

«Согласовано» \_\_\_\_\_

Заведующий кафедрой \_\_\_\_\_ / Хуснутдинова Э.К. \_\_\_\_\_

« 17 » февраля 2026 \_\_\_\_\_

### Перечень тем курсовых работ по дисциплине

Методы молекулярно-генетического анализа

для обучающихся по направлению

06.03.01 Биология

курсе, группа

3 курс, Б-ГЕН-301Б

№	Тема
1.	Электрофоретические методы анализа фрагментов ДНК: принципы, модификации (ПААГ, агарозный гель, капиллярный электрофорез) и их применение в генетическом типировании
2.	Рестрикционный анализ (ПДРФ): история метода, современное состояние и использование для изучения полиморфизма генов.
3.	Полимеразная цепная реакция (ПЦР): эволюция метода от классической ПЦР до ПЦР в реальном времени (Real-Time PCR)
4.	Методы детекции результатов ПЦР: сравнительный анализ электрофореза, флуоресцентных зондов (TaqMan) и интеркалирующих красителей
5.	Анализ однонуклеотидного полиморфизма (SNP): современные методы генотипирования (ПЦР-ПДРФ, минисеквенирование, масс-спектрометрия)
6.	Молекулярно-генетические методы идентификации личности и установления родства (на основе анализа STR-локусов)
7.	ISSR-анализ: применение метода для изучения генетической вариабельности и популяционной структуры
8.	RAPD-анализ: достоинства, недостатки и области применения в генетике растений и микроорганизмов
9.	Методы изучения транскрипции генов: от нозерн-блоттинга до количественной ПЦР (ОТ-ПЦР)
10.	ПЦР в реальном времени (Real-Time PCR) как золотой стандарт количественного анализа экспрессии генов
11.	Метод анализа транскриптомов на основе гибридизации (ДНК-микрочипы): принципы и области применения
12.	Секвенирование РНК (РНК-секвенирование) как метод изучения профилей экспрессии генов и поиска новых транскриптов
13.	Эволюция методов секвенирования ДНК: от методов Сэнгера и Максама-Гилберта к технологиям нового поколения (NGS)
14.	Сравнительный анализ платформ высокопроизводительного секвенирования (NGS): Illumina, Ion Torrent и Oxford Nanopore.
15.	Полногеномное секвенирование (WGS): подходы, сборка генома и аннотация генов

16.	Секвенирование экзома (Whole Exome Sequencing) как метод поиска мутаций, ответственных за наследственные заболевания
17.	Метагеномный анализ: использование высокопроизводительного секвенирования для изучения микробных сообществ
18.	Использование баз данных нуклеотидных последовательностей (GenBank, EMBL) и инструментов BLAST для молекулярно-генетического анализа
19.	Регуляторные SNP: методы их выявления и оценки функциональной значимости.
20.	Методы идентификации сайтов связывания факторов транскрипции (ChIP-seq, EMSA)
21.	Методы изучения структуры хроматина и эпигенетических модификаций (ChIP, бисульфитное секвенирование)
22.	Анализ метилирования ДНК: методы детекции и их роль в регуляции экспрессии генов
23.	Иммунопреципитация хроматина (ChIP) как основной инструмент изучения белок-ДНК взаимодействий <i>in vivo</i>
24.	Молекулярно-генетические методы выявления мутаций, связанных с наследственными болезнями человека
25.	Методы генетической трансформации растений: векторы, способы доставки генов и анализ трансгенных организмов
26.	Система редактирования генома CRISPR/Cas9: механизм действия, дизайн эксперимента и методы валидации результатов
27.	Методы изучения структуры и функции белков (протеомика): двумерный электрофорез, масс-спектрометрия
28.	Выделение и очистка нуклеиновых кислот: сравнительный анализ методов экстракции ДНК и РНК из различных биологических образцов
29.	Методы создания рекомбинантных ДНК: использование рестриктаз и лигаз в генной инженерии
30.	Филогенетический анализ на основе молекулярных данных: построение деревьев по последовательностям ДНК