

Abstrakt

Tato práce se zabývá uspořádáním RTX („Repeats in ToXin“) domén vybraných RTX toxinů a vlivem těchto struktur především na balení toxinů do nativní struktury jejich sekreci a. Pro strukturní analýzu byly vybrány RTX domény ApxI (*Actinobacillus pleuropneumoniae*-RTX-toxin I) z bakterie *Actinobacillus pleuropneumoniae*, HlyA (Alfa-hemolysin) z bakterie *Escherichia coli* a LtxA (Leukotoxin A) z bakterie *Aggregatibacter actinomycetemcomitans* a bloky 4 a 5 RTX domény CyaA (adenylátcyklázový toxin) z bakterie *Bordetella pertussis*. Podařilo se získat a charakterizovat struktury RTX domény LtxA a RTX bloky 5 a 4-5 CyaA. Na základě SAXS (maloúhlový RTG rozptyl) modelu, dříve vyřešených struktur RTX proteinů a zde prezentovaných struktur byly vytvořeny dva modely celé rozsáhlé RTX domény CyaA.