

## SOUHRN

Hypertrofická kardiomyopatie se řadí mezi nejčastější geneticky podmíněná onemocnění kardiovaskulárního systému. Ačkoliv je toto onemocnění známé dlouhou dobu, zatím neexistují snadno použitelné diagnostické postupy, které by odhalily chorobu v raných stádiích, což je zásadní zejména u jedinců s negativní nebo neznámou rodinnou anamnézou.

Tvorba metody cílené proteomické analýzy spolu s kvantifikací vybraných potenciálních markerů hypertrofické kardiomyopatie pomocí izotopicky značených standardů byla hlavním cílem předkládané dizertační práce. Touto metodou lze odhalit již velmi malá množství hledaných potenciálních markerů v minimálním množství biologického materiálu. V kombinaci s vhodně použitými standardy navíc umožňuje přesnou kvantifikaci velkého počtu analytů v relativně krátkém čase.

Pomocí cíleného proteomického přístupu bylo kvantifikováno několik proteinových markerů hypertrofické kardiomyopatie, které byly již dříve uvedeny v literatuře. Zároveň byl v rámci dizertační práce popsán plazmatický fibronectin jako nový potenciální marker tohoto onemocnění. Koncentrace několika vybraných proteinů byly závěrem stanoveny pomocí enzymoimunoanalytické metody a porovnány s výsledky cílené proteomické analýzy.

V rámci předkládané dizertační práce byla vytvořena a ověřena metoda cílené proteomické analýzy umožňující sledování hladin několika potenciálních markerů hypertrofické kardiomyopatie během jedné časově nenáročné analýzy. Z pohledu naplnění cílů dizertační práce byly tyto experimenty úspěšné. Studium problematiky kvantifikace proteinů ale ukázalo další možné úhly pohledu na námi aplikované postupy, které je třeba dále kriticky zvažovat, rozvíjet a zejména vhodně interpretovat.

**Klíčová slova:** hypertrofická kardiomyopatie, proteinové markery, cílená proteomická analýza, kvantifikace