.cz	Biology Centre, ASCR; Faculty of Science, University of South Bohemia, České Budějovice

Pokračování na další straně

SEZNAM ÚČASTNÍKŮ

Pokračování z předchozí strany

Jméno	E-mail	Pracoviště
Smejkalová Pavla	pvl.smejkalova@seznam.cz	Department of Parasitology, Department of Zoology, Faculty of Science, Charles University in Prague
Soukal Petr	278120@centrum.cz	Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University in Prague
Szabová Jana	janca.sz@centrum.cz	Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University in Prague
Šubrtová Karolína	caroli@paru.cas.cz	Biology Centre, ASCR; Faculty of Science, University of South Bohemia, České Budějovice
Táborský Petr	taborsky.1988@gmail.com	Department of Zoology, Faculty of Science, Charles University in Prague
Ťápal Jiří	tapal.jiri@gmail.com	Biology Centre, ASCR; Faculty of Science, University of South Bohemia, České Budějovice
Tomčala Aleš	a.tomcala@centrum.cz	Institute of Parasitology, Biology Centre, ASCR, České Budějovice
Týč Jiří	Imejl.xyz@centrum.cz	Biology Centre, ASCR; Faculty of Science, University of South Bohemia, České Budějovice
Uzlíková Magda	muzli@lf1.cuni.cz	Department of Tropical Medicine, 1 st Medical Faculty, Charles University in Prague
Vacek Vojtěch	messr@centrum.cz	Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University in Prague
Vanclová Anna	vanclova@gmail.com	Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University in Prague
Vďačný Peter	vdacny@fns.uniba.sk	Department of Zoology, Faculty of Natural Sciences, Comenius University, Bratislava
Veselíková Michaela	veselmi@centrum.cz	Biology Centre, ASCR; Faculty of Science, University of South Bohemia, České Budějovice

Pokračování na další straně

SEZNAM ÚČASTNÍKŮ

Pokračování z předchozí strany

Jméno	E-mail	Pracoviště
Vesteg Matej	vesteg@fns.uniba.sk	Department of Genetics, Faculty of Natural Sciences, Comenius University, Bratislava
Voleman Luboš	lubos.voleman@gmail.com	Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University in Prague
Zedníková Věra	vera.zednikova@centrum.cz	Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University in Prague
Zubáčová Zuzana	zubacova@yahoo.com	Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University in Prague
Žárský Vojtěch	zarsky1@gmail.com	Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University in Prague

Program 42. Jírovcových protozoologických dnů

Pondělí 7.5.2012	
16:00	Registrace
18:00	Večeře

Úterý 8.5.2012 (18 přednášek)	
8:00	<i>Snídaně</i>
9:00	Zahájení 42. Jírovcových protozoologických dnů
9:10	<u>Jaroslav Kulda</u> a Eva Nohýnková: Cytoskelet a jádra giardií v průběhu životního cyklu
Biodiverzita, fylogeneze a systematika protozoí	
9:40	<u>Pavla Bartošová</u> , Astrid Sibylle Holzer: The Enigmatic Parasite <i>Budendbrockia</i> sp. in Czech Ponds and the Diversity and Evolution of Malacosporeans (Myxozoa)
10:00	Vít Céza, Jeffrey D. Silberman, František Štáhlavský, <u>Ivan Čepička</u> : Nečekaná diverzita volně žijících trichomonád
10:20	Eliška Šrámová, Kristýna K. Novotná, Pavla Smejkalová, Ivan Čepička, <u>Vladimír Hampl</u> : Evoluce genetického kódu a taxonomie oxymonád
10:40	<i>Coffee break</i>
Molekulární biologie protozoí	
10:55	<u>Marek Elias</u> , Vladimír Klimeš, Jan Fousek, Cestmir Vlcek, B. Franz Lang: The genome sequencing project for the soil flagellate <i>Andalucia godoyi</i> (Excavata: Jakobida)
11:20	<u>Jan Mach</u> , Pavel Poliak, Anna Matuskova, Jiri Janata, Julius Lukes, Jan Tachezy: Mitochondrial processing peptidase of <i>Trypanosoma brucei</i>
11:40	<u>Pavel Poliak</u> , Jan Mach, Jan Tachezy, Julius Lukeš: Mitochondrial processing peptidases in <i>Trypanosoma brucei</i>
12:00	<u>Luboš Voleman</u> , Eva Martincová, Vladimíra Najdrová, Pavel Doležal: Využití halotag technologie pro živé zobrazení mitosomů a hydrogenosomů
12:20	<i>Oběd</i>

PROGRAM 42. JÍROVCOVÝCH PROTOZOOLOGICKÝCH DNŮ

Biodiverzita, fylogeneze a systematika protozoí	
13:30	Takishita K, Kolisko M, Komatsuzaki H, Yabuki A, Inagakid Y, Čepička I, Smejkalová P, Ptáčková E, Silberman JD, Hashimoto T, Roger AJ, and Simpson AGB: The first multigene analysis of Fornicata
13:50	<u>Jana Szabová</u> , Vladimír Hampl: Evolúcia a distribúcia MAT a MATX génov v skupine Euglenida
14:10	Štěpánka Hrdá, Jan Fousek, Jana Szabová, Vladimír Hampl, Čestmír Vlček: Kompletní mapa chloroplastového genomu zelené řasy <i>Eutryptiella gymnastica</i>
14:30	<i>Coffee break</i>
Buněčná biologie protozoí	
14:45	<u>Magdalena Uzlíková</u> , Eva Nohýnková: Efekt metronidazolu na DNA a buněčný cyklus giardií
15:05	<u>Karolína Šubrtová</u> , Brian Panicucci, Alena Zíková: Functional Analysis of a Novel and Essential Subunit of the F₀F₁-ATP Synthase in <i>Trypanosoma brucei</i>
15:25	<u>Markéta Petrů</u> , Elizabeth Hartland, Vojtěch Žárský, Pavel Doležal: SNARE protein v patogenní bakterii <i>Legionella pneumophila</i>
Veterinární a humánní protozoologie	
15:45	<u>Michaela Kubelová</u> , Pavel Široký: Bojíte se psí babesiozy?
16:05	<i>Coffee break</i>
Molekulární a buněčná biologie protozoí	
16:20	<u>Petr Rada</u> , Ivan Hrdý, Jan Tachezy: Enzymy glykolýzy u hydroge-nosomů trichomonád
16:40	<u>Novák Lukáš</u> , Zubáčová Zuzana, Hlavačková Jitka, Fousek Jan, Vlček Čestmír, Hampl Vladimír: SUF systém syntézy Fe-S center u rodů <i>Monocercomonoides</i> a <i>Trimastix</i>
17:00	<u>Michaela Veselíková</u> , Brian Panicucci, Alena Zíková: Exploring the True Function of a <i>Leishmania</i> Protein that Affects Parasite Virulence
17:20	<i>Coffee break</i>
17:30	Promítání: Z historie Protozoologických dnů (Česko-francouzské sympóziu)
18:00	<i>Večeře</i>
19:10	Zasedání Protozoologické sekce

PROGRAM 42. JÍROVCOVÝCH PROTOZOOLOGICKÝCH DNŮ

Středa 9.5.2012 (8 přednášek + 2 prezentace sponzorů)	
8:00	<i>Snídaně</i>
Biodiverzita, fylogeneze a systematika protozoí	
9:00	Petr Tábořský, Tomáš Pánek, Ivan Čepička: Po stopách anaerobních jakobidů
9:20	Petr Soukal, Martin Kostka, Vladimír Hampl: Database of orthologue groups of proteins of Archaea, Eubacteria and Eukaryota
9:40	Skalický Tomáš, Flegontov P, Votýpka J, Suková E, Penin A, Logacheva M, Archibald J, Onodera N, Tanifuji G, Lukeš J: Whole genome analysis of a new basal trypanosomatid and its importance for the evolution of the family Trypanosomatidae
10:00	<i>Coffee break</i>
Molekulární biologie protozoí	
10:15	Jan Pyrih, Karel Harant, Eva Martincová, Ivan Hrdý, Jan Tachezy: Hem v buňce <i>Giardia intestinalis</i>
10:35	Jiří Týč, Tomáš Skalický, Somsuvro Basu, Julius Lukeš: Mitochondrial chaperone and mitochondrial DNA
10:55	Prezentace sponzora: EastPort (David Chab: Klonování s pGEM-T Easy: jak na to, když to není zrovna moc Easy)
11:05	Prezentace sponzora: KRD (Jiří Vašák: Téma bude upřesněno)
11:15	<i>Coffee break</i>
Veterinární a humánní protozoologie	
11:30	Anna Mynářová, Bohumil Sak, Klára Petrželková, Dana Květoňová, Kateřina Pomajbíková, David Modrý, Barbora Kalousová, Martin Kváč: Diversity of <i>Cryptosporidium</i> spp., <i>Encephalitozoon</i> spp. and <i>Enterocytozoon bieneusi</i> in great apes in different level of habituation
11:50	Martin Kváč, Karel Němejc, Miachela Kestřánová, Bohumil Sak, Dana Květoňová, Naděžda Kernerová, Michael Rost, Vitaliano A. Cama: <i>Cryptosporidium suis</i> and <i>Cryptosporidium</i> pig genotype II: its associations with age and husbandry practices
12:10	Jana Juránková, Marieke Opsteegh, Joke van der Giessen, Helena Neumayerová, Anita Frencová, Walter Basso, Peter Deplazes, Vojtěch Baláž, Břetislav Koudela: Využití magnetic capture a real-time PCR pro detekci a kvantifikaci <i>Toxoplasma gondii</i> ze vzorků tkání experimentálně infikovaných zvířat
12:30	<i>Oběd</i>
13:30	Výlet do Želiva
19:00	Raut a volná zábava

PROGRAM 42. JÍROVCOVÝCH PROTOZOOLOGICKÝCH DNŮ

Čtvrtek 10.5.2012 (15 přednášek + 1 prezentace sponzorů)	
8:00	<i>Snídaně</i>
Molekulární biologie protozoí a biotechnologie	
9:00	Juraj Krajčovič, Eva Dobáková, Matej Vesteg: Microscopic Algae – Challenges And Prospects
9:20	Ivana Fixová, Eva Martincová, Vojtěch Žárský, Jan Tachezy, Pavel Doležal: Evoluce importu proteinů do mitochondrií
9:40	Vojtěch Žárský, Jan Tachezy, Pavel Doležal: Tom40 in Trypanosomatidae
10:00	<i>Coffee break</i>
Biodiverzita, fylogeneze a systematika protozoí	
10:15	<u>Martin Kostka</u> , Hana Pecková, Tomáš Tým, Iva Dyková: Phylogenetic patterns within tubulinea, or “Chaos among amoebae”
10:35	<u>Eliška Ptáčková</u> , Lukáš Falteisek, Alexei Yu. Kostygov, Lyudmila V. Chistyakova, Alexander O. Frolov, Giselle Walker, Ivan Čepička: Po stopách nejbližšího příbuzného parazitických entaméb
10:55	Peter Vďačný: Polarizácia tela a simplifikácia orálnych štruktúr listostomátnych nálevníkov (Alveolata, Ciliophora, Litostomatea): svedectvo fylogenézy štyroch génov
11:15	<i>Coffee break</i>
Molekulární biologie a biochemie protozoí	
11:30	<u>Věra Zedníková</u> , Ivan Hrdý: Alternativní 2-keto acid oxidoreduktázy <i>T. vaginalis</i> – artefakt histochemického barvení
11:50	Ivana Rýdlová, Katarína Krnáčová, Anton Horváth: Putovanie elektrónov pri respirácii <i>Euglena gracilis</i>
12:10	Jitka Kručinská, Lilach Sheiner, Luděk Kořený, Boris Striepen and Miroslav Oborník: Localization of <i>Chromera velia</i> heme pathway enzymes by xenotransfection
12:30	<i>Oběd</i>
Molekulární a buněčná biologie protozoí	
13:30	<u>Anna Gnipová</u> , Anton Horváth & Alena Zíková: Functional and structural interactome of the major ADP/ATP carrier in procyclic <i>Trypanosoma brucei</i> mitochondria
13:50	<u>Julie Kovářová</u> , Piya Changmai, Julius Lukeš: Function of the mitochondrion in the bloodstream stage of <i>Trypanosoma brucei</i>: Fe-S clusters biosynthesis

PROGRAM 42. JÍROVCOVÝCH PROTOZOOLOGICKÝCH DNŮ

14:10	Vacek Vojtěch, Jan Fousek, Novák Lukáš, Jan Pyrih, Jakub Řídl, Čestmír Vlček, Zuzana Zubáčová, Hampl Vladimír: Hledání mitochondrie oxy-monád
14:30	<i>Coffee break</i>
14:40	POSTER SESSION
15:15	<i>Coffee break</i>
Biodiverzita, fylogeneze a systematika protozoí	
15:30	Aleš Horák, Jan Janouškovec, Katie L. Barott, Forest L. Rohwer, and Patrick J. Keeling: Global analysis of plastid diversity reveals new lineages of deep-branching apicomplexans associated with coral reefs
15:50	Tomáš Pánek, Ivan Čepička: Current species concept of Heterolobosea (Discoba, Excavata)
16:10	Alena Kodádková, Iva Dyková, Ivan Fiala: On the phylogenetic position of the type species of the genus <i>Sinuolinea</i> (Myxozoa) and myxosporean cryptic species diversity
16:30	Prezentace sponzora: Life Technologies (Jiří Polínek a Jana Kopecká: téma bude upřesněno)
16:40	<i>Coffee break</i>
17:00	Vyhlášení vítězů soutěže o nejlepší poster a přednášku
18:00	<i>Večeře</i>
19:10	Demonstrace prvoků

Pátek 11.5.2012

8:00	<i>Snídaně</i>
------	----------------

Jména přednášejících jsou podtržena rovnou čarou.

