

## Témy diplomových prác

pre ak. rok 2023/2024

(Oddelenie biológie, Ústav biológie a biotechnológie FPV)

### Téma 1: Náhodné nálezy kauzálnych DNA variantov identifikované v rámci celoexómovej sekvenačnej analýzy

**Anotácia:** V rámci uvedenej diplomovej práce sa študent zameria na hodnotenie dát z celoexómového sekvenovania so zameraním sa na DNA varianty s potenciálne patogénnym a patogénnym klinickým efektom, ktoré boli identifikované v laboratóriu ako náhodné nálezy, t.j. nebola na ne primárne cielená sekvenačná analýza. Diplomant štatisticky zhodnotí súbor vyšetrených vzoriek, definuje štatistické zastúpenie náhodných DNA nálezov a bude sledovať aj asociáciu s klinickými vlastnosťami pacienta. V rámci praktickej časti práce sa diplomant zaučí do rutinného využitia metód PCR a priameho DNA sekvenovania v rámci laboratórnej praxe v Laboratóriu genomickej medicíny GHC GENETICS SK v Bratislave.

**Kľúčové slová:** celoexómové sekvenovanie, WES, DNA varianty, náhodné nálezy

**Školiteľ:** RNDr. Michal Konečný, PhD. ([michal.konecny@ucm.sk](mailto:michal.konecny@ucm.sk))

**Školiace pracovisko:** Oddelenie biológie, Ústav biológie biotechnológie, FPV UCM v Trnave / GHC GENETICS SK

### Téma 2: Antibakteriálny potenciál vybraných furopyrolových látok

**Anotácia:** Niektoré furopyrolové zlúčeniny, najmä zlúčeniny s lipofilným substituentom na jednom a karboxylovou skupinou na druhom konci molekuly preukazujú "detergentné" vlastnosti látky, čím prispievajú k prechodu bakteriálnou membránou a následnej vykazujú antibakteriálny efekt takýchto zlúčenín. Rovnako pri prevahe akceptorov nad donormi vodíkových väzieb bola zaznamenaná zvyšujúca sa antibakteriálna aktivita látok, pravdepodobne inhibíciou syntézy peptidoglykánov bakteriálnej bunkovej steny.

Práca bude zameraná na sledovanie účinkov vybraných furopyrolových látok na vybrané druhy baktérií. Antibakteriálny efekt bude sledovaný diskovou difúznou metódou, mikrodilučnou metódou a „killer“ testom.

**Kľúčové slová:** furopyroly, antibakteriálny efekt, MIC, disková difúzna metóda, killer test

**Školiteľ:** Ing. Eva Ťurgeová, PhD. ([eva.urgeova@ucm.sk](mailto:eva.urgeova@ucm.sk))

**Školiace pracovisko:** Oddelenie biológie, Ústav biológie biotechnológie, FPV UCM v Trnave

### Téma 3: Antimikrobiálne vlastnosti nanočastíc oxidov medi pripravených zelenou syntézou

**Anotácia:** V súčasnosti sa nanočastice používajú v mnohých produktoch dennej spotreby, od obalových materiálov pre potraviny, cez kozmetiku, elektroniku, až po medicínu. Niektoré látky, ak sa nachádzajú v podobe tých najmenších nanočastíc, môžu byť vysoko reaktívne a môžu narúšať procesy, ktoré sú charakteristické pre bunkový cyklus.

Práca bude zameraná na sledovanie antimikrobiálnych vlastností nanočastíc, ktoré budú pripravené zelenou syntézou.

**Kľúčové slová:** nanočastice oxidov medi, antimikrobiálny efekt, zelená syntéza, MIC, disková difúzna metóda, killer test

