

Práce pojednává o výskytu homozygotních částí genomu, jejich původu a způsobech jejich určení. Pomocí analýzy dvou vzorků poskytnutých Institute of Neurology, University College London, se v ní sledují rozdíly v detekci homozygotních částí genomu mezi čtyřmi různými programy. Dále je součástí práce tvorba vlastní vizualizace pro jeden z použitých programů, konkrétně BCFTools/RoH. Tato vizualizace je vytvořená v programovacích jazycích HTML a Javascript, díky čemuž je spustitelná prostřednictvím internetového prohlížeče. Nami vytvořená vizualizace umožňuje zobrazení dat v dosud netradiční formě a zároveň uchovává biologický kontext zobrazovaných dat.