Poster sekce

Eva Dobáková, Gabriela Gavurníková, Juraj Krajčovič, Matej Vesteg: Transformation of an ancient flagellate <i>Euglena gracilis</i>.
Oliver Merva, Jarmila Klieščiková, Eva Nohýnková: Detekce beta-1,3-1,4-glukanů u <i>Acanthamoeba</i> spp.
Vladimíra Najdrová, Pavel Doležal: Povrchové antigeny a PUF proteiny v <i>Giardia intestinalis</i>.
Eva Roubalová, Jitka Kručinská, A. Pain, T. D. Otto and Miroslav Oborník: Bacterial Community Accompanying <i>Vitrella brassicaformis</i> – A Cabbage-like Protist and Its Retinue.
Kristína Záhonová, Matej Vesteg, Juraj Krajčovič: Funkčné kópie plastidových génov v jadre bičíkovca <i>Euglena gracilis</i> – realita či artefakt?

Jména prezentujících jsou podtržena rovnou čarou.

Abstrakta konferenčních příspěvků

1. The Enigmatic Parasite *Buddenbrockia* sp. In Czech Ponds And The Diversity And Evolution Of Malacosporeans (Myxozoa)

Pavla Bartošová¹, Astrid Sibylle Holzer¹

¹Biology Centre of ASCR, Institute of Parasitology, Laboratory of Fish Protistology, Braňšovská 31, České Budějovice, 370 05, Czech Republic

Malacosporeans are a small group of myxozoans that includes three species of the genera *Tetracapsuloides* and *Buddenbrockia*. In their bryozoan hosts, these enigmatic parasites produce worm- or sac-like stages containing malacospores which later infect fish. The vertebrate hosts of *Buddenbrockia* sp. were discovered just recently in Germany. *Buddenbrockia* has played a key role in determining the myxozoan affinities to other metazoan phyla. The microscopical investigation and PCR screening of fish samples revealed the presence of *Buddenbrockia* sp. in cyprinids in Czech ponds. Our SSU rDNA sequences are identical with those of *Buddenbrockia* sp. from German cyprinids. The phylogenetic analyses suggest the existence of seven species belonging to *Tetracapsuloides* and *Buddenbrockia*. Our results show that the present *Buddenbrockia* sp. represents a new species and that a previously published sequence of *Buddenbrockia* is likely to represent a new malacosporean genus. Malacosporeans cluster according to their sac- or worm-like morphology, not to host species and geography. First EF-2 sequences of *Buddenbrockia* sp. differ considerably from myxosporeans, confirming their unique phylogenetic and biological traits. Our data indicate that *Buddenbrockia* sp. is a common cyprinid parasite what impels for its future life cycle studies. Moreover, the diversity of malacosporeans is probably much bigger than expected.

2. Nečekaná diverzita volně žijících trichomonád

Vít Céza¹, Jeffrey D. Silberman², František Štáhlavský¹, Ivan Čepička¹

¹Katedra zoologie, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Karlova v Praze, Praha, Česká republika

²Department of Biological Sciences, University of Arkansas, Fayetteville, AR, USA

Naprostá většina z asi 450 druhů trichomonád (Parabasalia) jsou komenzálové, paraziti nebo kooperativní symbionti živočichů. Ačkoli bylo dosud popsáno pouze šest druhů volně žijících trichomonád, tvoří čtyři nezávislé fylogenetické linie. Navíc jsou všechny tyto druhy považovány za sekundárně volně žijící. Během několika posledních let jsme získali 26 nových izolátů volně žijících trichomonád pocházejících ze sladkovodních i mořských sedimentů a z čistíren odpadních vod. Fylogenetická analýza SSU rDNA ukázala, že naše izoláty patří nejméně 14 druhům včetně dvou nových samostatných linií. Skutečná diverzita volně žijících trichomonád je však zjevně ještě vyšší. Protože pozice kořene fylogenetického stromu trichomonád nelze z analýzy SSU rDNA určit, není jisté, zda jsou všechny získané druhy sekundárně volně žijící. Izolát LAGOS2D je významný tím, že na jeho bičících jsou ploutvičky podobné ploutvičkám exkavátních exkavát. Vzhledem k tomu, že ostatní trichomonády již všechny exkavátní znaky ztratily, mohlo by se jednat o první primárně volně žijící trichomonádu. Druhy *Honigbergiella ruminantium* a *Tetratrichomonas prowazeki* obsahují jak volně žijící, tak endobiotické linie.

3. Transformation Of An Ancient Flagellate *Euglena gracilis*

*Eva Dobáková*¹, *Gabriela Gavurníková*², *Juraj Krajčovič*¹, *Matej Vesteg*¹

¹Department of Genetics, Faculty of Natural Sciences, Comenius University, 842 15 Bratislava, Slovakia

²Department of Biochemistry, Faculty of Natural Sciences, Comenius University, 842 15 Bratislava, Slovakia

The development of methods for algal transformation has advanced in last 10 years. Although microalgae have been used for decades as a commercial source of high-value nutritional supplements, this group of microscopic plants have become the subject of increasing interest from the perspective of production if heterologous protein for commercial and research purposes. Microalgae represent the “best of two worlds”, combining the high growth rate and easy of cultivation of microorganisms with the ability to perform post-transcriptional and post-translational modifications of plants. The development of economically viable microalgal expression system is, however, hindered by absence of effective transformation methods. Recently, only three species, *Chlamydomonas reinhardtii*, *Volvox carteri* and *Phaeodactylum tri-cornutum* can claim to be normally transformed. *Euglena gracilis* is unicellular phytoflagellate protist which lacks of efficient transformation protocol. Finally, we discussed the importance of the new approaches of the modern techniques for transfer DNA – particle bombardment (biolistic) or untraditional *Agrobacterium tumefaciens* – mediated transformation. We want to perform these methods and find the best tool for exploring of an ancient flagellate *E. gracilis*. Our goal is to develop effective transformation system, to evolve and optimize the gene transfer for *E. gracilis* and bring it to the list of routinely transformable species.

4. Evoluce importu proteinů do mitochondrií

Ivana Fixová¹, Eva Martincová¹, Vojtěch Žárský¹, Jan Tachezy¹, Pavel Doležal¹

¹Katedra parazitologie Přírodovědecké fakulty Univerzity Karlovy v Praze, Viničná 7, 128 44, Česká republika

Srovnávací studie importu proteinů do mitochondrií různých eukaryot ukázaly na velkou plasticitu zodpovědného molekulárního aparátu. Anaerobní prvoci jako např. *Giardia intestinalis* nesou ve svých buňkách nejjednodušší známé formy mitochondrií (tzv. mitosomy). Proteiny vstupují do mitosomů pomocí dosud neznámé translokázy vnitřní membrány. V rámci tohoto příspěvku bude diskutováno naše usilí o charakterizaci mitosomální translokázy a další aspekty importu proteinů do mitosomů různých organismů.

5. The Genome Sequencing Project For The Soil Flagellate *Andalucia godoyi* (Excavata: Jakobida)

Marek Elias¹, Vladimír Klimeš¹, Jan Fousek², Cestmír Vlcek², B. Franz Lang³

¹University of Ostrava, Department of Biology and Ecology, Ostrava, Czech Republic

²Institute of Molecular Genetics AV CR, Prague, Czech Republic

³Département de Biochimie, Université de Montréal, Robert-Cedergren Centre for Bioinformatics and Genomics, Montréal, Canada

Jakobids are a small group of bacteriovorous flagellates constituting one of the three major lineages of the higher-level clade Discoba in the eukaryotic super-group Excavata. Jakobids are important for understanding the early evolution of eukaryotes, since they have retained some of the presumably primitive features such as a eubacterial-like mitochondrial RNA polymerase. However, beside limited EST surveys for a few jakobid species, a reference jakobid genome sequence is lacking. To fill in this critical gap in the genome sampling of the eukaryotic phylogenetic diversity, we have started a project to sequence and analyse the nuclear genome of the soil jakobid *Andalucia godoyi* using the 454 sequencing technology. Our latest assembly of the genome sequence indicates a relatively small genome (≈ 20 Mb) with approximately 8,500 intron-poor protein-coding genes. Initial analyses of the gene repertoire of *A. godoyi* have already provided some interesting insights, for instance genes potentially shared exclusively with the other lineages of the Discoba clade (Heterolobosea and/or Euglenozoa), the unusual presence of both EF-1 α and EFL paralogs of elongation factors, or genes probably resulting from horizontal gene transfer from bacteria. Results of more detailed analyses of the *A. godoyi* genome will be presented and discussed.

6. Functional And Structural Interactome Of The Major ADP/ATP Carrier In Procyclic *Trypanosoma brucei* Mitochondria

Anna Gnípová^{1,3}, *Anton Horváth*¹ & *Alena Zíková*^{2,3}

¹Faculty of Science, Comenius University, Bratislava, Slovakia

²Biology Centre, Academy of Sciences and the University of South Bohemia, České Budějovice, Czech Republic

³Institute of Parasitology, Biology Centre, České Budějovice, Czech Republic

The ADP/ATP carriers (AAC) are highly conserved, key energetic links between the mitochondrial and cytosolic compartments of all aerobic eukaryotic cells since they catalyze the transmembrane exchange between mitochondrial generated ATP and cytosolic ADP to supply energy consuming biosynthetic pathways throughout the cell. The *Trypanosoma brucei* genome encodes two AAC proteins that are related to human and yeast ADP/ATP carriers. Importantly, TbAAC1, the more conserved of the two homologs, partially complements the function of yeast AAC2. RNAi silencing of this gene results in a severe growth defect in procyclic cells that coincides with a significant reduction of mitochondrial ATP synthesis by both substrate and oxidative phosphorylation. This data suggests that TbAAC1 is the major ADP/ATP carrier whose function can't be substituted by the TbAAC2 protein. Further experiments demonstrate that elimination of TbAAC1 enhances the activities of respiratory complexes III, IV and V. This initial phenotype then results in an increase of the mitochondrial membrane potential and ROS production. Glycerol gradient sedimentation and co-immunoprecipitation studies suggest that TbAAC1 seems to be associated with F₀F₁-ATP synthase, making it more similar to mammals than yeast. Further validation of the presence and composition of the *T. brucei* ATP synthasome is under investigation.

7. Evoluce genetického kódu a taxonomie oxymonád

Eliška Šrámová¹, Kristýna Klára Novotná¹, Pavla Smejkalová², Ivan Čepička², Vladimír Hampl¹

¹Katedra parazitologie Přírodovědecké fakulty Univerzity Karlovy v Praze, Viničná 7, 128 44, Česká republika

²Katedra zoologie Přírodovědecké fakulty Univerzity Karlovy v Praze, Viničná 7, 128 44, Česká republika

Oxymonády jsou heterotrofní prvoci, kteří žijí v anaerobním prostředí. Vyskytují se hlavně ve střevě hmyzu, především u švábů a termitů. Výjimkou je rod *Monocercomonoides*, který se vyskytuje také ve střevě obratlovců. Taxonomicky se oxymonády řadí do skupiny Preaxostyla říše Excavata. Zabýváme se morfologicky nejjednodušší čeledí Polymastigidae a chceme objasnit jednak fylogenetické vztahy v rámci této čeledi tak její vztah k ostatním čeledím oxymonád. Pomocí PCR jsme získali celkem 25 sekvencí malé ribozomální podjednotky RNA (SSU rRNA) z různých kmenů rodu *Monocercomonoides*. Naše fylogenetická analýza naznačuje, že zástupci rodu *Monocercomonoides* tvoří monofyletickou skupinu, ale statistická podpora této skupiny je nízká. V rámci skupiny dochází k rozdělení zástupců částečně dle hostitelské specifiity. Dále se zabýváme rozšířením nekanonického genetického kódu u zástupců rodu *Monocercomonoides*. U oxymonád byl dosud nalezen u rodu *Streblomastix* a zřejmě také zástupců rodu *Monocercomonoides* z *Cryptocercus punctulatus*. U těchto oxymonád kodóny TAA a TAG nefungují jako STOP kodóny, ale kódují aminokyselinu glutamin. EST sekvence kmene PA203 ukázala, že tento kmen používá kanonický genetický kód, protože se u něj vyskytují všechny tři typy STOP kodónů, dále jsme osekvenovali část tubulinu u 8 kmenů. V sekvencích byly všechny glutaminy kódovány kanonickým kodónem, což naznačuje, že i tyto kmeny používají kanonický kód.