**Školiteľ:** Ing. Eva Ťurgeová, PhD. ([eva.urgeova@ucm.sk](mailto:eva.urgeova@ucm.sk))

**Školiace pracovisko:** Oddelenie biológie, Ústav biológie biotechnológie, FPV UCM v Trnave

#### **Téma 4: Analýza mikroorganizmov a ich adaptácia na ťažké kovy v jadrovej elektrárni v Jaslovských Bohuniciach**

**Anotácia:** Diplomová práca sa zaoberá komplexnou analýzou mikroorganizmov izolovaných z rôznych povrchov v jadrovej elektrárni v Jaslovských Bohuniciach. Cieľom tejto práce je identifikovať druhové zloženie mikroorganizmov prostredníctvom mikroskopickej analýzy a morfolologickej identifikácie. Okrem toho sa práca zameriava na molekulárnu analýzu druhov na základe sekvenovania DNA. Ďalším dôležitým aspektom je štúdium adaptácie týchto mikroorganizmov na ťažké kovy pomocou analytických metód. Práca taktiež zahŕňa bioinformatickú analýzu na úrovni genómu identifikovaných druhov mikroorganizmov s cieľom lepšie pochopiť molekulárne mechanizmy, ktoré vedú k ich adaptácii na prostredia, ako je jadrová elektrárňa v Jaslovských Bohuniciach. Táto práca spája environmentálne vedy s modernými metódami molekulárnej biológie a bioinformatiky.

**Kľúčové slová:** jadrové elektrárne, mikroorganizmy, genóm, sekvenovanie DNA

**Školiteľ:** Mgr. Dominika Vešelényiová, PhD. ([dominika.veselenyiiova@ucm.sk](mailto:dominika.veselenyiiova@ucm.sk))

**Školiace pracovisko:** Oddelenie biológie, Ústav biológie biotechnológie, FPV UCM v Trnave

#### **Téma 5: Skúmanie meiotických génov u bičíkovca *Euglena longa***

**Anotácia:** Táto práca má za cieľ preskúmať prítomnosť meiotických génov v genetickej výbave bičíkovca *Euglena longa*, člena taxónu Euglenozoa. Meióza, základný biologický proces, hrá kľúčovú úlohu pri vytváraní a udržiavaní genetickej variability. Napriek svojej dôležitosti neboli meiotické gény u *E. longa* podrobne študované.

Cieľ práce:

- Poskytnúť komplexný prehľad literatúry o fenoméne meiózy s dôrazom na kľúčové gény zapojené do tohto procesu a na evolúciu meiózy.
- Zostaviť zoznam špecifických meiotických génov.
- Využiť pokročilé bioinformatické metódy na vyhľadávanie týchto génov v genóme a v transkriptóme *Euglena longa*.

- Porovnať výsledky s blízko príbuznou *Euglena gracilis*.
- Vykonať fylogenetické analýzy meiotických génov, ktoré sa nachádzajú v rôznych eukaryotických mikroorganizmoch, prispievajúc k hlbšiemu pochopeniu evolučnej histórie a distribúcie meiotických génov.

**Kľúčové slová:** Meióza, *Euglena longa*, Meiotické gény

**Školiteľ:** prof. RNDr. Juraj Krajčovič, CSc. ([juraj.krajcovic@ucm.sk](mailto:juraj.krajcovic@ucm.sk))

**Školiace pracovisko:** Oddelenie biológie, Ústav biológie biotechnológie, FPV UCM v Trnave

### Téma 6: **In vitro analýza transmembránového kalpaínu u *Euglena gracilis***

**Anotácia:** Kalpaíny sú rodinou vápnikovo-závislých cysteínových proteáz, ktoré sú zapojené do širokej škály biologických procesov, vrátane signalizácie v bunkách, remodelácie cytoskeletu a regulácie funkcií proteínov. Hrajú kľúčovú úlohu v rôznych bunkových aktivitách a sú zapojené do mnohých ochorení. Napriek tomu ich prítomnosť a funkcie v euglénoidných bičíkovochoch, ako je *Euglena gracilis*, zostávajú relatívne nepreskúmané.

