

# Abstrakt

Prostorově rozlišená transkriptomika je nová metoda, která umožňuje studium genové exprese ve vzorcích tkání bez ztráty prostorového kontextu. Lze ji použít k mapování distribuce mRNA do jednotlivých buněk ale i subcelulárních míst. Data získaná touto metodou poskytují důležité poznatky v různých oborech biologie, včetně embryologie, onkologie nebo imunologie. Fungování a vzájemné interakce jednotlivých buněk nelze plně vysvětlit bez znalosti jejich přesného umístění ve tkáni.

Vzhledem k novosti prostorově rozlišené transkriptomiky je v současné době sladění získaných informací o genové expresi a prostorovém uspořádání buněk velkou výzvou a bioinformatické přístupy se teprve vytvářejí. Cílem této práce je zmapovat současné algoritmy pro normalizaci dat získaných touto metodou a porovnat tyto algoritmy na základě dostupných souborů dat. Vybrané algoritmy budou implementovány a integrovány do protokolů používaných na ÚMG AV ČR. Práce zahrnuje

- i. rešerši dostupných řešení,
- ii. výběr vhodného řešení nebo návrh nového,
- iii. implementaci tohoto řešení a jeho testování na dostupných datech.