8. Global Analysis Of Plastid Diversity Reveals New Lineages Of Deep-Branching Apicomplexans Associated With Coral Reefs

Aleš Horák^{1,2}, Jan Janouškovec², Katie L. Barott³, Forest L. Rohwer³, and Patrick J. Keeling²

¹Biology Centre, Czech Academy of Sciences and Faculty of Sciences, University of South Bohemia, Branišovská 31, 370 05 České Budějovice, Czech Republic

²Department of Botany, University of British Columbia, Vancouver, BC, Canada V6T1Z4

³Biology Department, San Diego State University, 5500 Campanile Drive, San Diego, CA 92182, USA.

Description of global biodiversity has lately become of great interest for both scientific and public audience. Several large international projects are funded every year with priority being naturally given to groups of economic, medical or cultural importance. The most studied domain of life so far are Eubacteria, where several hundreds of thousand unique SSU rRNA (16S) sequences belonging to new strains/species are being deposited every year. Detailed analysis of 16S sequences available in public databases (≈ 2.2 M) revealed that almost 10,000 of these are clearly of plastid origin, but were overwhelmingly mis-identified as bacterial. Interestingly, 98.8 % of these sequences could be confidently assigned to well-defined and cultured algal lineages (mostly green algae, diatoms and haptophytes), or to yet uncultured but previously reported marine groups (e.g., rappemonads, deep-branching haptophytes). The major exception to the above rule was the detection of 121 plastid sequences, all of which were found to branch as sisters to the apicomplexan parasites. The environmental origin of these sequences was equally surprising: an overwhelming majority of them was exclusively acquired from coral reefs. Our data points to a remarkably tight association between the novel clade and corals spanning across all major coral reefs worldwide.

9. Kompletní mapa chloroplastového genomu zelené řasy *Eutreptiella gymnastica*

Štěpánka Hrdá¹, Jan Fousek², Jana Szabová¹, Vladimír Hampl¹, Čestmír Vlček²

¹Katedra parazitologie Přírodovědecké fakulty Univerzity Karlovy v Praze, Viničná 7, 128 44, Česká republika

²Ústav molekulární genetiky AV ČR, Videňská 1083, Praha, Česká republika

Euglenidi zahrnují druhy s různým typem výživy. Jedna skupina euglenidů je fotoautotrofní a její zástupci obsahují sekundární zelené plastidy. Představujeme zde plastidový genom druhu *Eutreptiella gymnastica*, který jsme získali pomocí 454 pyrosekvenování gDNA. Srovnáním plastidových genomů *E. gymnastica* a známého genomu *Euglena gracilis*, bylo zjištěno, že obsahují téměř shodný soubor 57 genů kódujících bílkoviny, což je o 24 genů méně, než bylo nalezeno v plastidovém genomu řasy *Pyramimonas parkeae*, která je zatím nejbližší známá příbuzná plastidu fotosyntetických euglen. 6 z chybějících genů bylo nalezeno v transkriptomech zástupců rodu *Euglena* a *Eutreptiella*, což ukazuje, že byly přeneseny do jádra hostitele. Zbylých 18 genů bylo pravděpodobně ztraceno úplně. Vzhledem k tomu, že *Euglena* a *Eutreptiella* představují nejhlubší rozvětvení ve fotosyntetické větvi euglenidů, musely se všechny tyto genové transfery a ztráty odehrát v období po odvětvení linie *Pyramimonas parkeae*, ale před radiací jednotlivých linií dosud známých fotosyntetických euglenidů. Během srovnatelně dlouhého období, které uplynulo od společného předka rodu *Euglena* a *Eutreptiella* až do současnosti, došlo jen k jedné další genové ztrátě. Na rozdíl od velmi konzervovaného obsahu genů, pořadí genů se mezi genomy *E. gracilis* a *E. gymnastica* výrazně liší. Stejně tak je tomu i v případě intronů, jejichž počet u rodu *Euglena* na rozdíl od r. *Eutreptiella*, výrazně narostl. Naše výsledky ukazují, že ke genovým ztrátám a přenosům docházelo téměř výhradně v období těsně po sekundární endosymbióze plastidu euglenidů. Od té doby se plastidové genomy *E. gymnastica* a *E. gracilis* co do obsahu genů téměř nezměnily.

10. Využití magnetic capture a real-time PCR pro detekci a kvantifikaci *Toxoplasma gondii* ze vzorků tkání experimentálně infikovaných zvířat

*Jana Juránková*¹, *Marieke Opsteegh*², *Joke van der Giessen*², *Helena Nemayerová*¹, *Anita Frencová*¹, *Walter Basso*³, *Peter Deplazes*³, *Vojtěch Baláž*⁴, *Břetislav Koudela*¹

¹Department of Pathology and Parasitology, University of Veterinary and Pharmaceutical Sciences, Brno

²National Institute for Public Health and the Environment, Bilthoven

³Institute of Parasitology, University of Zurich, Zurich

⁴Department of Biology and Wildlife Diseases, University of Veterinary and Pharmaceutical Sciences, Brno

Jedním ze zdrojů infekce lidí parazitem *Toxoplasma gondii* je nedostatečně tepelně upravené maso s tkáňovými cystami. V důsledku chybějících vhodných metod pro detekci *T. gondii* v mase zvířat dosud nejsou prováděna preventivní vyšetření zjišťující stupeň kontaminace masa. Magnetic capture (MC) je novou molekulární metodou, s níž lze detekovat DNA *T. gondii* ve velkém vzorku tkáně a ve spojení s real-time PCR umožňuje kvantifikaci stádií *T. gondii*. Z experimentálně infikovaných kůzlat a prasat oocystami *T. gondii* jsme pomocí MC a r-t PCR vyšetřili vzorky různých tkání a stanovili jsme množství bradyzoitů *T. gondii*. Vyhodnotili jsme *T. gondii* predilekční tkáně u těchto druhů zvířat, u kůzlat jsme navíc sledovali vývoj infekce od 1 měsíce do 3 měsíců po infekci, srovnáním dvou skupin kůzlat utracených ve dvou různých časových intervalech. Metoda MC r-t PCR se jeví jako vhodná pro testování velkého množství vzorků a zjištění distribuce tkáňových cyst *T. gondii* u různých druhů potravinových zvířat.

11. On The Phylogenetic Position Of The Type Species Of The Genus *Sinuolinea* (Myxozoa) And Myxosporean Cryptic Species Diversity

Alena Kodádková^{1,2}, *Iva Dyková*³, *Ivan Fiala*¹

¹Institute of Parasitology, Biology Centre of the Academy of Sciences of the Czech Republic, Branišovská 31, 370 05 České Budějovice, Czech Republic

²Faculty of Science, University of South Bohemia in České Budějovice, Branišovská 31, 370 05 České Budějovice, Czech Republic

³Faculty of Science, Masaryk University, Kotlářská 267/2, 611 37 Brno, Czech Republic

Most of the myxosporean genera are not monophyletic and thus a taxonomic revision of the Myxozoa is needed. Systematic changes would be premature without comprehensive phylogenetic analyses including the type species as in the present analysis of *Sinuolinea dimorpha*. Samples of infected urinary bladders of *Cynoscion regalis* (type host of *S. dimorpha*) and *Cynoscion nebulosus* were collected (Beaufort region, USA). Morphological studies and phylogenetic analysis of SSU rDNA data were performed. Light microscopy revealed the presence of morphologically indistinguishable spores of presumed type species *S. dimorpha* in both host species. However, phylogenetic analysis of numerous DNA samples of both hosts showed three clusters of sequences representing three closely related species. *Sinuolinea* sp. 1 was only present in the type host *C. regalis* and we thus consider it *S. dimorpha*. One *C. regalis* was infected by *Sinuolinea* sp. 2, which was mostly detected in *C. nebulosus*. Moreover, two specimens of *C. nebulosus* were found to be infected with a third, phylogenetically distant sinuolineid species. All three species clustered together, with a sister relationship to *Latyspora scomberomori* and distant from two *Sinuolinea* spp. already available in the GenBank. Phylogenetic analysis of the type species of *Sinuolinea* confirmed the polyphyly of this genus and thorough SSU rDNA sequence screening point out a previously unknown diversity of myxosporean cryptic species.

12. Phylogenetic Patterns Within Tubulinea, Or “Chaos Among Amoebae”

Martin Kostka^{1,2}, *Hana Pecková*², *Tomáš Týmľ*^{1,2}, *Iva Dyková*³

¹Department of Parasitology, Faculty of Science, University of South Bohemia, Branišovská 31, 370 05, České Budějovice, Czech Republic

²Laboratory of Fish Protistology, Institute of Parasitology, Biology Centre ASCR, Branišovská 31, 370 05, České Budějovice, Czech Republic

³Department of Botany and Zoology, Faculty of Science, Masaryk University, Kotlářská 2, 611 37 Brno, Czech Republic

The tubulineans are mostly “typical” amoebae with the capacity to form (sub)cylindrical lobopodia, represented by, e.g., *Amoeba*, *Chaos*, *Hartmannella*, or testate amoebae such as *Arcella*. Although the group Tubulinea itself is one of a few well supported clades of Amoebozoa, the interrelationships of its representatives remain controversial in many respects. The most problematic group is the family Hartmannellidae: not only is it paraphyletic (Amoebidae clearly belong here), but several genera of the family are known to be polyphyletic. Thank to our long-term interest in amoebae (especially amphizoic ones), we have gathered a vast collection of hartmannellids. They were all characterized by light and electron microscopy and their SSU rDNA was sequenced. Our data enable us to improve greatly the taxon sampling of hartmannellid (and related) amoebae and to (re)describe several taxa. Our results will lead to the description of a new hartmannellid lineage, two new species related to slime mold *Copromyxa*, or splitting of *Saccamoeba* in two independent genera. However, the taxonomical work is complicated by many older, often inadequate descriptions. Moreover, at least two new lineages with very divergent SSU rDNA sequences may also belong here. Sequences of other genes will hopefully clarify their phylogeny.

13. Function Of The Mitochondrion In The Bloodstream Stage Of *Trypanosoma brucei*: Fe-S Clusters Biosynthesis

Julie Kovářová^{1,2}, *Piya Changmai*^{1,2}, *Julius Lukeš*^{1,2}

¹Laboratory of Molecular Biology of Protists, Institute of Parasitology, Biology Centre, ASCR, v.v.i., Branišovská 31, 370 05 České Budějovice

²Faculty of Science, University of South Bohemia, Branišovská 31, 370 05, České Budějovice

Trypanosoma brucei is a parasitic protist with a complex life cycle with two dominant life-stages: the bloodstream stage infects mammals and is transmitted via an insect vector *Glossina*. Despite being the causing agent of the African sleeping-sickness, the bloodstream form is still not sufficiently examined and understood. We have focused on its Fe-S clusters biosynthesis pathway. Iron-sulfur clusters are essential cofactors for wide range of enzymes. Iron and sulfur atoms are bound using a complex biosynthetic pathway composed of more than 20 components. We have focused on two of them: the cysteine-desulfurase Nfs and the scaffold protein Isu. Using immunofluorescent microscopy we have visualized tagged forms of Nfs and Isu in the mitochondrion of the bloodstream *T. brucei*. Contrary to the procyclic stage, in the bloodstream trypanosomes the mitochondrion is reduced and lacks most of canonical mitochondrial functions. The iron-sulfur cluster biosynthesis is the first function of the bloodstream mitochondrion utilized by the whole cell. First, we prove it by localization of the Nfs and Isu proteins. Second, activity of the overexpressed aconitase confirms that Fe-S clusters biosynthesis is active in this organelle.

14. Microscopic Algae – Challenges And Prospects

Juraj Krajčovič¹, Eva Dobáková¹, Matej Vesteg¹

¹Department of Genetics, Faculty of Natural Sciences, Comenius University, 842 15 Bratislava, Slovakia

Microalgae are a polyphyletic group of microscopic photosynthetic organisms. About one half of the earth's carbon is fixed by them and they provide the world with a large proportion of its oxygen. Unicellular algae are efficient in converting solar energy into biomass, mainly because of their simple cellular structure and being submerged in an aqueous environment with access to water, CO₂, and some nutrients – they can make ‘something from nothing’. Mankind profits from microalgae also via direct use. Their biodiversity is enormous and represents an almost unlimited resource. Microscopic algae have high growth rates and their cultivation is easy. They are very attractive for the purpose of producing various compounds on a large scale as they do not have to compete with cultivated farmland and can make use of waste streams as a nutrient source (phycoremediation and sustainable biomass production). Microalgae are now the focus of intensive research not only due to their potential as a renewable feedstock for biofuels but also as novel low-cost expression systems for biosynthesis of recombinant proteins. Considering the enormous biodiversity of microalgae and recent developments in genetic engineering, this group of organisms represents one of the most promising sources for new products and applications.