Cieľ práce:

- Využiť výsledky bioinformatickej analýzy na identifikáciu a mapovanie génu kalpaínu s transmembránovými oblasťami v genóme *Euglena gracilis*.
- Navrhnuť špecifické primery na PCR amplifikáciu génu kódového tento kalpaín a potvrdiť jeho prítomnosť prostredníctvom analýz PCR a qPCR.
- Použiť špecifické protilátky a metódu Western blot na analýzu kalpaínu na úrovni proteínu

**Kľúčové slová:** Kalpaín, *Euglena gracilis*, western blot

**Školiteľ:** prof. RNDr. Juraj Krajčovič, CSc. ([juraj.krajcovic@ucm.sk](mailto:juraj.krajcovic@ucm.sk))

**Školiace pracovisko:** Oddelenie biológie, Ústav biológie biotechnológie, FPV UCM v Trnave

### Téma 7: **Účinky superabsorpčného polyméru (SAP) na aktivitu antioxidantných enzýmov a peroxidáciu lipidov v poľnohospodárskych plodinách pestovaných v podmienkach sucha**

**Anotácia:** Sucho je najdôležitejším abiotickým stresovým faktorom obmedzujúcim rast a produktivitu poľnohospodárskych plodín. Pre zlepšenie produkcie rastlín je dôležité efektívne hospodárenie s pôdnou vlhkosťou a štúdiom metabolických zmien v reakcii na sucho. Cieľom diplomovej práce je i) popísať a pochopiť mechanizmy tolerancie rastlín voči suchu a stratégie hospodárenia s vodou v pôde pomocou superabsorpčného polyméru (SAP); ii) zhodnotiť vplyv SAP na aktivitu vybraných antioxidantných enzýmov v testovaných plodinách ; iii) zhodnotiť účinok stresu zo sucha na peroxidáciu lipidov v testovaných plodinách po ošetrení SAP.

**Kľúčové slová:** antioxidantné enzýmy, malondialdehyd, poľnohospodárske plodiny, sucho, superabsorpčný polymér

**Školiteľ:** RNDr. Zuzana Gerši, PhD. ([zuzana.gersi@ucm.sk](mailto:zuzana.gersi@ucm.sk))

**Školiace pracovisko:** Oddelenie biológie, Ústav biológie biotechnológie, FPV UCM v Trnave

**Téma 8: Detekcia aktivity génov pre kalpaíny u *Euglena gracilis* a stabilných mutantov pomocou kvantitatívnej RT-PCR**

**Anotácia:** Sledovanie aktivity génov pre kalpaíny u bíčikovca *E. gracilis* je atraktívnou témou, nakoľko tieto cysteínové proteázy u tejto skupiny organizmov doposiaľ neboli na úrovni génov hlbšie študované. Nová bioinformatická štúdia ponúka 20 identifikovaných sekvencií pre kalpaíny. Cieľom diplomovej práce bude i) navrhnúť špecifické primery na amplifikáciu génov pre kalpaíny; ii) kvantifikovať aktivity ich domén pomocou kvantitatívnej RT-PCR analýzy; iii) porovnať aktivitu študovaných génov medzi divým typom *E. gracilis* a jej bielymi mutantmi.

**Kľúčové slová:** eugléna, kalpaíny, mutant, kvantitatívna RT-PCR, CysPC domény

**Školiteľ:** RNDr. Zuzana Gerši, PhD. ([zuzana.gersi@ucm.sk](mailto:zuzana.gersi@ucm.sk))

**Školiace pracovisko:** Oddelenie biológie, Ústav biológie biotechnológie, FPV UCM v Trnave

**Téma 9: Molekulárna detekcia a charakterizácia genómu *Phaseolus vulgaris* alphaendornavirus-1: model pre štúdium netradičných rastlinných vírusov**

**Anotácia:** Rastlinné vírusy sú vo všeobecnosti pokladané za patogény s negatívnym vplyvom na kondíciu svojich hostiteľov. V poslednej dobe sa však do pozornosti dostávajú aj také skupiny vírusov, ktoré svoj obligátny intercelularizmus dokázali obrátiť v symbiotický vzťah medzi sebou a rastlinou. Vo výnimočných prípadoch sú vírusy schopné svojim hostiteľom zabezpečiť dokonca predanie prospešných vlastností, čo vedie ku vzájomnému zlepšeniu celkového evolučného fitness ako hostiteľa, tak aj "parazita".

