

Hlavní strukturální protein VP1 je produktem pozdních polyomavirových genů a jedná se o největší a zároveň také nejvíce zastoupený protein celé polyomavirové kapsidy. Vzhledem k nízké kódující kapacitě polyomavirových genomů se uvažuje, že kromě strukturální role by protein VP1 mohl mít v pozdní fázi infekčního cyklu i řadu dalších funkcí. Právě na jejich studium je tato diplomová práce zaměřena. V případě proteinu VP1 myšího polyomaviru bylo pozorováno, že je schopen vázat se na strukturu buněčných mikrotubulů. Prvním cílem této práce bylo otestovat, jestli jsou pentamery proteinu VP1 schopny této vazby i bez účasti dalších buněčných (či virových) proteinů. Na základě *in vitro* experimentu můžeme říci, že se protein VP1 ke struktuře mikrotubulů váže velmi neefektivně. Druhým cílem této práce bylo připravit detekční systém, který by umožnil identifikovat potenciální interakční partnery proteinu VP1 polyomaviru BK. Proto byly připraveny expresní plazmidy produkující N a C koncově značený protein VP1, jenž měl tu vlastnost, být v transfekovaných buňkách biotinylován. Pomocí následné afinitní chromatografie byly izolovány celé proteinové komplexy, jež tento modifikovaný protein obsahovaly. Hmotností spektrometrií byly identifikovány jednotlivé izolované proteiny a po následné analýze a filtraci dat byl sestaven seznam 128 potenciálních interakčních partnerů proteinu VP1 polyomaviru BK.

**Klíčová slova:** myší polyomavirus, BK polyomavirus, protein VP1, VLPs, mikrotubuly, interakční partneři