15. Localization Of *Chromera velia* Heme Pathway Enzymes By Xenotransfection

*Jitka Kručinská*¹, *Lilach Sheiner*², *Luděk Kořený*¹, *Boris Striepen*² and *Miroslav Oborník*¹

¹Biology Centre ASCR, Institute of Parasitology and University of South Bohemia, Faculty of Science, České Budějovice, Czech Republic

²Center for Tropical & Emerging Global Diseases, University of Georgia, Athens, GA, USA

Apicoplast, relict plastid of apicomplexan parasites, is indispensable for the cell because likely essential biochemical pathways such as isoprenoid synthesis, synthesis of fatty acids and heme pathway take place here. Heme biosynthesis is very conserved through all three domains of life but it differs in the localization and origin of the particular enzymes of the pathway among eukaryotes. Heme synthesis in apicomplexan parasites is a mosaic of heterotrophic and phototrophic pathway. Apicomplexans synthesize 5-aminolevulinic acid (ALA) in mitochondria from glycine and Succinyl-CoA (C4 pathway) similarly to primary heterotrophs. Then the synthesis goes through apicoplast reflecting its phototrophic history and is finished in mitochondria again. *In silico* analyses of heme pathway genes from *Chromera velia*, the closest known photosynthetic relative of Apicomplexa, revealed likely homologous origin of enzymes and also intracellular localization as in Apicomplexa. *Chromera velia* also seems to be the only known eukaryotic phototroph that synthesizes ALA by C4 pathway. We decided to experimentally test localizations of *C. velia* heme pathway enzymes by xenotransfection in *T. gondii* and *P. tricornutum*. Our results so far show that *C. velia* uses homologous targeting signal as *T. gondii* and *P. tricornutum* and that *in vitro* localizations so far reflect *in silico* analyses, further suggesting their common origin.

This work was supported by Grant Agency of the Czech Republic No. 540/3158, 540/9500, 540/3170, 206/09/H026 and the Institute of Parasitology (project Z60220518).

16. Bojíte se psí babesiózy?*Michaela Kubelová¹, Pavel Široký¹*

¹Ústav biologie a chorob volně žijících zvířat, Fakulta veterinární hygieny a ekologie, Veterinární a farmaceutická univerzita Brno, Palackého 1/3, 612 42, Česká republika

Počet klinických případů psí babesiózy v posledních letech na území mnoha evropských států vzrostl. Přestože Česká republika je stále považována za psí babesiózu prostou zemi, ve všech okolních státech se s tímto onemocněním setkáváme jak v přírodních ohniscích, tak v hostitelské populaci. Vzhledem k rychlému postupu psí babesiózy územím Slovenska (první případ byl zaznamenán v roce 2000 na jihovýchodním Slovensku) jsme se rozhodli zjistit, kam až v současnosti sahá severozápadní hranice rozšíření jejího původce – prvoka *Babesia canis*. V letech 2009–2011 bylo na jihovýchodním, jihozápadním a západním Slovensku metodou vlnkování získáno celkem 5 131 klíšťat druhu *Dermacentor reticulatus*, který slouží jako vektor a zároveň definitivní hostitel *B. canis*. Přítomnost *B. canis* v klíšťatech *D. reticulatus* byla zjišťována pomocí metody nested PCR RFLP, výsledky byly ověřeny sekvenováním. Zjistili jsme, že prevalence výskytu původce psí babesiózy v přírodních ohniscích roste jihovýchodním směrem – největší výskyt jsme zaznamenali v okolí Michalovců (jihovýchodní Slovensko, 14,7 %) a podél hranice s Maďarskem, oproti tomu severně od Bratislavy jsme *B. canis* nedetekovali vůbec. Distribuce klinických případů byla zjišťována molekulárně-biologickými (nested PCR RFLP) a sérologickými (IFAT) metodami.

Studie byla podpořena projektem GAČR 524/09/0715, Michaela Kubelová je příjemcem stipendia Ph.D. Talent Brno.

17. *Cryptosporidium suis* And *Cryptosporidium* Pig Genotype II: Its Associations With Age And Husbandry Practices

Martin Kváč^{1,2}, *Karel Němejc*¹, *Miachela Kestřánová*¹, *Bohumil Sak*², *Dana Květoňová*², *Naděžda Kernerová*¹, *Michael Rost*³, *Vitaliano A. Cama*⁴

¹Faculty of Agriculture, University of South Bohemia in České Budějovice, Czech Republic

²Institute of Parasitology, Biology Centre of the Academy of Sciences of the Czech Republic, České Budějovice, Czech Republic

³Faculty of Science, University of South Bohemia in České Budějovice, Czech Republic

⁴Division of Parasitic Diseases, Centers for Disease Control and Prevention, Atlanta, GA, USA

We examined 1620 fecal samples of pigs of all age categories on 22 farms in the Czech Republic for identification and genotyping of *Cryptosporidium*. *Cryptosporidium* spp. were found on 16 of 22 farms with a mean prevalence of 23.1 %. Overall, 217 (13.4 %) specimens were positive by microscopy and 355 (21.9 %) by PCR. Genotyping results obtained using swine *Cryptosporidium* species-specific primers identified 39.7 % of pigs infected only with *C. suis*, 35.8 % only with *Cryptosporidium* pig genotype II, while 23.3 % of the pigs surveyed had concurrent infections. One sample had *C. parvum* and three *C. muris*. The analysis by age showed that *Cryptosporidium suis* was primarily detected among piglets (pre-weaned), while *Cryptosporidium* pig genotype II was only detected among starters, specially those weaned at 4-weeks of age. Pigs raised on straw bedding were more likely to have *Cryptosporidium* than pigs raised on slats/slurry systems. Experimental infection clearly revealed susceptibility of both 4 and 8 week old pigs to *C. suis*. While parasitological, molecular and histology examination confirmed susceptibility of 8 week old pigs to *Cryptosporidium* pig genotype II, 4 week old pigs were not being infected with this genotype.

This study was funded by projects LH11061, MSM 6007665806 and 022/2010/Z.

18. Mitochondrial Processing Peptidase Of *Trypanosoma brucei*

Jan Mach¹, Pavel Poliak³, Anna Matuskova², Jiri Janata², Julius Lukes³, Jan Tachezy¹

¹Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University, Prague, Czech Republic

²Institute of Microbiology, Academy of Sciences of the Czech Republic, Prague, Czech Republic

³Department of Molecular Parasitology, Institute of Parasitology, Ceske Budejovice, Czech Republic

Trypanosoma brucei contains unusual mitochondrion, which switches between the fully active and highly repressed form during its life cycle. Very little is known about protein targeting to and maturation in *T. brucei* mitochondria and virtually no data are available comparing these processes between vector and bloodstream stages. We investigated heterodimeric zinc containing enzyme mitochondrial processing peptidase (MPP), which recognizes and cleaves mitochondrial targeting sequences of nuclear-encoded mitochondrial pre-proteins. Our results showed that MPP is an essential enzyme for viability of *T. brucei*. Recombinant *T. brucei* MPP cleaved targeting sequence of mitochondrial IscU exactly at the cleavage site predicted by PSORT. Western blot analysis confirmed presence of α and β subunits of the MPP heterodimer in vector stage mitochondria. Unexpectedly, dual localization of MPP was observed in bloodstream stage. In addition to mitochondria, MPP was also detected in bloodstream stage cytosol. Accordingly, both cytosolic and mitochondrial cellular fractions of bloodstream stage catalyzed processing of recombinant substrates. Although the role of cytosolic MPP is unclear, it is tempting to speculate that the cytosolic MPP may affects targeting of certain preproteins to BS mitochondria.

19. Detekce beta-1,3-1,4-glukanů u *Acanthamoeba* spp.*Oliver Merva*¹, *Jarmila Klieščíková*¹, *Eva Nohýnková*¹¹ Oddělení tropické medicíny 1.LF UK, Studničkova 7, 128 20 Praha 2, Česká republika

Beta-1,3-1,4-glukany (licheniny) patří mezi polysacharidy, které byly doposud detekovány pouze v buněčné stěně rostlin řádu *Poales*, hub a některých zelených řas. *Acanthamoeba* spp. (Amoebozoa) je volně žijící a kosmopolitně rozšířený organismus, který způsobuje vzácné, ale závažné onemocnění člověka – akantamébovou keratitidu a encefalitidu. Životní cyklus akantaméb zahrnuje stádium metabolicky aktivního trofozoita, který se živí bakteriemi a dělí se. Pokud se trofozoit dostane do nepříznivých podmínek, zahájí proces encystace. Zralá cysta s dvouvrstevnou cystovou stěnou je stádium rezistentní vůči účinku desinfekčních látek, změnám pH, vysoké teplotě a vysušení. V průběhu encystace dochází nejdříve k vytvoření vnější vrstvy cystové stěny, proteinové exocysty. Následuje stavba vnitřní vrstvy, endocysty, obsahující celulózu. Polysacharidové složení endocysty je však mnohem komplexnější než se v minulosti zdálo. Kromě celulózy jsme pomocí protilátek detekovali také beta-1,3-1,4-glukany a beta-1,3-mannan. Kombinace přítomných polysacharidů tvoří specifickou architekturu endocysty, která zmizí, když jsou buňky vystaveny působení celulózy a licheninázy. Oproti původnímu předpokladu naše výsledky ukazují na mnohem častější výskyt beta-1,3-1,4-glukanů mezi eukaryoty. Metabolické procesy spojené se syntézou beta-1,3-1,4-glukanů by v budoucnu mohly posloužit jako cíl cysticidní terapie akantamébových infekcí.

20. Diversity Of *Cryptosporidium* spp., *Encephalitozoon* spp. And *Enterocytozoon Bieneusi* In Great Apes In Different Level Of Habituation

Anna Mynářová¹, Bohumil Sak², Klára Petrželková^{3,4,5}, Dana Květoňová², Kateřina Pomajbíková³, David Modrý^{2,3}, Barbora Kalousová⁶, Martin Kváč^{2,7}

¹Faculty of Science, University of South Bohemia in České Budějovice, Czech Republic

²Institute of Parasitology, Biology Centre of the Academy of Sciences of the Czech Republic, Branišovská 31, České Budějovice, Czech Republic

³Dept. of Pathology and Parasitology, Faculty of Veterinary Medicine, University of Veterinary and Pharmaceutical Sciences Brno, Czech Republic

⁴Institute of Vertebrate Biology, Academy of Sciences of the Czech Republic, Brno, Czech Republic

⁵Liberec Zoo, Liberec, Czech Republic

⁶Department of Botany and Zoology, Faculty of Science, Masaryk University, Brno, Czech Republic

⁷Faculty of Agriculture, University of South Bohemia in České Budějovice, Czech Republic

Due to growing ecotourism and research purposes several groups of free-ranging great apes have been habituated to human presence. Humans can act as reservoir of pathogens for great apes and thus close contact with them can pose a risk to their health and *vice versa*. Two hundred and fifty chimpanzees, western and eastern gorillas in different level of habituation, 175 wild and domestic animals and 47 humans from several research sites across Africa were sampled for the occurrence of *Cryptosporidium*, *Encephalitozoon* and *Enterocytozoon bieneusi*. Sequence analyses determined 59 individuals positive for above mentioned infections. This is the first report of *Cryptosporidium bovis*, *C. muris* and *C. meleagridis* infection in great apes. The most prevalent microsporidium species was *Encephalitozoon cuniculi* (*E. cuniculi* genotype I: 20 cases, *E. cuniculi* genotype II: 4 cases). Out of 11 detected genotypes of *Enterocytozoon bieneusi*, eight novel genotypes were described. *E. bieneusi* genotypes D, C and EpbA previously recorded in human and domestic animals were the most prevalent. A comparison of the prevalence between unhabituated and habituated animals showed a higher prevalence of these parasites in habituated individuals, suggesting positive impact of human-ape contact on microsporidia and cryptosporidia infections.

This study was supported by the grant of Grant Agency of the Czech Republic (No 206/09/0927).