Cieľom diplomovej práce bude získanie parciálnych alebo celogenómových sekvencií PvEV-1 (*Phaseolus vulgaris* alphaendornavirus 1) z viacerých odrôd fazule, epidemiologicky zhodnotiť prevalenciu tohto druhu endornavírusu v populácii slovenských fazúl prostredníctvom RT-PCR metódy a klasického Sanger sekvenovania cieľových oblastí genómu (helikáza, RdRp). V neposlednom rade bude vyvinutá aj snaha hlbšie bioinformaticky analyzovať a pochopiť endornavírusový genóm, najmä v kontexte jeho evolučnej previazanosti s hubovými hostiteľmi.

**Kľúčové slová:** endornavírus, PvEV-1, genóm, molekulárna diverzita, detekcia

**Školiteľ:** Ing. Miroslav Glasa, DrSc. ([miroslav.glasa@ucm.sk](mailto:miroslav.glasa@ucm.sk))

**Školiace pracovisko:** Virologický ústav BMC SAV / Oddelenie biológie, Ústav biológie biotechnológie, FPV UCM v Trnave

**Téma 10: Hľadanie nových podrodín v alfa-amylázovej rodine GH13 in silico prístupmi**

**Anotácia:** Práca bude teoretická, t.j. na počítači – in silico (bez experimentov v klasickom laboratóriu). Hlavnou náplňou práce bude štúdium primárnych a terciárnych štruktúr (reálnych štruktúr alebo štruktúrnych modelov) vybraných členov alfa-amylázovej enzýmovej rodiny GH13 z databázy CAZy – Carbohydrate Active enZymes; <http://www.cazy.org/> – s cieľom navrhnúť novú možnú podrodinu. Rodina GH13 predstavuje tzv. hlavnú alfa-amylázovú rodinu s viac ako 30 rôznymi enzýmovými špecificitami a 162 tisíc sekvenovanými amylolytickými enzýmami a hypotetickými proteínmi. V práci budú získavané sekvencie hypotetických proteínov (t.j. proteínov bez experimentálnej charakterizácie), ktoré budú vykazovať vysoký stupeň sekvenčnej identity, resp. podobnosti s vyselektovaným biochemicky charakterizovaným amylolytickým enzýmom z rodiny GH13. Dôraz bude na porovnanie aminokyselinových sekvencií a priestorových štruktúr s cieľom identifikovať unikátne sekvenčno-štruktúrne črty a detailné doménové usporiadanie jedinečné pre študovanú skupinu enzýmov, ktoré doteraz neboli zaradené do žiadnej GH13 podrodiny.

**Kľúčové slová:** alfa-amylázová rodina GH13; CAZy databáza; katalytická mašinéria; konzervované sekvenčné regióny; sekvenčno-štruktúrne vzťahy; evolúcia proteínov.

**Školiteľ:** Prof. Ing. Štefan Janeček, DrSc. ([stefan.janecek@ucm.sk](mailto:stefan.janecek@ucm.sk))

**Školiace pracovisko:** Oddelenie biológie, Ústav biológie a biotechnológie, FPV UCM v Trnave / Ústav molekulárnej biológie SAV v Bratislave

#### Téma 11: Unikátne sekvenčno-štruktúrne črty alfa-amyláz z rodiny GH57

**Anotácia:** Práca bude teoretická, t.j. na počítači – in silico (bez experimentov v klasickom laboratóriu). Hlavnou náplňou práce bude štúdium primárnych a terciárnych štruktúr (reálnych štruktúr alebo štruktúrnych modelov) so zameraním na alfa-amylázu z *Methanocaldococcus jannaschii* z rodiny GH57 databázy CAZy – Carbohydrate Active enZymes; <http://www.cazy.org/>. V rodine GH57 práve tento enzým predstavuje hlavného reprezentanta alfa-amylázovej enzýmovej špecificity. Rodina GH57 tvorí tzv. druhú alfa-amylázovú rodinu s cca 10 enzýmovými špecificitami a takmer 5 tisíc sekvenovanými amylolytickými enzýmami a hypotetickými proteínmi. V práci budú získavané sekvencie hypotetických proteínov (t.j. proteínov bez experimentálnej charakterizácie), ktoré budú vykazovať vysoký stupeň sekvenčnej identity, resp. podobnosti s alfa-amylázou z *Methanocaldococcus jannaschii*. Dôraz bude na porovnanie aminokyselinových sekvencií a priestorových štruktúr s cieľom aktualizovať doteraz známe unikátne sekvenčno-štruktúrne črty charakteristické pre špecificitu alfa-amylázy z rodiny GH57.

