

Abstrakt

Pro zkoumání exprese exonů a genů v organismech se používají genové expresní čipy. Genové expresní čipy jsou vytvořeny podle genomů laboratorních kmenů modelových organismů. Pro zpracování naměřených dat se používají sumarizační algoritmy, nejčastěji gcRMA, PLIER nebo IterPLIER. Při použití expresních čipů pro zkoumání volně žijících druhů jsou naměřené hodnoty ovlivněny rozdílností genomů zkoumaných a modelových organismů. Navrhujeme zlepšení výsledků vyřazením částí genomu ovlivněných známými rozdíly mezi druhy ze sumarizace. Odstranění ovlivněných částí může zlepšit sumarizaci, především na exonové úrovni.