21. Povrchové antigeny a Puf proteiny v *Giardia intestinalis*

Vladimíra Najdová¹, Pavel Doležal¹

¹Katedra parazitologie, Přírodovědecká fakulta UK, Viničná 7, 128 44, Praha 2, Česká republika

Giardia intestinalis je anaerobní jednobuněčný patogen, jehož celý povrch pokrývá vždy jeden typ tzv. variant surface proteinu (VSP). Úkolem povrchových proteinů je unikat před imunitním systémem hostitele. Celá proteinová rodina VSP obsahuje okolo dvou set různých zástupců o velikostech v rozmezí od 20 do 200 kDa. Mechanismus přepínání mezi jednotlivými VSP je dosud neznámý. Možnou roli v tomto mechanismu hraje 3' nepřekládaná oblast genů pro VSP. Tato oblast je u většiny genů pro VSP mimořádně konzervovaná a naším cílem je objasnit její možnou úlohu v regulaci exprese VSP. Předpokládáme účast 3' nepřekládané oblasti v (i) miRNA-zprostředkované inhibici translace, (ii) iniciaci syntézy dsRNA pro RNAi nebo (iii) lokalizaci mRNA molekul kódující jednotlivé VSP. Mezi nejvíce studované proteiny, které váží 3' nepřekládané oblasti mRNA patří tzv. Puf proteiny (Pumilio-fem-3 mRNA binding factor). Interakce mRNA s Puf proteiny způsobuje aktivaci/inhibici translace nebo ovlivňuje lokalizaci vlastních mRNA. Podařilo se nám v genomu *G. intestinalis* identifikovat pět různých Puf proteinů. Naším cílem je lokalizovat tyto proteiny a identifikovat skupiny vázaných mRNA a při troše štěstí také ukázat podíl Puf proteinů na regulaci exprese VSP.

22. SUF systém syntézy Fe-S center u rodů *Monocercomonoides* a *Trimastix*

Novák Lukáš¹, Zubáčková Zuzana¹, Hlavačková Jitka¹, Fousek Jan², Vlček Čestmír², Hampl Vladimír¹

¹Katedra parazitologie, Přírodovědecká fakulta UK, Viničná 7, 128 44, Praha 2, Česká republika

²Ústav molekulární genetiky AV ČR, Vídeňská 1083, Praha, Česká republika

Mezi eukaryoty nalezneme 3 různé dráhy syntézy železo-sírných center. Pro fotosyntetizující eukaryota je typický tzv. SUF systém lokalizovaný v plastidu, pravděpodobně pocházející ze sinicového endosymbionta. Nedávno byla tato dráha objevena u prvního eukaryota bez plastidu, parazitického stramenopila *Blastocystis*. My jsme některé komponenty tohoto systému našli v EST sekvencích pocházejících z oxymonády *Monocercomonoides* a příbuzného rodu *Trimastix*. Konkrétně se jedná o geny kódující proteiny SufB, SufC a SufS. Fylogenetická analýza sekvencí těchto genů naznačuje, že SUF systém se nalézal již u společného předka skupiny Preaxostyla, který jej získal laterálním genovým přenosem z bakterií.

23. Current Species Concept Of Heterolobosea (Discoba, Excavata)*Tomáš Pánek¹, Ivan Čepička¹*¹Department of Zoology, Faculty of Science, Charles University in Prague, Vinicna 7, 128 44 Prague, Czech Republic

During the last decade, Heterolobosea have attracted considerable interest because of their extraordinary morphological, ecological and physiological diversity. Members of the most studied genus *Naegleria* are medicinally important or became model organisms in cell biology. However, our knowledge about Heterolobosea as a whole is still seriously limited. Since it is currently unclear whether Heterolobosea are sexual or asexual organisms, the biological species concept is not applicable here. The heterolobosean species were originally distinguished on the basis of light-microscopic morphology. The cyst was the most important life stage as its morphological variability was sufficient to recognize most then-known species. On the other hand, heterolobosean flagellates have been neglected. The current species concept of Heterolobosea based on the ITS region ('molecular species concept of Heterolobosea') is misleading and most probably considerably overestimates the real number of extant species. Several species were even described solely on the basis of a minute difference in the ITS region without morphology being effectively involved. Our aim is to show that flagellate morphology is very important for species diagnosis and to criticize 'molecular species concept of Heterolobosea'.

24. SNARE protein v patogenní bakterii *Legionella pneumophila*

Markéta Petrů¹, Elizabeth Hartland², Vojtěch Žárský¹, Pavel Doležal¹

¹Charles University, Faculty of Science, Department of Parasitology, Prague, Czech Republic

²The University of Melbourne, Department of Microbiology and Immunology, Victoria, Australia

Bakterie *Legionella pneumophila* je fakultativní intracelulární patogen. Jejími přirozenými hostiteli jsou jednobuněčné eukaryotické organismy, např. améby a naeglerie. Pokud se dostane do plic člověka, infikuje makrofágy a způsobuje legionářskou nemoc. Uvnitř hostitelské buňky se *L. pneumophila* množí v tzv. LCV (*Legionella* containing vacuole). Pro zabránění fúze s lysozomy a následné degradaci v hostitelské buňce využívá *L. pneumophila* efektorové proteiny, které jsou do hostitele posílány skrz sekreční systém typu IV. Příkladem jsou tzv. SNARE-like proteiny, které strukturně a funkčně imitují eukaryotické SNARE proteiny a ovlivňují tak endomembránový systém hostitelské buňky. Naši laboratoři se podařilo v genomu *L. pneumophila* identifikovat homolog klasického SNARE proteinu (lpSNARE). Jedná se o první identifikaci SNARE proteinu v prokaryotické říši a naším cílem je charakterizovat funkci lpSNARE v biologii *L. pneumophila* a také evoluční původ tohoto ojedinělého proteinu.

25. Mitochondrial Processing Peptidases In *Trypanosoma brucei*

Pavel Poliak¹, Jan Mach², Jan Tachezy², Julius Lukeš¹

¹Biology Centre, Institute of Parasitology and Faculty of Science, University of South Bohemia, Ceske Budejovice, Czech Republic

²Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University, Prague, Czech Republic

Most mitochondrial proteins encoded in the nucleus are synthesized on cytoplasmic ribosomes as larger precursors with amino-terminal extension peptides for targeting into mitochondria. During or shortly after import of the precursors into mitochondria, the extension peptides are proteolytically removed by different types of processing peptidases. The major presequence peptidase is the mitochondrial processing peptidase (MPP) located in the matrix. The mitochondrial intermediate peptidase (MIP) functions after MPP and typically removes an octapeptide from several preproteins. The inner membrane peptidase (IMP) also functions after MPP and removes a hydrophobic sorting signal that is located behind the matrix targeting signal. Recently, a mitochondrial aminopeptidase was identified – the intermediate cleaving peptidase (ICP55) – that typically removes a single amino acid residue after processing by MPP. Using the immunofluorescent microscopy and digitonin fractionation we have investigated the localization of MPP, IMP and ICP55 in *Trypanosoma brucei*. We have proved that both MPP and IMP are localized in the mitochondrion. Interestingly the intermediate cleaving peptidase was found outside the mitochondrion.

26. Po stopách nejbližšího příbuzného parazitických entaméb

*Eliška Ptáčková*¹, *Lukáš Falteisek*¹, *Alexei Yu. Kostygov*², *Lyudmila V. Chistyakova*³, *Alexander O. Frolov*⁴, *Giselle Walker*⁵, *Ivan Čepička*¹

¹Department of Zoology, Faculty of Science, Charles University in Prague, Vinicna 7, 128 44 Prague, Czech Republic

²Laboratory of Molecular Systematics, Zoological Institute RAS, St. Petersburg, Russia

³Department of Invertebrate Zoology, St. Petersburg State University, St. Petersburg, Russia

⁴Laboratory of Protozoology, Zoological Institute RAS, St. Petersburg, Russia

⁵Department of Botany, University of Otago, New Zealand

Archaméby jsou skupinou anaerobních améb nebo améboflagelátů, která patří do říše Amoebozoa. Nejznámějším a nejstudovanějším druhem archaméb je lidský patogen *Entamoeba histolytica*. Fylogeneze archaméb však není doposud zcela vyřešena. Také není dostatečně prozkoumáno, jakým směrem se v minulosti mohla ubírat evoluce parazitismu této skupiny. Nám se podařilo izolovat pět volně žijících a dva endobiotické zástupce rodu *Rhizomastix*, jehož fylogenetická pozice nebyla dlouhou dobu známa. Z některých izolátů jsme získali sekvence genů pro SSU rRNA a pro aktin. Následná fylogenetická analýza ukázala, že rod *Rhizomastix* spadá mezi archaméby a je blízce příbuzný parazitickým entamébám. Jelikož tento rod zahrnuje volně žijící i parazitické zástupce, je to výborný model pro studium evoluce parazitismu v rámci archaméb. Kromě rodu *Rhizomastix* také jako první dlouhodobě kultivujeme čtyři izoláty rodu *Pelomyxa* a dále jsme izolovali dva zástupce rodu *Mastigella*. Z izolátů jsme získali sekvence genu pro aktin. Fylogenetické analýzy ukázaly, že pokud se v našem případě opravdu jedná o rod *Mastigella*, je tento rod polyfyletický a také, že rody *Rhizomastix*, *Entamoeba*, *Pelomyxa* a *Mastigella* jsou si blízce příbuzné a dohromady vytvářejí samostatný klád v rámci archaméb. Z výsledků dále vyplývá, že v této skupině došlo nejméně třikrát nezávisle na sobě k přechodu k endobiotickému způsobu života.

27. Enzymy glykolýzy u hydrogenosomů trichomonád

Petr Rada¹, Ivan Hrdý¹, Jan Tachezy¹

¹Katedra parazitologie, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Karlova v Praze, Praha, Česká republika

Glycolysis (also called Emden-Meyerhof-Parnas pathway EMP in eukaryotes or Entner-Doudoroff pathway in bacteria) is a fundamental metabolic pathway which provides essential source of energy for virtually all eukaryotes and most of bacteria. Under anaerobic conditions, pyruvate and NADH are utilized via fermentation that is less effective than aerobic metabolism. Some eukaryotes that inhabit low level oxygen niches carry out glycolytic reactions by alternative enzymes. Interestingly, these specific enzymes have diverse origin and it is obvious that many of them were acquired frequently by lateral gene transfer mostly from various eubacteria and other eukaryotes. In terms of glycolysis, *Trichomonas vaginalis* represent an unique organism, because its genome is coding for 4 homologues of PFK (phosphofructokinase, TvPFK 1-4) and 7 homologues of PFP (pyrophosphate fructose-6-phosphate phosphotransferase, TvPFP 1-7). More interestingly, we determined a specific activity of TvPFK within *Trichomonas* hydrogenosomes and a specific activity of hexokinase which is most likely associated with the surface of the organelle.

28. Bacterial Community Accompanying *Vitrella brassicaformis* – A Cabbage-Like Protist And Its Retinue

*Eva Roubalová*¹, *Jitka Kručínská*¹, *A. Pain*², *T. D. Otto*³ and *Miroslav Oborník*¹.

¹Biology Centre, The Academy of Sciences of The Czech Republic, Institute of Parasitology, Laboratory of Evolutionary Protistology, Branišovská 31, 370 05 České Budějovice, Czech Republic

²Computational Bioscience Research Center, Chemical Life Sciences and Engineering Division, 4700 King Abdullah University of Science and Technology, Thuwal 23955-6900, Kingdom of Saudi Arabia

³Parasite Genomics, Wellcome Trust Sanger Institute, Wellcome Trust Genome Campus, Hinxton, Cambridge, CB10 1SA, United Kingdom

Both phytoplankton and bacteria are key components of marine ecosystems and miscellaneous relationships exist between various members of these groups, spanning from symbiosis to pure parasitism. *Vitrella brassicaformis* is photoautotrophic marine alveolate belonging to the phylum Chromerida. To our knowledge, there was no attempt to establish axenic *V. brassicaformis* culture yet, thus the *in vitro* cultures contain undefined community of various prokaryotes. Here we investigate the composition of bacterial population associated with this protist, based on culture independent approaches. Genome sequencing of *V. brassicaformis* currently in progress has revealed huge diversity of bacterial taxa associated with this organism: total of 8983 prokaryotic sequences were found, belonging to 728 different taxa. The most abundant species included both potentially harmful bacteria (e.g. *Cellulophaga algicola*, *C. lytica* or *Kordia algicida*) and possibly beneficial species, such as *Dinoroseobacter shibae*. We have further focused on the nature of possible relationship between *D. shibae* and *V. brassicaformis*.

This publication is based in part on work supported by Award No. FIC/2010/09, made by King Abdullah University of Science and Technology (KAUST) and by Institutional Research Project No. Z60220518 of the Institute of Parasitology.