**Kľúčové slová:** alfa-amylázová rodina GH57; CAZy databáza; katalytická mašinéria; konzervované sekvenčné regióny; sekvenčno-štruktúrne vzťahy; evolúcia proteínov

**Školiteľ:** Prof. Ing. Štefan Janeček, DrSc. ([stefan.janecek@ucm.sk](mailto:stefan.janecek@ucm.sk))

**Školiace pracovisko:** Oddelenie biológie, Ústav biológie a biotechnológie, FPV UCM v Trnave / Ústav molekulárnej biológie SAV v Bratislave

**Téma 12: Biochemické a proteomické analýzy klíčenia semien transgénneho tabaku**

**Anotácia:** Dehydríny sú vysoko hydrofilné proteíny, ktoré zohrávajú dôležitú ochrannú úlohu počas vývinu a rastu rastlín a tiež sú súčasťou obrannej reakcie voči abiotickému stresu. Cieľom práce je porovnanie celkových proteómov klíčiacich semien transgénnych tabakov s nadmernou expresiou dehydrínového génu s netransgénymi semenami tabaku (ako kontrola). Semená budú klíčiť v *in vitro* podmienkach na klíčiacom médiu. V práci budeme porovnávať taktiež celkové proteómy klíčiacich semien transgénnych tabakov s nadmernou expresiou dehydrínového génu s netransgénymi semenami tabaku (ako kontrola) v podmienkach zvýšenej salinity. Zameriame sa na proteomickú a biochemickú analýzu.

**Kľúčové slová:** dehydríny, tabak, proteóm, salinita

**Školiteľ:** doc. Ľubica Uváčková, PhD. ([lubica.uvackova@ucm.sk](mailto:lubica.uvackova@ucm.sk))

**Školiace pracovisko:** Oddelenie biológie, Ústav biológie a biotechnológie, FPV UCM v Trnave

**Téma 13: Sledovanie vplyvu abiotického stresu na metabolizmus *Euglena gracilis***

**Anotácia:** *Euglena gracilis* je bičíkovec, ktorý predstavuje veľmi zaujímavý objekt skúmania vďaka svojmu metabolizmu, ktorý sa veľmi rýchlo dokáže prispôbiť zmeneným podmienkam prostredia. Masová produkcia ale ešte nie je zoptimalizovaná. Cieľom diplomovej práce bude sledovať na proteomickej úrovni zmeny metabolizmu pod vplyvom zvýšenej salinity v médiu. Tieto zmeny v metabolizme sú na proteínovej úrovni veľmi dobre detekovateľné. Budeme tiež testovať vplyv oxidačného stresu formou zvýšenej salinity v médiu na rast biomasy a produkciu fotosynteticky aktívnych farbív.

Čiastkové ciele:

- vypracovanie literárneho prehľadu na získanie najnovších poznatkov
- kontinuálna kultivácia kultúr buniek *Euglena gracilis* v odlišných kultivačných podmienkach (stres – zvýšená salinita a kontrola)
- extrakcia proteínov z buniek *E. gracilis* kultivovaných v stresových podmienkach a kontroly metódou na báze fenolu
- štiepenie proteínov v roztoku a analýza hmotnostnou spektrometriou (LC-MS/MS, ESI)
- bioinformatická analýza výsledkov s využitím databáz.

**Kľúčové slová:** salinita, oxidačný stres, *Euglena gracilis*, LC-MS/MS, ESI, proteíny

**Školiteľ:** doc. Ľubica Uváčková, PhD. ([lubica.uvackova@ucm.sk](mailto:lubica.uvackova@ucm.sk))

**Školiace pracovisko:** Oddelenie biológie, Ústav biológie a biotechnológie, FPV UCM v Trnave

#### Téma 14: **Štúdium stafylokokových a streptokokových biofilmov a ich efektívne odstránenie pomocou vybraných enzybiotik**

