

## PRIJÍMACIE KONANIE NA DOKTORANDSKÉ ŠTÚDIUM NA AKADEMICKÝ ROK 2025/2026

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 2025. 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](mailto:dekan.fpv@ucm.sk)

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

## Témy dizertačných prác v akademickom roku 2025/2026 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; Virologický ústav, Biomedicínske centrum SAV, Bratislava

**Forma štúdia:** denná

**Anotácia:** Analýza virómu poľnohospodárskych plodín ale aj divorastúcich rastlín pomocou progresívnych sekvenačných 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 spôsobe 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: Genetická a metabolická analýza zriedkavých kardiovaskulárnych ochorení**

**Školiteľ:** Mgr. Dominika Vešelényiová PhD.

**Pracovisko:** Oddelenie biológie, ÚBB FPV UCM v Trnave

**Forma štúdia:** denná

**Anotácia:** Kardiovaskulárne ochorenia predstavujú významnú výzvu v oblasti výskumu a klinickej praxe. Mnohé zriedkavé genetické poruchy ovplyvňujúce kardiovaskulárny systém nie sú dostatočne preskúmané a doposiaľ neidentifikované genetické varianty môžu zohrávať kľúčovú úlohu v ich vzniku a progresii. Tento doktorandský projekt je zameraný na analýzu DNA pacientov trpiacich zriedkavými kardiovaskulárnymi poruchami s cieľom identifikovať gény a genetické varianty spojené s ochorením. Identifikované varianty budú ďalej skúmané pomocou bioinformatických nástrojov a molekulového modelovania na predikciu ich možného vplyvu na funkciu proteínov a mechanizmus ochorenia. Na hlbšie pochopenie molekulárnych základov týchto porúch budú uskutočnené aj proteomické a metabolické analýzy s cieľom identifikovať kľúčové biomarkery dôležité pre diagnostiku a potenciálne terapeutické stratégie.

**Názov témy: Gény zodpovedné za syntézu zásobného polysacharidu paramylonu u bičkovca *Euglena gracilis* a ich potenciálna modifikácia**

**Školiteľ:** prof. RNDr. Juraj Krajčovič, CSc

**Pracovisko:** Oddelenie biológie, ÚBB FPV UCM v Trnave

**Forma štúdia:** denná

**Anotácia:** Bičkovce z rodu *Euglena* patriace medzi jednobunkové eukaryotické mikroorganizmy (Protista, fylogenetická línia Excavata), osídľujú prevažne sladkovodné prostredie. Vyznačujú sa viacerými unikátnymi charakteristikami, medzi ktoré patrí aj ich prekvapivo komplexný metabolizmus cukrov. Paramylon predstavuje zásobný polysacharid syntetizovaný rodom *Euglena* za aeróbných podmienok v atypickej forme vysoko kryštalizovaných granúl s komplexnou fibrilárnou štruktúrou, ktoré sú ohraničené biomembránou charakteru lipidovej dvojvrstvy. Granuly paramylonu sú v bunke distribuované v cytosole, v prípade fotoautotrofie sa ich lokalizácia sústreďuje prevažne v blízkosti pyrenoidu, na povrchu chloroplastu. Produkcia paramylonu u *E. gracilis* je za aeróbných podmienok katalyzovaná enzýmom paramylon syntáza ( $\beta$ -(1,3)-glukan syntáza), ktorý využíva UDP-glukózu ako substrát. Enzým  $\beta$ -(1,3)-glukan syntáza sa zaraďuje medzi glykozidové transferázy (EC 2.4.1.34). Čiastočná purifikácia paramylon syntázy z *E. gracilis* preukázala, že tento enzým predstavuje membránovo viazaný komplex zložený z minimálne siedmich proteínových podjednotiek s molekulovou hmotnosťou okolo 670 kDa. V práci budú bunky divého kmeňa *E. gracilis* kmeň Z, resp. varietas bacillaris, študované za rôznych kultivačných podmienok (svetlo, tma, rôzne zloženie média a teplota), t.j. fotoautotrofne a mixotrofne u buniek divého typu, resp. heterotrofne, a to u vybielených mutantov. Pomocou Real Time PCR sa budú sledovať zmeny v transkripčných profiloch, resp. v prípade niektorých zo siedmich podjednotiek enzýmu paramylon syntáza ( $\beta$ -(1,3)-glukan syntáza), sa zväži možnosť ich potenciálnej modifikácie technikou CRISP-Cas9.

