

PRIJÍMACIE KONANIE NA DOKTORANDSKÉ ŠTÚDIUM NA AKADEMICKÝ ROK 2024/2025

Fakulta prírodných vied Univerzity sv. Cyrila a Metoda v Trnave vypísala prijímacie konanie na doktorandské štúdium v študijnom programe

Molekulárna biológia

v dennej a externej forme štúdia. O prijatie na štúdium môžu žiadať absolventi domácich alebo zahraničných vysokých škôl, ak majú ukončené magisterské alebo inžinierske štúdium.

Termín podania prihlášky je do 31. mája 2024. Uchádzači sa prihlasujú na vypísané témy.

K prihláške uchádzač priloží:

1. overený vysokoškolský diplom v totožnom, alebo príbuznom odbore a programe,
2. vysvedčenie zo štátnej skúšky,
3. stručný životopis spolu so súpisom publikovaných i nepublikovaných prác,
4. potvrdenie od lekára o zdravotnej spôsobilosti,
5. doklad o absolvovanej praxi (nie je povinné),
6. rámcový projekt k téme dizertačnej práce.

Prijímacie konanie má charakter výberového konania formou rozhovoru. Uchádzač počas prijímacieho konania prezentuje svoje motívy a predpoklady na štúdium, projekt k téme dizertačnej práce a aj znalosti cudzieho jazyka. Na prijímacom konaní bude zohľadňovaná účasť uchádzača na vedeckých konferenciách a jeho výsledky počas magisterského resp. inžinierskeho štúdia. Uchádzač o externú formu štúdia predloží potvrdenie o zamestnaní v odbore.

Kontaktná adresa: Fakulta prírodných vied UCM v Trnave, Nám. J. Herdu 2, 917 01 Trnava
tel.: 033/55 65 321, 033/55 65 318
e-mail: dekan.fpv@ucm.sk

doc. RNDr. Iveta Dirgová Luptáková, PhD.
dekanka FPV UCM v Trnave

Témy dizertačných prác v akademickom roku 2024/2025 pre študijný program:

Molekulárna biológia

Názov témy: Objasnenie etiológie a kauzálnych agensov pri vybraných virózach rastlín

Školiteľ: doc. Ing. Miroslav Glasa, DrSc.

Pracovisko: Oddelenie biológie, ÚBB FPV UCM v Trnave; Biomedicínske centrum SAV, Virologický ústav, Bratislava.

Forma štúdia: denná

Anotácia: Analýza virómu poľnohospodárskych plodín ale aj divorastúcich rastlín pomocou progresívnych sekvenčných technológií odhalila komplexnosť vírusových ochorení. Tieto sú často spôsobené prítomnosťou viacerých vírusových alebo subvírusových agensov pôsobiacimi v individuálnej rastline v komplikovaných synergických a antagonistických interakciách. Tieto vzájomné vzťahy sú v mnohých prípadoch nedostatočne známe, pritom významne ovplyvňujú celkovú etiológiu, závažnosť a symptomatológiu vírusového ochorenia. Kontrola vírusovej infekcie je komplikovaná rýchlym vývojom vírusových populácií formovaných častými mutáciami a rekombináciami genómu, obrovskou variabilitou vírusov a individuálnymi zvláštnosťami ich patogenézy. Práca sa zameriava na identifikáciu jednotlivých vírusov v komplexných zmiešaných infekciách pri vybraných vzorkách poľnohospodárskych plodín alebo divorastúcich rastlín pomocou masívneho paralelného sekvenovania. Zhodnotí sa ich molekulárna diverzita a možné rozdiely v genomických vlastnostiach a optimalizujú sa špecifické nástroje na ich detekciu (najmä na báze RT-PCR). Následne sa na základe špecifických rozdielov v hostiteľskom okruhu alebo spôsobu vektormi-sprostredkovaného alebo vertikálneho prenosu experimentálne získajú jednoagensové infekcie, ktorých biologické vlastnosti budú experimentálne sledované. Získané výsledky prispievajú k pochopeniu zložitej etiológie vírusových ochorení rastlín a poskytnú poznatky potrebné k ich efektívnemu manažmentu.

Názov témy: Štúdium prítomnosti génov a ich expresie spätých s potenciálnou sexuálnou reprodukciou u nefotosyntetizujúceho bičíkovca Euglena longa

Školiteľ: prof. RNDr. Juraj Krajčovič, CSc.