**Anotácia:** Stafylokoky a streptokoky sú komenzálne opotúnne patogény, ktoré spôsobujú rôzne infekcie u ľudí a zvierat. Tvorba biofilmu je dôležitou stratégiou prežitia, ktorou disponujú tieto Grampozitívne koky. Stafylokokové a streptokokové biofilmy sú hlavným problémom v klinickom prostredí. Rast biofilmu umožňuje baktériám pretrvávať *in vivo* tým, že odolávajú imunitnej obrane hostiteľa a antibiotikám, čo znamená, že tieto infekcie je ťažké eliminovať a klinicky liečiť. Biofilmy sa tvoria v mnohých prirodzených výklenkoch obsadených stafylokokmi a streptokokmi (ako sú nosohltan, srdcové chlopne, pľúca a ústna dutina) a sú dôležité pri infekcii implantovaných zdravotníckych pomôcok. Fágové lytické enzýmy preukázali antimikrobiálnu aktivitu proti planktónovým a prisadnutým baktériám. Ich schopnosť lýzovať a/alebo selektovať perzistentné bunky však zostáva do značnej miery doteraz nepreskúmaná. V tejto práci sa budeme venovať lytickej aktivite endolyzínu proti biofilmom *Staphylococcus aureus* a *Streptococcus agalactiae*.

**Kľúčové slová:** *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus agalactiae*, biofilm, enzybiotiká

**Školiteľ:** RNDr. Lucia Bocánová, PhD. ([lucia.bocanova@ucm.sk](mailto:lucia.bocanova@ucm.sk))

**Školiace pracovisko:** Ústav molekulárnej biológie SAV v Bratislave / Oddelenie biológie, Ústav biológie a biotechnológie, FPV UCM v Trnave

#### Téma 15: **Výskyt, izolácia a identifikácia non-choleroých vibrií z akvatických biotopov Slovenska**

**Anotácia:** Vibriá sú gramnegatívne baktérie, ktoré sú pôvodcami akútnych, intestinálnych infekcií, prezentujúcich sa celým radom klinických prejavov, medzi ktorými dominujú permanentné hnačky a silná dehydratácia organizmu. Spomedzi dvanástich kauzálnych vibriových agensov dominuje *Vibrio cholerae*, pôvodca klasickej cholery, ktorá je dlhotrvajúcim problémom v rozvojových krajinách a ako importovaná nákaza sa stále častejšie objavuje tiež vo vyspelých štátoch. Ďalšie vibriové taxóny (*V. metschnikovii*, *V. fluvialis*, *V. fischerii*) sú pôvodcovia klinicky menej výrazných, ale napriek tomu nebezpečných črevných infekcií. Väčšina druhov vibrií sa vyskytuje aj v našich vodách, predstavujúc tak potenciálny zdroj nákazy aj pre našu populáciu.

Cieľom práce bude izolácia a fenotypová a genotypová identifikácia non-choleroých (nepatriacich do taxónu *V. cholerae*) vibrií z akvatických biotopov Slovenska.

**Kľúčové slová:** akvatické biotopy, non- choleroé vibriá, fenotypová/genotypová identifikácia

**Školiteľ:** doc. RNDr. Milan Seman, CSc. ([milan.seman@ucm.sk](mailto:milan.seman@ucm.sk))

**Školiace pracovisko:** Oddelenie biológie, Ústav biológie a biotechnológie, FPV UCM v Trnave

### Téma 16: **Štúdium kandidátnych génov pre zriedkavé genetické ochorenia**

**Anotácia:** Zriedkavé genetické ochorenia postihujú veľký počet jednotlivcov na celom svete a často sú výsledkom mutácií v jedinom géne. Napriek ich zriedkavosti môžu mať tieto ochorenia devastujúci vplyv na pacientov a ich rodiny. Poznať detailne genetické základy takýchto ochorení je kľúčové pre včasnú diagnostiku, liečbu a genetické poradenstvo. Táto práca si dáva za cieľ preskúmať genetické základy konkrétneho zriedkavého ľudského genetického ochorenia prostredníctvom komplexných molekulárnych a bioinformatických analýz.

