|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  | **Anotace (česky)** | **Anotace (anglicky)** | **Školitel** | **Školitel-specialista** | **Číslo a název projektu/grantu** |
| Metody molekulární biologie při studiu exprese RNA v experimentálním modelu | The methods of molecular biology in study of RNA expression in experimental model | Systémová analýza je vysoce účinný prostředek pro studium genetické regulace molekulárních sítí, které se účastní specifkých procesů nebo chorob. Metoda je založena na na definování typu genové exprese, zařazení individuální genů do ontologických drah a srovnání genetických polymorphismů, které ovlivňují chorobu. Globální genová exprese je monitorována pomocí DNA microarrays a výsledky jsou potvrzeny metodou RT-PCR. Určení exprese mRNA v určitém typu buněk může být zjištěno pomocí hybridizace in situ. Cílem PhD projektu je srovnání metodických přístupů a přístrojového vybavení užívaného pro izolaci RNA a analýzu její exprese, dále praktická izolace RNA z různých tkání, seznámení se s praktickým provedením DNA microarray, validace exprese RNA pomocí RT-PCR a analýza výsledků s použitím programu Partek Genomics Suite a databází KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes), GO (Gene Ontology) a STRING. Jako experimentální model bude použita infekce parazity *Leishmania* u myši. Získané výsledky mohou mít velký potenciál pro translační medicínu a tím i pro zlepšení péče o nemocné. | Systems analysis is a powerful tool for the study of genetic regulation of molecular networks that are involved in specific processes or diseases. It is based on definition of gene expression patterns, classification of individual genes into ontological pathways, and use of distinct genetic polymorphisms that are influencing a disease. Definition of global gene expression is monitored using DNA microarrays, with the validation of results by by real-time PCR. Cellular patterns of expression of mRNA of interest can be revealed by in situ hybridization approaches. The aim of the PhD project is to compare methods and equipment used for RNA isolation and analysis of its expression, to isolate RNA from different tissues, to get acquainted with microarray analysis, to validate RNA expression with RT-PCR, and to analyze results using Partek Genomics Suite, and KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes), GO (Gene Ontology) and STRING databases. As a animal model will be used infection with *Leishmania* parasites in mouse. Obtained results could have great potential for translational medicine and thus for improvement of human health care. | Doc. Marie Lipoldová, CSc. | RNDr. Taťána Jarošíková, CSc. | CZ.1.07/2.3.00/20.0092:  „Rozvoj výzkumného týmu BIO-OPT-XUV na FBMI ČVUT“ GAČR P102/12/2043 |