

## **PRIJÍMACIE KONANIE NA DOKTORANDSKÉ ŠTÚDIUM NA AKADEMICKÝ ROK 2022/2023**

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 15. júna 2022. Uchádzači sa prihlasujú na vypísané témy.**

K prihláške uchádzač priloží:

- overený vysokoškolský diplom v totožnom, alebo príbuznom odbore a programe,
- vysvedčenie zo štátnej skúšky,
- stručný životopis spolu so súpisom publikovaných i nepublikovaných prác,
- potvrdenie od lekára o zdravotnej spôsobilosti,
- doklad o absolvovanej praxi (nie je povinné),
- 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 študentskej vedeckej konferencii 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 65 316

e-mail: [dekan.fpv@ucm.sk](mailto:dekan.fpv@ucm.sk)

doc. Ing. Jozef Sokol, CSc.

dekan FVP UCM v Trnave

## Témy dizertačných prác a školitelia pre doktorandský študijný program molekulárna biológia v akademickom roku 2022/2023

### 1. Analýza virómu viniča hroznorodého (*Vitis vinifera* L.) a optimalizácia molekulárnej detekcie vírusových patogénov

**Forma štúdia:** denná

**Školiteľ:** Ing. Miroslav Glasa, DrSc.,

**Pracovisko:** Katedra biológie FPV UCM v Trnave a Biomedicínske centrum SAV, Virologický ústav, Bratislava.

**Financovanie:** VEGA 2/0030/20 (1/2020-12/2023), APVV-18-0005 (6/2019-6/2023), APVV-20-0005 (6/2021-6/2025) (Ing. Miroslav Glasa, DrSc.)

**Anotácia:** Vinič hroznorodý (*Vitis vinifera* L.) je spomedzi pestovaných trvácich plodín hostiteľom najväčšieho počtu vírusov. Doteraz bolo na viniči identifikovaných viac ako 80 rôznych vírusových a subvírusových patogénov. Nedávne zavedenie sekvenácie novej generácie (NGS) do rastlinnej virológie významne zmenilo pohľad na zložitosť vírusových infekcií rastlín a zároveň otvorilo nové možnosti štúdia rastlinného virómu. NGS dáta navyše odhalili, že koinfekcia rastlín viacerými vírusmi je zjavne skôr pravidlom ako výnimkou, najmä pri vegetatívne rozmnožovaných plodinách. Kontinuálna kompletná indexácia vírusov viniča je potrebná z hľadiska prijímania účinných fyto-sanitárnych opatrení a neustálej hrozbe emergencie a reemergencie vírusových druhov. Práca sa zameriava na analýzu virómu viniča hroznorodého využitím masívneho paralelného sekvenovania s cieľom identifikácie čo najširšieho spektra vírusových a subvírusových patogénov a ich parciálnej alebo celogenómovej molekulárnej charakterizácie. Keďže prijímanie účinných fyto-sanitárnych opatrení závisí na včasnej a presnej detekcii patogénov v rastlinách, pozornosť bude venovaná aj optimalizácii a validácii molekulárnych detekčných testov (najmä RT-PCR) s prihliadnutím na mimoriadnu genetickú variabilitu vírusov. Zhodnotenie molekulárnej heterogenity, generovanej rôznymi evolučnými mechanizmami, umožní lepšie pochopiť komplexnosť vírusových infekcií a ich vplyv na celkovú etiológiu viróz.

**Kľúčové slová:** viróm; vinič hroznorodý; molekulárna diverzita; sekvenovanie novej generácie; detekcia.

### 2. Dynamika trváciach procesov v mäsožravých rastlinách

**Forma štúdia:** denná

**Školiteľ:** doc. Mgr. Ildikó Matušíková, PhD.

**Pracovisko:** Katedra ekochémie a rádioekológie FPV UCM v Trnave

**Financovanie:** KEGA 022UCM-4/2021 (2021-2023)

**Anotácia:** Rastlinný pôvod tráviacich enzýmov v pasciach mäsožravých rastlín bol potvrdený len nedávno, pričom tieto štúdie vyústili do izolácie prvých jadrových génov z tejto skupiny rastlín vôbec. V súčasnosti je už publikovaný genóm niekoľkých druhov mäsožravých rastlín, čo potvrdzuje obrovský nárast záujmu o štúdium ich ekofyziológie, evolúcie ale aj aplikačného potenciálu. Dizertačná práca bude zameraná na dynamiku tráviacich procesov rosičiek (Droseraceae) v závislosti od typu tráviaceho substrátu na listoch a času. Zmeny aktivít vybraných enzýmov (hydroláz) v tráviacich výlučkoch budú komplementované analýzami aktivít členov príslušných génových rodín, ktoré boli už identifikované *in silico*. Výsledky práce umožnia nielen popísať a zhodnotiť pôsobenie vybraných typov hydroláz v procese trávenia koristi, ale aj odhaliť ich súhrn prípadne reguláciu. Výsledky ďalej umožnia vyhodnotiť odlišnosti v mechanizmoch trávenia rosičiek s mechanizmami pomerne dobre popísanými pre iný typ pascí (napr. krčiažnikov).