29. Putovanie elektrónov pri respirácii *Euglena gracilis**Ivana Rýdlová¹, Katarína Krnáčová¹, Anton Horváth¹*¹Univerzita Komenského v Bratislave, Prírodovedecká fakulta, Katedra biochémie, Slovenská republika

Euglena gracilis je prvok s veľmi flexibilnými možnosťami energetického metabolizmu. Vďaka chloroplastom a fakultatívne anaeróbnym mitochondriám dokáže žiť na svetle aj v tme a tak za aeróbnych, ako aj anaeróbnych podmienok. Na svetle čerpá energiu najmä z fotosyntézy, ale v tme je úplne odkázaný na oxidatívnu fosforyláciu. Naša práca je zameraná na procesy súvisiace s prenosom elektrónov dýchacím reťazcom, ktorý u euglén tvoria okrem klasickej cytochrómovej cesty aj alternatívne dráhy dýchacieho reťazca. V jednej časti práce sme kyslíkovou elektródou merali respiráciu mitochondrií izolovaných z divého kmeňa a bieleného mutanta. Kombináciou rôznych substrátov ako napr. laktát, pyruvát, sukcinát a inhibítorov špecifických pre konkrétne dráhy dýchacieho reťazca sme určili prepojenosť jednotlivých dráh prinášajúcich elektróny na ubichinón s dráhami prenášajúcimi elektróny na kyslík. V druhej časti sme ionomeničovou chromatografiou izolovali aktívny enzýmový komplex III. Podjednotky komplexu sme oddelili pomocou dvojrozmernej elektroforézy a niektoré z nich sekvenovali na N konci. V izolovanom komplexe III sme pomocou diferenciálnych oxidoredukčných spektier dokázali prítomnosť cytochrómov b a c1 a stanovili Michaelisovu konštantu komplexu III pre cytochróm C.

Výskum prebieha za podpory Grantu Univerzity Komenského č. UK/54/2011 a Grantu Vedeckej agentúry Ministerstva školstva SR a Slovenskej akadémie vied 1/0393/09.

30. Whole Genome Analysis Of A New Basal Trypanosomatid And Its Importance For The Evolution Of The Family Trypanosomatidae

Skalický Tomáš^{1,2}, Flegontov P.¹, Votýpka J.^{1,3}, Suková E.³, Penin A.⁴, Logacheva M.⁴, Archibald J.⁵, Onodera N.⁵, Tanifuji G.⁵, Lukeš J.^{1,2}

¹Laboratory of Molecular Biology of Protists, Institute of Parasitology, Biology Centre, ASCR, v.v.i., České Budějovice, Czech Republic

²Department of Molecular Biology, Faculty of Science, University of South Bohemia, České Budějovice, Czech Republic

³Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University in Prague, Prague, Czech Republic

⁴Belozersky Institute of Physico-Chemical Biology, Moscow State University, Moscow, Russia

⁵Department of Biochemistry and Molecular Biology, Dalhousie University Halifax, Nova Scotia, Canada

Scientific community is struggling with attempts to categorize the evolution of the Kinetoplastea for more than a century, producing contradictory reports concerning their phylogenetic relationship and the evolution scenarios, specifically the ‘insect-first’ hypotheses. We were looking for a missing link, which would finally resolve this matter. Recently, a new monogenetic insect trypanosomatid was found in a *Culicoides* host and we decided to sequence its whole genome. Gene-by-gene phylogenetic analyses together with gene concatenation done for more than twenty identified genes (*Bodo saltans* and *Perkinsiella amoebae* used as outgroups) revealed that this newly discovered trypanosomatid branches on the very basis of the family Trypanosomatidae. Our research continues with complete assembly and annotation of the genome.

31. The First Multigene Analysis Of Fornicata

*Takishita K*¹, *Kolísko M*^{2,3}, *Komatsuzaki H*⁴, *Yabuki A*⁴, *Inagakid Y*^{4,5}, *Čepička I*⁶, *Smejkalová P*^{6,7}, *Ptáčková E*⁶, *Silberman JD*⁸, *Hashimoto T*^{4,5}, *Roger AJ*², and *Simpson AGB*³

¹Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology (JAMSTEC), Yokosuka, Kanagawa, Japan

²Department of Biochemistry and Molecular Biology, Dalhousie University, Halifax, Canada

³Department of Biology, Dalhousie University, Halifax, Canada

⁴Graduate School of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba, Tsukuba, Japan

⁵Center for Computational Sciences and Institute of Biological Sciences, University of Tsukuba, Tsukuba, Japan

⁶Department of Zoology, Faculty of Science, Charles University in Prague, Prague, Czech Republic

⁷Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University in Prague, Prague, Czech Republic

⁸Department of Biological Sciences, University of Arkansas, Fayetteville, USA

Fornicata is a major eukaryotic group belonging to Excavata and comprise diplomonads, retortamonads, and carpediemonads. Phylogenetic analyses of the Fornicata were based almost solely on the SSU rRNA gene until recently. Interestingly, none of the main lineages of Fornicata appeared monophyletic. However, the topology of the phylogenetic trees was largely unresolved. Here we present the first multigene analysis (based on seven genes) with a broad sampling of fornicate taxa. In agreement with SSU rRNA gene analyses the genus *Retortamonas* was closely related to diplomonads. However, our analyses unexpectedly placed the carpediemonad *Dysnectes* as a sister branch to the diplomonads + *Retortamonas* clade. The rest of carpediemonads formed a basal paraphyletic grade of Fornicata with unresolved interrelationships. The second retortamonad genus *Chilomastix* branched within the grade of carpediemonads, instead of being closely related to *Retortamonas* or *Retortamonas* + diplomonads as suggested by both morphological data and previous phylogenetic analyses. Our analyses convincingly show that retortamonads are polyphyletic. Their morphological similarities have probably arisen convergently as adaptation to the parasitic life style. In addition, we have discovered the third independent endobiotic lineage of Fornicata.

32. Database Of Orthologue Groups Of Proteins Of Archaea, Eubacteria And Eukaryota

Petr Soukal¹, Martin Kostka², Vladimír Hampl¹

¹Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University, Prague, Czech Republic

²Biology Centre, ASCR, v.v.i., Ceske Budejovice, Czech Republic

In the database EggNog 2.0 there were originally 576 Prokaryota and 55 Eukaryota – mostly Fungi (14) and Metazoa (32). We decided to add some eukaryotic organisms from each branch of the tree of life (Amoebozoa, Excavata, Chromista, Archaeplastida, Opisthokonta). Nowadays there are about 20 added organisms, with full proteom known, mostly protozoan. Adding each new organism consist of blasting against the database and reverse blasting database against the organism. The aim of the database is to enable generation of phylogenetic tree of certain group of organisms of big number of almost arbitrary group of homologous proteins, and thus with relatively strong support. Due to the database is also possible to uncover horizontal (lateral) gene transfers between distantly related organisms.

33. Evolúcia a distribúcia mat a matx génov v skupine Euglenida*Jana Szabová¹, Vladimír Hampl¹*

¹Katedra parazitologie, Přírodovědecká fakulta Univerzity Karlovy, Viničná 7, 128 44, Praha 2, Česká republika

Methionin adenosyl transferáza (MAT) je esenciálny enzým produkujúci S-adenosylmethionin (SAM). SAM je jedným z najdôležitejších bunkových metabolitov potrebných k metylačným reakciám. MAT je sekvenčne a štruktúrne vysoko konzervovaný enzým a v prírode sa vyskytuje vo forme dvoch relatívne odlišných paralógov. Jeho druhý paralóg bol označený ako MATX a od MAT sa líši sekvenčne a štruktúrne. Okrem pár výnimiek (rozsievky) sa MAT a MATX nevyskytujú v organizmoch súčasne. Veľmi zvláštne je rozšírenie MATX, nakoľko sa vyskytuje v štyroch vzájomne nepríbuzných skupinách organizmov a to Dinoflagellata, Haptophyta, Stramenopila a fotosyntetické Euglenida. S touto nerovnomernou distribúciou v eukaryotickom strome, MAT a jeho paralóg MATX patria k enzýmom, ktoré majú komplikovanú evolučnú históriu. My sa snažíme objasniť vznik a evolúciu MATX génu u skupiny Euglenida. Na základe sekvencií MAT a MATX génov, sa domnievame, že MATX sa objavil v dobe, keď Euglenida získali sekundárny plastid. Myslíme si, že to mohlo byť v mieste po odvetvení *Peranema* sp., ale pred odvetvením *Eutreptiella gymnastica* a *Euglena gracilis*. Taktiež sme zistili, že MATX z *Euglena gracilis*, *E. gymnastica*, *Trachelomonas* sp. a z *Monomorphina pyrum* tvoria sesterské vetvy a nie parafylum na bázy MATX stromu. Preto si myslíme, že MATX nevznikol u Euglenida, ale že predok fotosyntetických euglén ho získal od inej skupiny organizmov.

34. Functional Analysis Of A Novel And Essential Subunit Of The F_oF₁-ATP Synthase In *Trypanosoma brucei**Karolína Šubrtová^{1,2}, Brian Panicucci², Alena Zíková^{1,2}*¹Faculty of Science, University of South Bohemia, Branišovská 31, 370 05 České Budějovice, Czech Republic²Laboratory of Functional Genomics of Protists, Department of Molecular Parasitology, Institute of Parasitology, Biology Centre, ASCR, v.v.i. , Branišovská 31, 370 05 České Budějovice, Czech Republic

As *Trypanosoma brucei* alternates between its procyclic stage (PS) and bloodstream stage (BS), the F_oF₁-ATP synthase switches from producing ATP to consuming ATP in the BS to maintain the essential mitochondrial membrane potential (mt $\Delta\Psi$). Unlike well conserved eukaryotic F_oF₁-ATP synthases, the parasite's complex contains unique subunits with unknown function. RNAi experiments demonstrate that the novel subunit Tb2930 is indispensable for the viability of PS and BS *T. brucei*. Interestingly, Tb2930 silencing didn't affect the activity of the BF F_oF₁-ATPase complex, but it did inhibit PF F_oF₁-ATP synthase. This combined with subcellular fractionation and glycerol gradient results indicate that Tb2930 is membrane bound and associated with the F_o-subcomplex. Furthermore, Tb2930 RNAi strongly affected the BF mt $\Delta\Psi$, suggesting a functional association with the proton pore of the F_oF₁-ATPase. Surprisingly, Tb2930 is also critical for dyskinetoplastid *T. evansi*, a closely related pathogen that maintains its mt $\Delta\Psi$ exclusively through a matrix soluble F₁-ATPase and a membrane-bound ATP/ADP carrier. While these cells have no obvious need for the F_o-subcomplex, Tb2930 continues to sediment at high S values that overlap with normally intact F_oF₁-ATP synthase. We are pursuing experiments to elucidate if Tb2930 has a different function in these monogenetic parasites.

35. Po stopách anaerobních jakobidů*Petr Táborský¹, Tomáš Pánek¹, Ivan Čepička¹*¹Katedra zoologie, Přírodovědecká fakulta Univerzity Karlovy, Viničná 7, 128 44, Praha 2, Česká republika

Rod *Andalucia* patří do nepočetné, ale evolučně významné skupiny Jakobida (Excavata). Mitochondrie jakobidů mají nejméně odvozený genom, proto některé hypotézy kladou skupinu Jakobida na bázi eukaryotického stromu. My se v této studii zaměřujeme na rod *Andalucia*, který má v rámci jakobidů bazální postavení. Zatím jsou popsány pouze dva druhy tohoto rodu – aerobní *A. godoyi*, který má normální mitochondrii s tubulárními kristami a anaerobní *A. incarcerata* s mitochondriálním derivátem bez krist. Analýza environmentálních sekvencí navíc ukázala, že diverzita tohoto rodu je ve skutečnosti mnohem větší. Během řešení projektu se nám podařilo převést do stabilní kultury 10 anaerobních izolátů rodu *Andalucia*, přičemž dva z nich představují nový druh tohoto rodu. Je překvapující, že ani fylogenetická analýza založená na konkatenátu tří genů nedokázala rozhodnout, zda je nově objevený druh příbuznější druhu *A. godoyi* nebo *A. incarcerata*. Je proto možné, že se u rodu *Andalucia* mohla klasická mitochondrie transformovat do anaerobní varianty bez krist ne jednou, ale vícekrát.

Tento projekt je realizován s podporou grantu GAUK č. 301711.

36. Mitochondrial Chaperone And Mitochondrial DNA

Jiří Týč^{1,2}, Tomáš Skalický^{1,2}, Somsuvro Basu^{1,2}, Julius Lukeš^{1,2}

¹Laboratory of molecular biology of protists, Institute of Parasitology, Biology Centre, ASCR, v.v.i., Branišovská 31, 370 05, České Budějovice, Czech Republic

²Faculty of Science, University of South Bohemia, Branišovská 31, 370 05, České Budějovice, Czech Republic

Mitochondrial chaperone Hsp70 (mtHsp70) takes part in many essential processes in the mitochondrion – folding of newly synthesized proteins and folding and degradation of damaged and denatured proteins. Moreover, this mitochondrial version of Hsp70 gained new functions such as in Fe-S cluster biogenesis and protein import across the membrane. Another poorly explored aspect of mtHsp70 is its association with mitochondrial DNA (mtDNA). This finding was never deeply addressed in eukaryotes. Nevertheless, the bacterial homolog (DnaK) of mtHsp70 was proven to act in replication – chromosomal and plasmid DNA, as well as the bacteriophage DNA. Our model organism *Trypanosoma brucei* (causative agent of sleeping sickness) is suitable for studies of the influence on mtDNA, because there is only one large mitochondrion per cell and the mtDNA is concentrated in one place in a structure called kinetoplast (kDNA), which is visible even under the light microscope. Our preliminary data show that in cells lacking mtHsp70, kDNA is getting smaller and eventually disappears completely. More detailed examination by TEM revealed that the ultrastructure of kDNA is severely altered in almost 100 % of cells depleted for mtHsp70. By sucrose gradients, we were able to show that a portion of mtHsp70 really cosediments with kDNA.

