VU Matematikos ir informatikos fakultetas

Kursinio darbo / kursinio projekto temos Bioinformatikos studentams 2025-2026 m.

Eil. Nr.	Vadovas	Tema lietuvių k.	Tema anglų k.	Pastabos / Aprašymas
1	Irus Grinis	Monte Karlo metodai statistinių hipotezių tikrinimui. Taikymai bioinformatikoje	Monte Carlo Methods for Testing Statistical Hypotheses. Applications in Bioinformatics	Jeigu tema domina plačiau, galima susiskambinti ir aptarti per ms teams
2	Irus Grinis	Monte Karlo p-reikšmės statistinių hipotezių tikrinime. Taikymai bioinformatikoje	Monte Carlo p-Values in Statistical Hypothesis Testing. Applications in Bioinformatics	Jeigu tema domina plačiau, galima susiskambinti ir aptarti per ms teams
3	Irus Grinis	Gamtos įkvėptų optimizavimo algoritmų palyginimas genų raiškos duomenų požymių (feature) atrankoje	Comparison of Nature-Inspired Optimization Algorithms for Feature Selection in Gene Expression Data	Jeigu tema domina plačiau, galima susiskambinti ir aptarti per ms teams
4	Irus Grinis	Spiečiaus (swarm) pagrindu veikiančių optimizavimo algoritmų našumo palyginimas genų raiškos klasterizavimui	Performance Comparison of Swarm-Based Optimization Algorithms for Gene Expression Clustering	Jeigu tema domina plačiau, galima susiskambinti ir aptarti per ms teams
5	Irus Grinis	Gamtos įkvėptų algoritmų palyginamoji analizė atrandant DNR motyvus	Comparative Study of Nature-Inspired Algorithms for DNA Motif Discovery	Jeigu tema domina plačiau, galima susiskambinti ir aptarti per ms teams
6	Irus Grinis	Interaktyvių bioinformatikos mokymosi modulių kūrimas Moodle mokymosi aplinkoje	Development of Interactive Bioinformatics Learning Modules in the Moodle Learning Environment	Jeigu tema domina plačiau, galima susiskambinti ir aptarti per ms teams
7	Irus Grinis	Interaktyvių bioinformatikos mokymosi priemonių kūrimas naudojant Moodle papildinius	Development of Interactive Bioinformatics Learning Tools Using Moodle Plugins	Jeigu tema domina plačiau, galima susiskambinti ir aptarti per ms teams
8	Irus Grinis	Modulinės bioinformatikinės žiniatinklio programos projektavimas naudojant „Django“ karkasą	Design of a Modular Bioinformatics Web Application with Django	Jeigu tema domina plačiau, galima susiskambinti ir aptarti per ms teams

Eil. Nr.	Vadovas	Tema lietuvių k.	Tema anglų k.	Pastabos / Aprašymas
9	Kotryna Kvederavičiūtė	Haplotipais pagrįsta vėžio diagnostika	Haplotype based cancer diagnostics	Haplotipai – paveldimos genetinių variantų kombinacijos tam tikrame chromosomos segmente. Nors įprastai haplotipai yra siejami su genomo variacijomis (pvz. SNP), iš tiesų egzistuoja ir metilinimo haplotipai. Pastaraisiais metais haplotipų analizė vis dažniau taikoma ieškant genetinių žymenų, susijusių su vėžio rizika, prognoze ar gydymo atsaku. Darbo tikslas bus naudojantis tiek viešais, tiek neviešais sekoskaitos duomenimis sudaryti konkrečiam vėžiui specifinių haplotipų sąrašus ir validuoti haplotipus kraujo mėginiuose. Pagrindiniai uždaviniai: pasiruošti sekoskaitos duomenis/susirasti viešus duomenis; identifikuoti haplotipus; sukurti metodiką, kaip panaudojant haplotipus galima identifikuoti vėžinį audinį ląstelių mikse. Prieš renkantis temą būtina susisiekti su temos vadovu (kotryna.kvederaviciute@mif.vu.lt)
10	Kotryna Kvederavičiūtė	Dnmt-seq mESC duomenų tyrimas ir lyginamoji analizė	Dnmt-seq mESC duomenų tyrimas ir lyginamoji analizė	methyltransferases (DNMTs), including DNMT1, DNMT3A, and DNMT3B, along with enzymes responsible for DNA demethylation, notably the TET family of methylcytosine dioxygenases. The two de novo DNA methyltransferases, DNMT3A and DNMT3B, facilitate CpG methylation at previously unmethylated CpG sites, whereas DNMT1 maintains the patterns of CpG methylation throughout cell division. A fundamental inquiry in the field is how DNA methylation machinery interacts with other chromatin elements to guarantee the accurate formation and preservation of genome-wide CpG methylation. Early genome-wide analysis of CpG methylation revealed a significant link between DNA methylation and histone methylation. Recently, we have developed a novel Dnmt-TOP-seq approach to survey a DNA modification landscape specific to individual DNA methyltransferase. Consequently, a subsequent comparison between publicly available Chip-Seq data pertaining to corresponding histone modifications (H3K4me3, H3K9me3, etc.) and Dnmt-TOP-seq datasets generated in our laboratory may reveal novel insights about how DNA methylation is regulated in cells. Prieš renkantis temą būtina susisiekti su temos vadovu (kotryna.kvederaviciute@mif.vu.lt)

Eil. Nr.	Vadovas	Tema lietuvių k.	Tema anglų k.	Pastabos / Aprašymas
11	Kotryna Kvederavičiūtė	Pienarūgščių bakterijų profagų analizė	Prophage analysis in Lactobacillus	Pienarūgštės bakterijos yra plačiai naudojamos maisto pramonėje ir pasižymi didele genetine įvairove. Vienas iš šios įvairovės šaltinių yra profagai – bakteriofagų genomai, kurie yra integravęsi į bakterijų genomą. Profagai gali turėti įtakos bakterijų adaptacijai, atsparumui, metabolinėms savybėms ir kt. Darbo tikslas bus bioinformatiniais metodais identifikuoti profagus ir atlikti jų lyginamąją analizę. Pagrindiniai uždaviniai: sudaryti šiuo metu nusekvenuotų ir viešai pasiekiamų pienarūgščių bakterijų sąrašą; identifikuoti profagus surinkto sąrašo genomuose; Įvertinti identifikuotų profagų skaičių, dydį ir genomines savybes bei palyginti profagus tarp skirtingų rūšių. Prieš renkantis temą būtina susisiekti su temos vadovu (kotryna.kvederaviciute@mif.vu.lt)