

STRESZCZENIE

Anisakis simplex jest pasożytniczym nicieniem, powodującym u ludzi anisakiozę. Zagrożenie dla zdrowia mogą stanowić spożywane ryby zawierających żywe larwy *A. simplex*, ze względu na ich zdolność do penetracji błony śluzowej przewodu pokarmowego, jak i produkty żywnościowe skażone alergenami pasożyta, ze względu na występujące u ludzi ciężkie reakcje alergiczne. Wzrost popularności spożywania surowych ryb oraz gwałtowny wzrost liczebności populacji tego nicienia oraz poszerzenie zasięgów jego występowania przekłada się na zwiększenie liczby przypadków anisakiozy. Do tej pory biologia tego pasożyta wydaje się nie do końca poznana. Zasadnym wydaje się zatem dokładne zbadanie proteomu tego nicienia jako do tej pory niedokładnie scharakteryzowanego, który może dostarczyć informacji na temat molekularnych mechanizmów wzrostu i rozwoju pasożyta, jak również na temat interakcji pasożyt-żywicieli.

Głównym celem niniejszej pracy była identyfikacja i charakterystyka proteomu nicienia pasożytniczego *A. simplex* na poziomie globalnym i tankowym. W wyniku pierwszego eksperymentu opisano proteomy globalne dwóch stadiów rozwojowych, L3 i L4, nicienia *A. simplex*. Przy użyciu tandemowej spektrometrii mas sprzężonej z wysokoprzepustową chromatografią cieczową LC-MS/MS (ang. *ultra high-performance liquid chromatography coupled with high resolution tandem mass spectrometry*) i izobarycznego znakowania peptydów przy użyciu TMT (ang. *isobaric tandem mass tagging*) po raz pierwszy zidentyfikowano i scharakteryzowano jak dotąd najdokładniejszy i najobszerniejszy proteom tego gatunku. W wyniku drugiego eksperymentu, podjęto próbę identyfikacji białek nicienia w tkankach odpowiedzialnych za kontakt z gospodarzem, to jest w jelicie i kutikuli. W wyniku zastosowania podobnej metodyki oraz złożonej analizy danych proteomicznych uzyskano złożone zbiory białek charakterystycznych dla badanych tkanek nicienia.

Uzyskane wyniki dotyczące globalnego i tankowego proteomu *A. simplex* mogą służyć jako baza do opracowania nowych leków przeciwko anisakiozie i w przyszłości złagodzenia objawów tej choroby lub jej wyeliminowania u ludzi.

Ponadto, prezentowana metodyka przy użyciu proteomiki ilościowej opartej na TMT może posłużyć jako uniwersalne narzędzie do analizy globalnej dynamiki proteomicznej w stadiach i tkankach pasożytniczych nicieni.