Pracovisko: Oddelenie biológie, ÚBB FPV UCM v Trnave

Forma štúdia: denná

Anotácia: Práca má za cieľ preskúmať prítomnosť širokej škály tzv. meiotických génov v genetickej výbave nefotosyntetizujúceho bičíkovca *Euglena longa* a ich expresiu za rôznych experimentálnych podmienok a porovnať ich s inými členmi taxónu Euglenozoa. Meióza, základný biologický proces, ktorý zohráva významnú úlohu pri vytváraní a udržiavaní genetickej variability, no u euglenoidných bičíkovcov nebola sexuálna reprodukcia pozorovaná. Pilotné štúdie u príbuzných euglenoidných bičíkovcov však naznačujú prítomnosť génov s spojených s pohlavným rozmnožovaním, a teda potenciálnu schopnosť sexuálnej reprodukcie aj u iných euglenoidných bičíkovcov. Napriek svojej dôležitosti neboli meiotické gény a ich expresia doteraz u *E. longa* podrobne študované.

Cieľom práce je:

- Poskytnúť komplexný prehľad literatúry o fenoméne meiózy s dôrazom na kľú-čové gény zapojené do tohto procesu a na evolúciu meiózy, a to ako tzv. esen-ciálnych, u ktorých nebola zatiaľ zistená iná funkcia ako len sexuálnom prenose (cca 10), ako aj takých, ktoré zohrávajú významnú funkciu v pohlavnom repro-dukčnom procese u už študovaných organizmov, no je známe, že sa zapájajú aj do iných metabolických procesov v bunkách;
- Zostaviť zoznam génov a ich produktov spojených s pohlavným rozmnožovaním u bičíkovca *Euglena longa*;
- Využiť pokročilé bioinformatické metódy na vyhľadávanie týchto génov v genó-me, resp. následne aj v transkriptóme (PCR a qPCR), prípadne v proteóme, či metabolóme *Euglena longa* a porovnať výsledky s hlavne blízko príbuznou *Eugle-na gracilis*;
- Vykonať fylogenetické analýzy meiotických génov, ktoré sa nachádzajú v rôz-nych eukaryotických mikroorganizmoch, prispievajúc k hlbšiemu pochopeniu evolučnej histórie a reprodukcie organizmov za rôznych experimentálnych podmienok.

Názov témy: Alfa-amylázové enzýmové rodiny v databáze CAZy a ich škrob-viažuce domény

Školiteľ: prof. Ing. Štefan Janeček, DrSc.

Pracovisko: Oddelenie biológie, ÚBB FPV UCM v Trnave

Forma štúdia: denná

Anotácia: Téma PhD-štúdia je zameraná na štúdium amylolytických enzýmov a ich škrob-viažucich domén bioinformatickými, t.j. in silico prístupmi. Predmetom štúdia budú amylolytické enzýmy z alfa-amylázových rodín, ktoré sú na základe svojich primárnych štruktúr klasifikované v databáze CAZy (Carbohydrate-Active enZymes; <http://www.cazy.org/>) do viacerých rodín glykozidových hydroláz (GH): (i) klan GH-H – rodiny GH13, GH70 a GH77; (ii) klan GH-S – rodiny GH57 a GH119; a (iii) rodina GH126. Napr. hlavná alfa-amylázová rodina GH13 – súčasť klanu GH-H a zároveň rozdelená do 47 podrodín – obsahuje viac ako 175 tisíc sekvencií proteínov, ktoré reprezentujú cca 30 rôznych enzýmových špecifít (január 2024). Škrob-viažuce domény boli klasifikované do tzv. CBM rodín. Amylolytické enzýmy z jednotlivých rodín sa navzájom líšia vo svojich sekvenciách a štruktúrach, doménovom usporiadaní svojich proteínových molekúl, ako aj katalytických mašinériách. Toto všetko odráža ich evolučnú históriu vo vzťahu k enzýmovej špecifite a taxonómii. Hlavnými cieľmi práce bude prispieť k poznaniu unikátnych sekvenčno-štruktúrnych črt zodpovedných za konkrétne vlastnosti jednotlivých amylolytických enzýmov, najmä s ohľadom na ich substrátovú preferenciu a produktový profil, ako aj k objasňovaniu ich evolúcie. Práca by mala tiež umožniť definovanie nových enzýmových podrodín a priradovanie enzýmovej špecifity pre hypotetické proteíny získavané zo sekvenovania kompletných genómov. Ďalšie možné využitie získaných poznatkov je proteínový dizajn amylolytických enzýmov. Dizertačná práca sa bude realizovať v Laboratóriu evolúcie proteínov (<http://imb.savba.sk/~janecek/>), ktoré patrí k popredným svetovým pracoviskám zapojených do štúdia amylolytických enzýmov v najširšom zmysle slova. K programu PhD-štúdia patrí aj zapojenie do širokej medzinárodnej spolupráce s možnosťou vycestovania na krátkodobé aj dlhodobé stáže v renomovaných zahraničných laboratóriách v Európe aj zámorí, kde je možné venovať sa vlastnej experimentálnej práci doktoranda zacielenej na potvrdenie hypotéz z bioinformatického prístupu k štúdiu amylolytických enzýmov vykonávaného v domácom laboratóriu.

