

Number of project:

GUKPOST/29/2025

Name of the project:

Glycosome Dynamics: Unveiling Heterogeneity and Adaptation in Trypanosomatids

Abstract:

Peroxisomes are vital organelles found across eukaryotic species. In a small group of protists (specifically Kinetoplastea and Diplonemea euglenozoans), they give rise to unique organelles glycosomes, that involves glycolysis, fatty acid oxidation, and purine metabolism. However, their enzymatic content remains poorly understood. This project aims to investigate the enzymatic composition of glycosomes in two underexplored trypanosomatids, *Phytomonas serpens* and *Leptomonas seymouri*. We will examine whether glycosomes within a single species differ in their enzyme content and if specific enzymatic profiles are conserved across species. Additionally, we will evaluate the reliability of current peroxisomal targeting signal (PTS)-based models for enzyme localization, exploring potential alternative targeting mechanisms. Using molecular genetics, subcellular fractionation, fluorescence microscopy, and comparative analysis, this research will deepen our understanding of glycosomal diversity and function. The insights from this study will expand our knowledge of glycosomal evolution, their enzymatic specialization, and they may help identify new therapeutic targets for parasitic diseases caused by pathogenic trypanosomatid strains.

Abstrakt:

Peroxisómy sú esenciálne organely prítomné v eukaryotoch. V malej skupine prvokov (konkrétne v triedach euglenozóí Kinetoplastea a Diplonemea) z nich vznikli unikátne organely – glykozómy, ktoré sa podieľajú na glykolýze, oxidácii mastných kyselín a metabolizme purínov. Ich presné enzymatické zloženie je však stále iba nedostatočne preskúmané. Cieľom tohto projektu je analyzovať enzymatické zloženie glykozómov v dvoch málo prebádaných trypanozomatídach – *Phytomonas serpens* a *Leptomonas seymouri*. Zameriame sa na to, či sa zastúpenie enzýmov v glykozómoch v rámci jedného druhu líši, a či sú niektoré enzymatické profily konzervované naprieč druhmi. Zároveň preveríme spoľahlivosť súčasných modelov lokalizácie enzýmov založených na peroxizómovej signálnej sekvencii (PTS) a preskúame možné alternatívne mechanizmy zacielenia. Využitím molekulárnej genetiky, subcelulárnej frakcionácie, fluorescenčnej mikroskopie a komparatívnej analýzy tento výskum prispeje k hlbšiemu porozumeniu diverzity a funkcie glykozómov. Získané poznatky rozšíria naše chápanie evolúcie glykozómov, ich enzymatickej špecializácie a môžu napomôcť pri identifikácii nových terapeutických cieľov proti parazitickým ochoreniam spôsobených patogénnymi kmeňmi trypanozomatíd.