Ciele práce:

- Preskúmať genetické základy zriedkavých genetických ochorení pomocou spracovanie odbornej literatúry,
- identifikovať a zhromaždiť zoznam známych kandidátskych génov spojených s vybraným genetickým ochorením,
- analyzovať biologické vzorky od pacientov pomocou sekvenovania DNA s cieľom identifikovať DNA varianty,
- využiť bioinformatické nástroje a databázy na analýzu identifikovaných genových variantov a tiež zhodnotiť potenciálny vplyv variantov na celkový fenotyp.

**Kľúčové slová:** genetika, DNA varianty, zriedkavé ochorenia

**Školiteľ:** Mgr. Dominika Vešelényiová, PhD. ([dominika.veselenyiova@ucm.sk](mailto:dominika.veselenyiova@ucm.sk))

**Školiace pracovisko:** Oddelenie biológie, Ústav biológie biotechnológie, FPV UCM v Trnave

### Téma 17: **Stanovenie plazmatických hladín priamych perorálnych antikoagulancií u pacientov s akútnou ischemickou cievnu mozgovou príhodou**

**Anotácia:** Zriedkavé genetické ochorenia postihujú veľký počet jednotlivcov na celom svete a často sú výsledkom mutácií v jedinom géne. Napriek ich zriedkavosti môžu mať tieto ochorenia devastujúci vplyv na pacientov a ich rodiny. Poznať detailne genetické základy takýchto ochorení je kľúčové pre včasnú diagnostiku, liečbu a genetické poradenstvo. Táto práca si dáva za cieľ preskúmať genetické základy konkrétneho zriedkavého ľudského genetického ochorenia prostredníctvom komplexných molekulárnych a bioinformatických analýz.

Ciele práce:

- Preskúmať genetické základy zriedkavých genetických ochorení pomocou spracovanie odbornej literatúry,
- identifikovať a zhromaždiť zoznam známych kandidátskych génov spojených s vybraným genetickým ochorením,
- analyzovať biologické vzorky od pacientov pomocou sekvenovania DNA s cieľom identifikovať DNA varianty,



- využiť bioinformatické nástroje a databázy na analýzu identifikovaných genových variantov a tiež zhodnotiť potenciálny vplyv variantov na celkový fenotyp.

**Kľúčové slová:** genetika, DNA varianty, zriedkavé ochorenia

**Školiteľ:** Mgr. Dominika Vešelényiová, PhD. ([dominika.veselenyiova@ucm.sk](mailto:dominika.veselenyiova@ucm.sk))

**Externý školiteľ:** MUDr. Georgi Krastev, PhD. ([georgi.krastev@fntt.sk](mailto:georgi.krastev@fntt.sk))

**Školiace pracovisko:** Oddelenie biológie, Ústav biológie biotechnológie, FPV UCM v Trnave

### Topic 18: **Relative expression of differentially regulated genes in aquatic plants from the radionuclide-contaminated area**

**Annotation:** Aquatic plants are unique and marginally explored in the areas anthropogenically contaminated with radionuclides after global disasters (e.g., Chernobyl and Fukushima). Accurate reverse transcription quantitative real-time PCR is an efficient method for relative expression measurements. It is widely applied for the validation of discovery proteomics and transcriptomics data. Of note, these molecular genetics method will complement our earlier results on differentially abundant proteins in aquatic plants grown in clean and contaminated conditions. The master project should summarize the current literature about the impact of chronic ionizing radiation on growth and development of aquatic plants. The experimental part of the project will include a bioinformatics search for housekeeping sequences within the public transcriptomic data, primer design for target and reference genes, validation of their performance, and relative expression estimation by quantitative PCR in aquatic plants grown in clean and contaminated areas.

**Key words:** aquatic plants, relative expression, contaminated area, gene regulation, qPCR analysis

**Supervisor:** Olha Lakhneko, PhD. ([olha.lakhneko@savba.sk](mailto:olha.lakhneko@savba.sk))

**Mentor:** Maksym Danchenko, PhD ([maksym.danchenko@savba.sk](mailto:maksym.danchenko@savba.sk))

**Laboratory:** Institute of Plant Genetics and Biotechnology, Plant Science and Biodiversity Center, Slovak Academy of Sciences (Nitra)

**Kontakt na UCM:** doc. Ľubica Uváčková, PhD. ([lubica.uvackova@ucm.sk](mailto:lubica.uvackova@ucm.sk))