Názov témy: Klonálna diverzita a distribúcia faktorov virulencie u choleroých a non-choleroých vibrií izolovaných z akvatických biotopov Slovenska

Školiteľ: doc. RNDr. Milan Seman, CSc.

Pracovisko: Oddelenie biológie, ÚBB FPV UCM v Trnave

Forma štúdia: denná

Anotácia: Vibriá, baktérie patriace do rodu *Vibrio*, sa prirodzene vyskytujú vo všetkých typoch vodného prostredia na celom svete. Rod tvorí viac ako 100 druhov, mnohé z nich sú významné patogény rýb a morských bezstavovcov (koraly), dvanásť je deklarovaných ako humánne patogény. Dominantným druhom je *V. cholerae*, ktorého séro skupiny O1 a O139 spôsobujú akútne hnačkové ochorenie – cholera. Ide o agresívnu intestinálnu infekciu, ktorou sa celoplanetárne ročne nakazí niekoľko miliónov ľudí a ktorá v mnohých prípadoch končí fatálne. Aj ďalšie druhy patogénnych vibrií (non-choleroové, séro skupina non-O1) môžu u ľudí vyvolať hnačkové ochorenia, avšak nie tak závažné ako tie choleroové.

Cieľom práce bude charakterizovať súbor archívnych kmeňov choleroových a non-choleroových vibrií, izolovaných z geograficky diverzných lokalít Slovenska, aplikáciou molekulárno-biologických a konvenčných metód. Ich prezumpatívny taxonomický status bude potvrdený PCR technikou determinovaním druhovo špecifických génov pre konkrétne taxóny. Epidemický potenciál izolátov bude hodnotený stanovením hlavných faktorov virulencie (gény *ctxAB*, *tcpA*, *toxR*, *ace*, *zot*, *hly*, *st*), ako aj stanovením antibiotického profilu a tvorby biofilmu. Klonálny profil súboru, realizovaný ribotypizáciou (*rrn* operón) a sekvenčnou analýzou (MLST), bude zameraný na determinovanie vnútrodruhovej variability a populačnej štruktúry izolátov v komparácii s ich geografickým pôvodom. Fylogenetická analýza prispeje k objasneniu pôvodu izolátov a ich cirkulácie v akvatických biotopoch Slovenska, ako aj identifikácii potenciálnych zdrojov nákazy.

Názov témy: Regulácia príjmu a tolerancie toxických kovov v pletivách vybraných poľnohospodárskych plodín

Školiteľ: prof. Mgr. Ildikó Matušiková, PhD.

Pracovisko: Oddelenie environmentálnych vied, ÚCHEV FPV UCM v Trnave **Forma štúdia:** denná

Anotácia: Dizertačná práca sa zameriava na pochopenie molekulárnych mechanizmov, ktoré sa podieľajú na tolerancii rastlín na prítomnosť kovov. Vo vybraných plodinách bude študovať vplyv rôznych faktorov na príjem a akumuláciu iónov kovov, vrátane genetického pozadia či prítomnosti mykorrhíznych húb. Metódami analýz expresie génov, aktivity enzýmov, obsahu chelatujúcich metabolitov a bioinformatiky vyhodnotí, ako tieto procesy spolupracujú pri adaptácii rastlín na toxicitu kovov v prostredí. Experimenty zahŕňajú aj analýzy kinetiky príjmu kovu a jeho distribúciu do nadzemných častí rastlín na úrovni celej rastliny pomocou rádioanalytických metód. Cieľom práce bude aj načrtnúť nové perspektívy pre kontrolu resp. reguláciu príjmu kovov rastlinami pre aplikačnú prax.

schválili:

prof. RNDr. Juraj Krajčovič,
CSc.

Predseda odborovej
komisie doktorandského štúdia v študijnom
programe Molekulárna biológia



Univerzita sv. Cyrila a Metoda v Trnave
Fakulta prírodných vied
Plámestie Jozefa Herdu 2
917 01 Trnava

doc. RNDr. Iveta Dirgová Luptáková, PhD.
dekanka FPV UC