37. Efekt metronidazolu na DNA a buněčný cyklus giardií*Magdalena Uzlíková¹, Eva Nohýnková¹*¹Oddělení tropické medicíny, 1. lékařská fakulta, Univerzita Karlova v Praze, Česká republika

Metronidazol (MTZ) a jeho deriváty jsou léky volby při léčbě giardiózy. Přesto je znalost účinku na buňky střevního parazita *Giardia intestinalis* nekompletní. Dlouhodobě se spekuluje o tom, že během aktivace MTZ jsou produkovány radikály, které působí zlomy a propojení řetězců DNA, přímé důkazy však chybí. Předkládaná studie popisuje efekt MTZ na DNA a buněčný cyklus giardií. Buňky vystavené MTZ mají v jádrech přítomný fosforylovaný H2A histon (pH2A), který je využívaným ukazatelem poškození DNA. U sledované koncentrace 0,5 $\mu\text{g/ml}$ MTZ je po 24 hod. přibližně 80 % buněk pozitivních na pH2A v jednom nebo obou jádrech. Účinek MTZ při této koncentraci je reverzibilní a buňky jsou schopné reparovat poškození. S využitím průtokové cytometrie byl dále sledován účinek MTZ na buněčný cyklus giardií. Nejcitlivější fází buněčného cyklu, která je primárně zasažena MTZ, je fáze replikace. V závislosti na koncentraci MTZ a délce inkubace dochází ke kumulaci buněk v S fázi a u letálních koncentrací MTZ pak buňky vykazují G₂ obsah DNA. Uvedené výsledky jsou vůbec prvními experimentálními daty, která ukazují vliv MTZ na DNA a buněčný cyklus giardií. Zřejmý význam mají výsledky v pochopení účinku tohoto chemoterapeutika a potvrzují existenci mechanismů rozpoznávajících poškozenou DNA a aktivující dráhu vedoucí k reparaci poškození.

38. Hledání mitochondrie oxymonád

Vojtěch Vacek¹, Jan Fousek², Lukáš Novák¹, Jan Pyrih¹, Jakub Rídl², Čestmír Vlček², Zuzana Zubáčová¹, Hampl Vladimír¹

¹Katedra parazitologie, Přírodovědecká fakulta Univerzity Karlovy, Viničná 7, 128 44, Praha 2, Česká republika

²Ústav molekulární genetiky, Akademie věd České republiky, Praha, Česká republika

Oxymonády patří mezi málo studované skupiny eukaryot, a dosud u nich nebyla potvrzena mitochondrie, ani žádná z ní odvozených organel. U oxymonády *Saccinobaculus doroaxostylus* byly pomocí transmisní elektronové mikroskopie nalezeny dvoumembránové organely, které by potenciálně mohly být mitochondriálního původu. O této oxymonádě však nemáme žádná molekulární ani biochemická data. Pokusili jsme se mitochondrii lokalizovat u jiné oxymonády – *Monocercomonoides* sp. izolát Pa203, který byl izolován ze střeva činčili. Mitochondrii jsme se pokusili nalézt pomocí transmisní elektronové mikroskopie, ale nepodařilo se nám nalézt žádnou dvoumembránovou organelu. Pokusili jsme se také nalézt geny pro mitochondriální proteiny. Pro hledání mitochondriální proteinů jsme připravili dvě cDNA knihovny, každou připravenou podle jiného protokolu. Z těchto knihoven jsme osekvenovali celkem asi 1 000 000 čtení. Analýzou EST sekvencí jsme našli geny pro tři potenciálně mitochondriální proteiny: [FeFe]hydrogenázu, pyruvát:ferredoxin oxidoreduktázu (PFO) a pyridin:nukleotid transhydrogenázu (PNT). Pouze PNT je považováno za striktně mitochondriální protein (s výjimkou u *Entamoeba histolytica*), proto jsme připravili protilátky proti oběma podjednotkám PNT a pokusili se PNT v buňce *Monocercomonoides* lokalizovat pomocí imunofluorescenční mikroskopie. Imunofluorescenční lokalizace neposkytla jednoznačné výsledky o lokalizaci PNT v buňce *Monocercomonoides*. Zajímavé výsledky poskytla fylogenetická analýza PNT, která naznačuje, že eukaryotické PNT by nemuselo být α -proteobakteriálního původu.

39. Polarizácia tela a simplifikácia orálnych štruktúr litostomátnych nálevníkov (Alveolata, Ciliophora, Litostomatea): svedectvo fylogenézy štyroch génov*Peter Vďačný¹*

¹Katedra zoológie, Prírodovedecká fakulta, Univerzita Komenského v Bratislave, Mlynská dolina B-1, 841 15 Bratislava, Slovenská republika

Trieda Litostomatea zahŕňa niekoľko stoviek voľne žijúcich a endokomenzálnych druhov nálevníkov. Tradičná morfológická klasifikácia litostomátnych nálevníkov nie je v súlade so súčasnými molekulárnymi fylogenetickými analýzami génov kódujúcich rRNA molekuly, ktoré sú zapojené buď do rRNA biogenézy (ITS1 a ITS2) alebo tvoria súčasť malej (18S RNA) a veľkej (5,8S rRNA) ribozomálnej podjednotky. Najzávažnejší konflikt je v tom, že trieda Litostomatea nie je rozdelená na dve fundamentálne línie, voľne žijúcu podtriedu Haptoria a endokomenzálnu podtriedu Trichostomatia ako naznačovali morfológické štúdie, ale na voľne žijúcu podtriedu Rhynchostomatia a parafyletickú voľne žijúcu podtriedu Haptoria, ktorá zahŕňa aj endokomenzálnu podtriedu Trichostomatia. Rhynchostomatidy aj napriek ich najkomplexnejšej morfológii a ontogenéze nepredstavujú korunný taxón triedy Litostomatea, ale jednu z jej bazálnych línií. Starobylosť rhynchostomatidov je podporená dvoma morfológickými pleziomorfiami – ventrálne lokalizovaným cytostómom a preorálnymi kinetami, ktoré sú veľmi pravdepodobne homologické adorálnym organelám ostatných nálevníkov. Všetky ostatné litostomátne nálevníky stratili preorálne kinety a ich cytostóm je umiestnený apikálne, t.j. polárne. Hlboká fylogenéza triedy Litostomatea a vznik jednolivých cytoarchitektúrnych typov sa dajú najlepšie vysvetliť pomocou teórie polarizácie tela a následnej série zjednodušovaní orálnej ciliatúry v dôsledku raptorického a neskôr aj endokomenzálného spôsobu života.

Príspevok vznikol s podporou Slovenskej grantovej agentúry VEGA (projekt č. 1/0600/11).

40. Exploring The True Function Of A *Leishmania* Protein That Affects Parasite Virulence

Michaela Veselíková^{1,2}, *Brian Panicucci*², *Alena Zíková*^{1,2}

¹Přírodovědecká Fakulta, JCU, Branišovská 31a, 370 05 České Budějovice, Česká republika

²Parazitologický ústav, Biologické centrum AV ČR v.v.i., Branišovská 31, 370 05 České Budějovice, Česká republika

Leishmania and *Trypanosoma brucei* are protozoan parasites of the Trypanosomatid genus and are the causative agents of leishmaniasis and HAT, respectively. In *Leishmania*, the hypothetical protein MIX is involved in mitochondrial segregation and parasite virulence. Interestingly, it was purified with the cytochrome c oxidase complex in the more genetically amenable *T. brucei*, whose two life stages can be utilized to determine if MIX has an additional function outside of respiratory complex IV, which is absent in the infective bloodstream form (BF). In fact, MIX RNAi knockdowns in the insect procyclic form (PF) demonstrate decreased cytochrome c oxidase activity that results in growth inhibition that is not observed in BF *T. brucei*. This indicates that MIX functions in the context of a fully active mitochondrion, which is present in PF *T. brucei* and throughout all life stages of *Leishmania*. The role of MIX may thus be associated with the assembly of cytochrome c oxidase complex, its structural integrity or its catalytic function. Currently, we are testing a novel method for protein functional analysis in the RNAi-free *Leishmania* species that will help us elucidate the function(s) of MIX and uncover its potential as a vaccine or drug target for leishmaniasis treatment.

41. Funkčné kópie plastidových génov v jadre bičíkovca *Euglena gracilis* – realita či artefakt?

Kristína Záhonová¹, Matej Vesteg¹, Juraj Krajčovič¹

¹Univerzita Komenského v BA, Prírodovedecká fakulta, Katedra genetiky, Mlynská dolina 84215, Bratislava, Slovenská republika

Bičíkovec *Euglena gracilis* (kmeň Euglenozoa) má komplexné chloroplasty obalené tromi membránami. Tieto plastidy vznikli sekundárnou endosymbiózou zo zelenej riasy. Dnešné plastidy obsahujú len malé množstvo genetickej informácie v porovnaní s pôvodným endosymbiontom, pretože gény endosymbionta boli z veľkej časti prenesené do jadra hostiteľskej bunky. Jedným zo spoločných znakov Euglenozoa je mechanizmus post-transkripčnej úpravy jadrom kódovaných génov, tzv. trans-splicing. Tento proces zahŕňa zostrih 5'-konca transkriptov sprostredkovaný spliceozómom, pri ktorom SL (Spliced Leader) sekvencia z 5'-konca donorovej SL-RNA nahradí 5'-koniec pre-mRNA. Ak má určitý transkript SL sekvenciu, s istotou možno povedať, že gén, ktorý tento transkript kóduje, sa nachádza v jadre. V databáze EST *E. gracilis* vytvorenej len z transkriptov obsahujúcich polyA na 3'-konci sa nám podarilo identifikovať viacero transkriptov plastidových génov. Keďže transkripty plastidových génov zvyčajne polyA nemajú, mohli to byť kópie plastidových génov v jadre, čo by naznačovalo, že tieto kópie sú aj prepisované. Ďalšie experimenty však ukázali, že žiadny z transkriptov týchto génov neobsahuje SL sekvenciu. Najpravdepodobnejšou interpretáciou preto je, že funkčné kópie týchto plastidových génov v jadre nie sú prítomné a že aspoň nejaká časť plastidových transkriptov je polyadenylovaná.

42. Využití halotag technologie pro živé zobrazení mitosomů a hydrogenosomů

Luboš Voleman¹, Eva Martincová¹, Vladimíra Najdová¹ Pavel Doležal¹

¹Katedra parazitologie, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Karlova, Viničná 7, 128 44, Praha 2, Česká republika

Hydrogenosomy a mitosomy jsou redukované formy mitochondrií vyskytující se u anaerobních prvoků, jako jsou například *Giardia intestinalis*, *Trichomonas vaginalis* či mikrosporidie. Abychom mohli studovat chování těchto pozoruhodných organel v živých buňkách, využili jsme tzv. HaloTag technologie. Mitosomální/hydrogenosomální proteiny IscU *G. intestinalis* a frataxin *T. vaginalis* jsme spojili s HaloTagem a episomálně exprimovali v buňkách. Po inkubaci prvoků s fluorescenčním Halo-ligandem jsme byli schopni pozorovat organely *in vivo*. Vzhledem k množství komerčně dostupných ligandů pro HaloTag je tato technologie užitečným nástrojem pro studium dynamiky nejen hydrogenosomů a mitosomů, ale i jiných buněčných komponent těchto jednobuněčných organismů.

43. Alternativní 2-keto acid oxidoreduktázy *T. vaginalis* – artefakt histochemického barvení*Věra Zedníková¹, Ivan Hrdý¹*¹Katedra parazitologie, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Karlova, Viničná 7, 128 44, Praha 2, Česká republika

Naším cílem bylo na základě publikace (Brown et al., 1999) charakterizovat u *T. vaginalis* alternativní 2-keto acid oxidoreduktázy (KORs) a určit jejich vztah k enzymu pyruvát:ferredoxin oxidoreduktáze D. Brown et al. našli KORs pomocí biochemických metod, avšak doposud nebyly identifikovány ani v genomu, ani proteomu trichomonád. Dle autorů jsou KORs aktivní v trichomonádách rezistentních k metronidazolu, na rozdíl od hydrogenosomálního enzymu pyruvát:ferredoxin oxidoreduktázy, a jako substrát preferují indolpyruvát. Předpokládali jsme, že by jedna z alternativních oxidoreduktáz mohla být hydrogenosomální pyruvát:ferredoxin oxidoreduktáza D (PFOD). V genomu trichomonád bylo identifikováno celkem 7 paralogů PFO a právě PFOD má ze všech paralogů nejdelší a zároveň nejodlišnější nukleotidovou sekvenci. Během pokusů se ukázalo, že výsledky publikované autory Brown et al. nejsou způsobené KORs, nýbrž neenzymatickou redukcí nitro blue tetrazolia (NBT) na modrý formazan pomocí indolpyruvátu a Tritonu X-100. V buňkách trichomonád rezistentních k metronidazolu jsme při anaerobním spektrofotometrickém měření nezměřili žádnou aktivitu těchto KORs. Při anaerobním měření enzymatické aktivity s celkovým lyzátem parentního kmene trichomonád Tv 10-02 byla pozorována indolpyruvát- a CoA-dependentní redukce methyl viologenu. Naměřená aktivita však byla katalyzována hydrogenosomálním enzymem PFO. Z našich výsledků tedy vyplývá, že alternativní 2-keto acid oxidoreduktázy u *T. vaginalis* neexistují.