**Kľúčové slová:** chitinázy; nukleázy; RT-PCR; enzýmový substrát; tráviace pasce.

### 3. Bioinformatické prístupy k štúdiu sekvencií, štruktúr, špecificít a evolúcii amylolytických enzýmov

**Forma štúdia:** denná

**Školiteľ:** Prof. Ing. Štefan Janeček, DrSc.

**Pracovisko:** Katedra biológie FPV UCM v Trnave

**Anotácia:** Téma PhD-štúdia je zameraná na štúdium amylolytických enzýmov 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) rodiny GH57 a GH119; a (iii) rodina GH126. Napr. hlavná alfa-amylázová rodina GH13 – súčasť klanu GH-H a zároveň rozdelená do 44 podrodín – obsahuje viac ako 127 tisíc sekvencií proteínov, ktoré reprezentujú cca 30 rôznych enzýmových špecificít (február 2022). 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 špecificite 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 špecificity pre hypotetické proteíny získavané zo sekvenovania kompletných genómov. Ďalšie možné využitie získaných poznatkov je

proteínový dizajn amylolytických enzýmov. 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.

**Kľúčové slová:** amylolytic enzymes; bioinformatics analysis; conserved sequence regions; structure-function relationships; evolutionary relatedness; protein design.

#### 4. Črevná mikrobiota a diabetická periférálna neuropatia: účinok cementirestatu v potkaňom modeli diabetu

**Forma štúdia:** denná

**Školiteľ:** Dr. Domenico Pangallo, DrSc.

**Pracovisko:** Katedra biológie FPV UCM v Trnave a Laboratórium environmentálnej a potravinovej mikrobiológie, ÚMB SAV, Bratislava

**Financovanie:** APVV-20-0411

**Anotácia:** Mikrobiálna nerovnováha vo vnútri gastrointestinálneho traktu (dysbióza) môže byť spojená s metabolickými poruchami ako je obezita, inzulínová rezistencia, diabetes a imunitná dysfunkcia. Tieto prepojenia sú však stále kontroverzné a vyžadujú ďalší výskum. Cieľom tohto projektu je lepšie porozumenie vzájomných interakcií črevnej mikrobioty a diabetického stavu a odhalenie ich dôsledkov na vývoj chronických diabetických komplikácií s dôrazom na periférnu neuropatiu. Budú sa študovať účinky cementirestatu, nového inhibítora aldózareduktázy, na vyššie uvedené procesy. Experimentálne údaje poskytnú cenné poznatky o úlohe zmien črevnej mikrobioty v etiológii diabetickej periférnej neuropatie a naznačia možné terapeutické prístupy.

**Kľúčové slová:** diabetických komplikácií; mikrobióm; cementirestat; MinION platforma.

#### 5. Štartovacie a prídavné kultúry na výrobu slovenskej bryndze s tradičnými organoleptickými vlastnosťami

**Forma štúdia:** denná

**Školiteľ:** Mgr. Lucia Kraková, PhD.

**Pracovisko:** Katedra biológie FPV UCM v Trnave a Laboratórium environmentálnej a potravinovej mikrobiológie, ÚMB SAV, Bratislava

**Financovanie:** APVV-20-0001

**Anotácia:** Cieľom tohto výskumného projektu bude syntetizovať doteraz získané poznatky, využiť internú zbierku mikrobiálnych izolátov z tradičných slovenských syrov vytvorenú v rámci predchádzajúcich výskumných projektov a doplniť tieto o ďalšie potrebné poznatky a ďalšie kmene baktérií mliečneho kysnutia i kvasiniek a vláknitých húb ako kandidátov na štartovacie kultúry. Predkladaný výskumný projekt sa bude zaoberať charakterizáciou mikrobiálnych spoločenstiev a genetickou charakterizáciu mikroorganizmov v srvátkových kultúrach a zrecích miestnostiach, na čo sa použijú kultivačné mikrobiologické metódy a moderné molekulárno-biologické metódy vrátane veľkokapacitného paralelného sekvenovania DNA (High-throughout sequencing). Výstupom projektu bude súbor kmeňov mikroorganizmov a poznatkov o ich metabolickom potenciáli, vrátane údajov z ich experimentálnej aplikácie, ktoré bezprostredne umožnia technický vývoj štartovacích kultúr pre výrobu bryndze s tradičnými organoleptickými vlastnosťami.

**Kľúčové slová:** syr; baktérie mliečneho kysnutia; kvasinky; vláknité huby; mikrobióm; MinION platforma.

V Trnave 08.03.2022

schválili:

prof. RNDr. Juraj Krajčovič, PhD.

Predseda odborovej komisie doktorandského štúdia  
v odbore Biológia

doc. Ing. Jozef Sokol, CSc. mim. profesor

dekan FPV UCM