

PRIJÍMACIE KONANIE NA DOKTORANDSKÉ ŠTÚDIUM NA AKADEMICKÝ ROK 2026/2027

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 2026. 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 2026/2027 pre študijný program:

Molekulárna biológia

Názov témy: Komplexná genetická charakterizácia embryí v preimplantačnej diagnostike IVF s využitím bioinformatických prístupov

Školiteľ: Mgr. Dominika Vešelényiová, PhD.

Pracovisko: Oddelenie biológie, ÚBB FPV UCM v Trnave

Forma štúdia: externá

Anotácia: Dizertačná práca je zameraná na molekulárno-genetickú a bioinformatickú analýzu genetických variantov identifikovaných pri preimplantačnom genetickom testovaní blastocýst v rámci asistovanej reprodukcie. *In vitro* fertilizácia (IVF) predstavuje dynamicky sa rozvíjajúcu oblasť reprodukčnej medicíny, pričom preimplantačné genetické testovanie umožňuje detekciu chromozomálnych aberácií a patogénnych variantov v raných štádiách vývoja embrya, čím prispieva k zvýšeniu úspešnosti IVF a k prevencii prenosu závažných dedičných ochorení. Napriek rastúcemu využívaniu týchto diagnostických prístupov stále absentuje systematická analýza genetických dát zo slovenského prostredia.

Cieľom dizertačnej práce je analyzovať DNA blastocýst získanú v rámci štandardného preimplantačného genetického testovania so zameraním na identifikáciu patogénnych nukleotidových variantov v génoch asociovaných s monogénovými ochoreniami a na charakterizáciu numerických a štruktúrnych chromozomálnych aberácií vedúcich k syndrómovým poruchám (napr. Downov a Edwardsov syndróm). Výskum bude zahŕňať biostatistické hodnotenie incidencie a frekvencie identifikovaných variantov vo vzťahu k veku matky a vybraným klinickým premenným, ako aj analýzu časových trendov a populačných špecifik v slovenskom a českom IVF súbore za posledných päť rokov. Súčasťou práce bude bioinformatická analýza identifikovaných variantov vrátane klasifikácie typu mutácie, predikcie funkčného dopadu na proteínovú sekvenciu a štruktúru a modelovania 3D štruktúry vzniknutých proteínov pomocou dostupných výpočtových nástrojov. Získané výsledky budú následne porovnané s publikovanými dátami zo zahraničných populačných štúdií s cieľom identifikovať regionálne špecifiká genetického profilu blastocýst. Výstupy práce majú potenciál prispieť k optimalizácii genetického poradenstva, zvýšeniu úspešnosti asistovanej reprodukcie a k rozvoju personalizovaných prístupov v reprodukčnej medicíne.

Názov témy: Kultúrne dedičstvo a mikrobiológia: Diagnostika deteriorujúcich mikrobiálnych spoločenstiev a enzymatické prístupy v reštaurátorských postupoch

Školiteľ: Dr. Domenico Pangallo, DrSc.

Pracovisko: Oddelenie biológie, ÚBB FPV UCM v Trnave; Ústav molekulárnej biológie SAV, v. v. i.

Forma štúdia: denná

Anotácia: V rámci tejto doktorandskej témy bude na ochranu predmetov kultúrneho dedičstva pred mikrobiálnym znehodnotením vyvinutá a optimalizovaná kombinácia kultivačne závislých diagnostických prístupov (metódy mikrobiálnej kultivácie) s kultivačne nezávislými (metódy vysokovýkonného sekvenovania). Budú taktiež vyvinuté stratégie biočistenia založené na mikrobiálnych enzýmoch, s cieľom odstrániť nežiaduce syntetické a prírodné polyméry z povrchov predmetov kultúrneho dedičstva.

Názov témy: Odstraňovanie per- a polyfluóralkylových látok (PFAS): skúmanie potenciálnych stratégií biodegradácie

Školiteľ: Dr. Domenico Pangallo, DrSc.

Pracovisko: Oddelenie biológie, ÚBB FPV UCM v Trnave; Ústav molekulárnej biológie SAV, v. v. i.

Forma štúdia: denná

Anotácia: V tomto doktorandskom štúdiu budú sledované potenciálna degradácia PFAS s využitím mikroorganizmov a ich enzymatických schopností. Mikroorganizmy budú izolované z priemyselných čističiek odpadových vôd (charakterizovaných vysokou koncentráciou PFAS) a tiež komunálnych. Hlavným cieľom je kombinácia mikrobiologických metód (kultivácia a selekcia mikroorganizmov) s molekulárnymi (vysokovýkonné sekvenovanie), za účelom rozšírenia poznatkov o biodegradácii PFAS, ktoré následne umožnia vývoj prístupov zameraných na ich biodegradáciu / bioremediáciu.

Názov témy: 4. Amylolytické enzýmy – in silico prístupy k štúdiu ich sekvencií, štruktúr, špecifít a evolúcie

Školiteľ: prof. Ing. Štefan Janeček, DrSc.

Pracovisko: Oddelenie biológie, ÚBB FPV UCM v Trnave; Ústav molekulárnej biológie SAV, v. v. i.

Forma štúdia: denná

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) klan GH-T – rodiny GH57 a GH119; a (iii) rodina GH126. Napr. hlavná alfa-amylázová rodina GH13 – súčasť klanu GH-H a zároveň rozdelená do 49 podrodín – obsahuje viac ako 225 tisíc sekvencií proteínov, ktoré reprezentujú cca 30 rôznych enzýmových špecifít (január 2026). 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. Súčasťou bude aj štúdium škrob-viažucich domén, ktoré sú v CAZy databáze klasifikované do rôznych rodín CBM. 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.

schválili:

prof. Ing. Štefan Janeček, DrSc.

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

doc. RNDr. Iveta Dirgová Luptáková, PhD.

dekanka FPV UCM