44. Tom40 In Trypanosomatidae

Vojtěch Žárský¹, Jan Tachezy¹, Pavel Doležal¹

¹Department of Parasitology, Faculty of Science, Charles University, Vinicna 7, 128 44, Prague 2, Czech Republic

The mitochondrion of trypanosomatids was found to be devoid of the essential Tom40 channel. This was suggested to be a primary state, placing trypanosomatids to the root of the eukaryotic tree of life. Moreover *Trypanosoma brucei* was recently shown to contain an essential protein called archaic translocase of the outer mitochondrial membrane (ATOM), which was directly linked to bacterial Ytfm proteins, members of Omp85 superfamily. Hence, it was suggested that both ATOM and Tom40 represent mutually exclusive functional analogues of distinct origins. We re-examined the evolutionary origin and distribution of ATOM sequences among trypanosomatids. Surprisingly, our results clearly refute the link between ATOM and bacterial Omp85-like proteins. Moreover, we propose that ATOM is in fact diverged form of 'classical' Tom40.

Abstrakta jsou řazena dle abecedního pořadí prezentujících autorů, jejichž jména jsou podtržena.

Sponzoři konference



OLYMPUS

Vaše Představy, Naše Budoucnost



SIGMA-ALDRICH



Fisher Scientific

Děkujeme za finanční podporu též Radě vědeckých společností České republiky.



Jedno řešení pro všechny potřeby ?

Badatelské mikroskopy nové generace – Olympus BX3.

Jedinečná koncepce ovládání – skutečně dálkově ovládaná stanice.

Systémové řešení – automatizace dokumentace i celého pracovního postupu.

Přesnost a stabilita – ostření pomocí revolverového nosiče objektivů, přesný motorizovaný stolek.

Fluorescence bez kompromisu – nová optická soustava „fly eye“ zajišťující kvalitní excitaci celého zorného pole s maximálním poměrem signál/šum.

OLYMPUS

Vaše Představy, Naše Budoucnost

Olympus Czech Group, s.r.o., člen koncernu, divize mikroskopů,
Evropská 176/16, 160 41 Praha 6, tel.: +420 221 985 267, +420 221 985 111
e-mail: mikroskopy@olympus.cz, www.olympus.cz



Fisher Scientific

Part of Thermo Fisher Scientific

Fisher Scientific, spol. s r. o.

Kosmonautů 324

530 09 Pardubice

Telefon: 466 798 230

Fax: 466 435 008

e-mail: info.cz@thermofisher.com

Pro svou práci volte kvalitu!

Firma **Fisher Scientific s.r.o.** je českou pobočkou mezinárodní společnosti **Thermo Fisher Scientific**, která je největším světovým dodavatelem laboratorní techniky a vybavení laboratoří

- Ochranné prostředky, dezinfekce
- Laboratorní sklo a porcelán
- Přístroje pro ohřev a chlazení
- Drobné pomůcky z plastů a pryže
- Přístroje pro mechanické operace
- Chromatografické potřeby
- Zařízení pro dávkování kapalin
- Filtrační zařízení a materiál
- Měřicí přístroje
- Zařízení pro úpravu vody
- Laboratorní nábytek
- Aparatury
- Chemikálie a rozpouštědla



www.thermofisher.cz

Profil společnosti EAST PORT Praha

- laboratorní přístrojová technika
- laboratorní reagenty, média a biochemikálie
- kompletní dodávka produktů pro IVF (human)



Promega



Life Science - genomika - proteomika - forenzní systémy

Purifikace nukleových kyselin v manuálním i automatickém režimu - Maxwell, enzymy i kompletní systémy pro PCR, RT-PCR, qPCR, klonovací kity, restriční enzymy, identifikace a paternity lidské DNA - GI, bioluminiscence - Glomax, in vitro transkripce a translace, apoptózy, buněčné proliferace a cytotoxicita a další.

Lonza



Média - séra - transfekce - agarózy - detekce endotoxinu

Lonza je specialistou v primárních a kmenových buňkách, klasických i bezsérových kultivačních médiích a reagentech. Je hlavním a největším světovým producentem **agarózových produktů** pro klasickou elektroforézu (Cambrex). Dále nabízí kity pro detekci mykoplasmy a především kity pro detekci endotoxinu (LAL testy). Nabízí také Amaxa® Nucleofector® technologii pro transfekci primárních buněk a těžko transfekovatelných buněčných linií a inovační StellARay™ systém pro výzkum genové exprese.

Molecular Devices MDS



ELISA readery - luminiscence - fluorescence

Absorbanční (ELISA), fluorescenční, luminiscenční i multimode mikroděstičkové readery, SOFTmax® PRO software a validace, promývačky, dispenzery a rozplňovací soupravy Aquamax, automatizace - StakMax Microplate Handling System, buněčné sběrače, IonWorks™, Threshold, reagenční kity; CellKey Systems, NEW CellKey384 System, Cellular Imaging, Electrophysiology, Fluorometric Imaging Plate Readers, Liquid Handling.

Biohit



Manuální pipety - elektronické pipety - multipipety

Manuální jedno- i multikanálové pipety Proline, Proline PLUS, mLINE s fixním i nastavitelným objemem, jedno-, čtyř- a osmikanálové elektronické pipety s nastavitelným objemem eLINE, Proline a ePET, elektronické dispenzery, mechanické steppery a láhvé dávkače. Široká nabídka příslušenství: špičky s filtrem i bez, sypané i v krabičkách, sterilní i nesterilní, stojánky otočné i lineární.

Origio



IVF - PICS - média - mikropipety

Origio - nové obchodní jméno sdružující firmy Medicult, (média pro humánní In Vitro fertilizaci, IVF), Humagen Fertility Diagnostic (mikropipety pro IVF) a MidAtlantic Diagnostic (instrumentace pro IVF)

ProteinSimple



Dokumentační systémy - záznam a digitální zpracování obrazu

Dokumentační systémy pro záznam, archivaci a analýzu gelů; CCD kamerové systémy pro detekci signálu chemiluminiscence, fluorescence, microarrays. Digitální zpracování obrazu dle požadované aplikace od funkční genomiky po analýzu genové exprese.

MiniCute dokumentační systém - malý, lehký a jednoduchý



s UltraBright transiluminátorem



s UltraSlim transiluminátorem

Malý a lehký:

pouze 1,5 kg; snadná manipulace

Snadné ovládání:

bez nutnosti připojení k počítači,
pouze digitální fotoaparát

Kompatibilita:

kompatibilní se stávajícím transiluminátorem

Specifikace:

Rozměry: 275 (š) x 238 (h) x 320 (v) mm
Hmotnost: 1,5 kg
Kamera: Fujifilm S1700 (12,2 Mpixelů)

Kat. číslo	Název	Cena (Kč)
MLU-01	MiniCute systém	38 990,-
MLU-01+SLB	MiniCute systém s transiluminátorem UltraSlim (470 nm, 12x7 cm)	46 990,-
MLU-01+MLB21	MiniCute systém s transiluminátorem UltraBright (302/365 nm, 21x26 cm)	51 990,-

Uvedené ceny jsou bez DPH, akce platí do 30. 9. 2012.

KRD-obchodní společnost s.r.o. | Tel.: 257 013 400, Fax: 257 013 405 / E-mail: krd@krd.cz, www.krd.cz



INNOVATION @ WORK



Your Favorite Gene™
SEARCH

Software Your Favorite Gene je velmi efektivní nástroj pro vyhledávání protilátek, shRNA, siRNA či jiných bioaktivních molekul. Stačí zadat symbol genu, který studujete (např. EGFR), a zobrazí se Vám všechny produkty se vztahem k tomuto genu. K dispozici je:

- **více jak 55 000 protilátek, purifikované proteiny**
- **databáze malých bioaktivních molekul - inhibitorů, agonistů**
- **siRNA, shRNA, esiRNA, miRNA**
- **knockout ZFN kity pro kompletní lidský, myši a potkaní genom**
- **laboratorní knockout a knockin modely na zakázku (zvířata i buněčné linie)**

To vše a navíc zobrazení proteinů v signální kaskádě, zobrazení interakcí s ostatními proteiny či propojení do dalších databází získáte jedním kliknutím.

Kde **YFG** vyhledávač najdu?

Nic snazšího, je umístěn přímo na naší domovské stránce

www.sigmaaldrich.com



Sigma-Aldrich spol. s r.o.
www.sigmaaldrich.com

Česká republika
Slovensko

Tel.: +420 246 003 200
Tel.: +421 02/555 71 562

Fax: +420 246 003 291
Fax: +421 02/555 71 564

SIGMA-ALDRICH®

GeneArt® Gene Synthesis Codon optimization challenge.

Improve protein expression up to 100-fold with GeneArt® expression-optimized genes

Select one of these offers and get started today!

- **Free cloning into Gateway® pDONR vector***
Use promotion code **P821595** when you place your order

OR

- **Your gene for 6,30 CZK — that's 20% off the list price***
Use promotion code **P821593** when you place your order

Go to lifetechnologies.com/genesyntesis and:

1. Click "Configure your project" and sign in to our secure online portal, or register a new account
2. Enter your promotion code of choice from above when you check out

For more information, please email
geneartsupport@lifetech.com

The GeneOptimizer® process has been shown to help deliver up to 100-fold increases in protein yield due to a combination of parameters, including codon optimization, that stabilize mRNA and maximize translational efficacy (Figure 1).

The GeneArt® GeneOptimizer® process significantly increases protein expression.

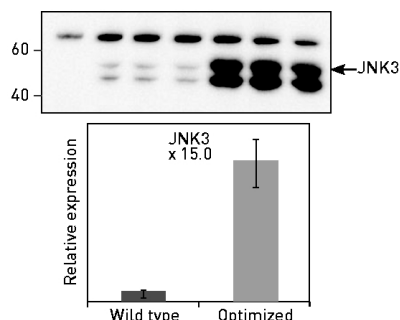


Figure1. Relative JNK3 protein expression levels of wild type protein, and JNK3 with gene sequence optimized by the GeneArt® GeneOptimizer® process [1]

[1] Fath S, Bauer AP, Liss M et al. [2011], PLoS One 6[3]:e17596.

* This promotion is open to customers who place an order for standard gene synthesis online, of less than 3 kb. Standard minimum order fees will apply. Offer will apply to qualifying orders received by Life Technologies no later than June 30, 2012, or until promotional supplies are depleted, whichever comes first. Customer can use the promotion code only once and only one offer will apply to a qualifying order. Discount only applies to a maximum of 1 qualifying gene synthesis order. Discount applies to list price in effect at the time order is received by Life Technologies. Cannot be combined with other discounts or promotions. Offer void where prohibited, licensed, or restricted by federal, state, provincial, or local laws or regulation or agency/institutional policy. Other restrictions may apply.

For research use only. Not intended for any animal or human therapeutic or diagnostic use. ©2012 Life Technologies Corporation. All rights reserved. The trademarks mentioned herein are the property of Life Technologies Corporation or their respective owners. C024625 0112 1001243

Fotografii na titulní stranu laskavě poskytl prof. Josef Chalupský.

Název: 42. Jírovcovy protozoologické dny
Podnázev: Sborník z konference
Redakce: Mgr. Tomáš Pánek (Přírodovědecká fakulta Univerzity Karlovy v Praze) a Mgr. Jan Mach (Přírodovědecká fakulta Univerzity Karlovy v Praze)
Grafická úprava: Mgr. Petr Soukal (Přírodovědecká fakulta Univerzity Karlovy v Praze)
Vydavatel: Univerzita Karlova v Praze, Přírodovědecká fakulta
Místo, rok vydání: Praha, 2012
Vydání: první
Rozsah: 72 stran
Náklad: 75 ks
Tisk: Tribun EU s.r.o., Cejl 892/32, Brno 602 00
Tato publikace neprošla jazykovou úpravou.
Neprodejné
ISBN: 978-80-7444-014-4

