

Cílem předložené práce bylo přispět k pochopení molekulárních základních mechanismů patogeneze u několika polygenní onemocnění:

- 1) identifikace (nové) kvantitativní vlastnosti loci u polygenních onemocnění až do současnosti, u kterých nedostatečně prozkoumané genetické komponenty přispívají k onemocnění a etiologii
- 2) testování podílu předem určených kandidátních genů na patogenezi onemocnění se známými QTLs a najít nové interakce a podtypu genových asociací