**Názov témy: Sekundárne metabolity lišajníkov ako nástroj na elimináciu rastlinných fytopatogénov vírusového pôvodu pri hospodársky významných druhoch rastlín**

**Školiteľ:** prof. Mgr. Daniel Mihálik, PhD.

**Pracovisko:** Oddelenie biológie, ÚBB FPV UCM v Trnave; Národné poľnohospodárske a potravinárske centrum, Výskumný ústav rastlinnej výroby, Piešťany

**Forma štúdia:** denná

**Anotácia:** Rastlinné vírusy sú významnou triedou fytopatogénov spôsobujúcich celosvetovo obrovské straty v rastlinnej produkcii, výrazne znižujú výnosy plodín, ale aj kvalitu poľnohospodárskych produktov. Výskyt nových druhov vírusov, nových variantov existujúcich vírusov, objav nových rezervoárov vírusových infekcií, vektorov, spôsobov prenosu, zmeny poľnohospodárskych postupov, výskyt zmiešaných infekcií spôsobujúcich synergiu chorôb, vplyvy globálneho otepľovania predstavujú hlavné riziká výskytu vírusových chorôb rastlín. V súčasnosti existujú len obmedzené spôsoby boja proti týmto fytopatogénom. Prostriedky na ich elimináciu sú len obmedzené, dočasné a ľahko prekonateľné. Niektoré z nich využívajú postupy genetického inžinierstva a sú neakceptovateľné širokou verejnosťou. Neexistuje žiaden účinný univerzálny pesticíd potláčajúci vírusové ochorenia hospodársky významných druhov rastlín. Medzi najvýznamnejšie vírusy, ktoré spôsobujú rozsiahle škody patria tobamovírusy. V tomto projekte ponúkame riešenie založené na využití sekundárnych metabolitov lišajníkov s biocídnymi účinkami. Nejedná sa o hypotetické riešenie, naša hypotéza sa zakladá na reálnom antivirotickom účinku týchto metabolitov, čo nám potvrdili naše primárne výsledky výskumu. Objektom štúdia budú rastliny rajčiaka jedlého a tobamovírusy atakujúce tento rastlinný druh.

**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 150 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-cholerové, séro skupina non-O1) môžu u ľudí vyvolať hnačkové ochorenia, avšak nie tak závažné ako tie cholerové.

Cieľom práce bude charakterizovať súbor archívnych kmeňov choleroých a non-choleroých vibrií, izolovaných z geograficky diverzných lokalít Slovenska, aplikáciou molekulárno-biologických a konvenčných metód. Ich prezumpatívny taxonomický status bude konfirmovaný 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 vnútrodruhej 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 k identifikácii potenciálnych zdrojov nákazy.

**Názov témy: Sledovanie vplyvu stresu na metabolizmus *Euglena gracilis***

**Školiteľ:** doc. RNDr. Lubica Uváčková, PhD.

**Pracovisko:** Oddelenie biológie, ÚBB FPV UCM v Trnave

**Forma štúdia:** denná

**Anotácia:** Bičíkovec *Euglena gracilis* patrí do skupiny fotosyntetizujúcich mikroorganizmov, ktoré majú obrovský potenciál pre svoju schopnosť produkovať rôzne biotechnologicky zaujímavé látky a uplatnenie v environmentálnych technológiách. *Euglena* je fylogeneticky pomerne vzdialená od iných fototrofných mikroorganizmov z rozmanitých skupín rias. Má sekundárne, tzv. komplexné plastidy, ktoré sú ohraničené tromi membránami a môže prežiť aj po znefunkčnení plastidov. Na analýzu metabolizmu *E. gracilis* využijeme nástroje kvantitatívnej proteomiky (quantitative proteomics; dvojrozmerná elektroforéza kombinovaná s hmotnostnou spektrometriou (MS) a kvapalinová chromatografia kombinovaná s MS). Skúmanie metabolických dráh na úrovni proteómu v podmienkach stresu by mohlo pomôcť rozšíriť priemyselné a iné využitie tohto organizmu a tiež napomôcť k lepšiemu pochopeniu jeho mimoriadnej metabolickej plasticity.

schválili:

**prof. RNDr. Juraj Krajčovič, CSc.**

Predseda odborovej komisie doktorandského štúdia v  
študijnom programe *Molekulárna biológia*

**doc. RNDr. Iveta Dirgová Luptáková, PhD.**

dekanka FPV UCM