

Тематика пропонованих кваліфікаційних магістерських робіт ОПШ «Біоінформатика» другого (магістерського) рівня спеціальності Е1 Біологія та біохімія

1. Філогеографія твердокрилих комах родини (*обрана родина*) фауни Карпат / України.
2. Філогеографія лускокрилих комах родини (*обрана родина*) фауни Карпат / України.
3. Філогеографія перетинчастокрилих комах родини (*обрана родина*) фауни Карпат / України.
4. Філогеографія двокрилих комах родини (*обрана родина*) фауни Карпат / України.
5. Популяційно-генетичне різноманіття видів (*обрана систематична група*) (Insecta) в межах України / Карпат.
6. Популяційно-генетичне різноманіття виду (*обрати економічно чи соціологічно значимий вид*) (Insecta) в межах України / Карпат.
7. Генетичний поліморфізм інвазійних видів комах в межах України / Українських Карпат.
8. Генетичне різноманіття українських популяцій інвазійних видів комах
9. Генетична структура популяцій ендемічних видів комах (*обрати вид, групу*) в межах Закарпаття / Карпат / України
10. Генетичне різноманіття українських популяцій рідкісних видів комах
11. Ідентифікація та філогенетичне положення окремих ендемічних видів рослин Українських Карпат за допомогою ДНК-штрихкодів.
12. Застосування ДНК-штрихкодування для моніторингу ендемічних та зникаючих видів рослин у природоохоронних територіях.
13. Оцінка генетичної різноманітності окремих ендемічних видів флори Українських Карпат з використанням ДНК-штрихкодів: біоінформатичний підхід"
14. Розробка бази даних ДНК-штрихкодів ендемічних рослин України: збір, фільтрація, анотація.
15. Інтеграція даних біоінформатики та супутникового моніторингу для оцінки біорізноманіття окремих типів рослинних угруповань.
16. Інтеграція даних біоінформатики та супутникового моніторингу для оцінки поширення інвазивних видів рослин та їхніх угруповань.
17. Філогеномний аналіз видів роду [вставити рід] для реконструкції еволюційної історії та виявлення подій дуплікації генів.
18. Філогенетичний аналіз видів роду *Campanula* в Українських Карпатах із використанням хлоропластних послідовностей.
19. Молекулярно-генетичне різноманіття та популяційна структура карпатських ендеміків на основі SNP-даних.

20. Використання біоінформатичних методів для визначення генетичного різноманіття популяцій рідкісних видів Українських Карпат.
21. Генетико-екологічне моделювання ареалів зникаючих карпатських видів з інтеграцією кліматичних та генетичних даних.
22. Використання ГІС і біоінформатики для вивчення впливу зміни клімату на генетичне різноманіття рослин Карпат.
23. Ідентифікація генетичних маркерів для моніторингу карпатських червонокнижних видів у природних популяціях.
24. Оцінка генетичних наслідків ізоляції популяцій карпатських рослин в умовах фрагментації середовища.
25. Порівняння транскриптомних профілів карпатських ендеміків у відповідь на температурні коливання (на прикладі конкретних видів).
26. Молекулярна філогеноміка лісових рослин Карпат з акцентом на гібридизацію між близькими видами.
27. Пошук спільних і відмінних генів у близьких видів рослин за допомогою онлайн-сервісів
28. Біоінформатичне дослідження амінокислотного складу білків рослин
29. Аналіз генів, що беруть участь у фотосинтезі у різних видів рослин
30. Аналіз генетичної подібності різних сортів культурних рослин
31. Біоінформатичний аналіз послідовностей ДНК мітохондрій людини
32. Вивчення еволюційних зв'язків між видами птахів на основі геномних даних
33. Вивчення подібності генів у людини та миші як модельного організму
34. Порівняння білкових структур у тварин, рослин і грибів
35. Аналіз мутацій у генах, що пов'язані з хворобами людини
36. Використання відкритих баз даних для вивчення експресії генів у різних тканинах
37. Використання біоінформатики для ідентифікації можливих алергенних білків
38. Вивчення мікробіому кишечника людини на основі відкритих даних
39. Порівняння білкових послідовностей у різних видів бактерій
40. Порівняння геномів патогенних і непатогенних штамів бактерій
41. Вивчення еволюції генів, пов'язаних із стійкістю до антибіотиків
42. Створення простої бази даних для зберігання інформації про гени.
43. Використання онлайн-біоінформатичних інструментів для визначення структури білків
44. Пошук потенційних сайтів для дії ферментів за допомогою комп'ютерних програм.
45. Створення невеликого веб-додатку для пошуку інформації про білки
46. Моделювання взаємодії простих молекул із білками за допомогою онлайн-програм