



Univerzita Komenského v Bratislave  
Fakulta matematiky, fyziky a informatiky

## ZADANIE ZÁVEREČNEJ PRÁCE

**Meno a priezvisko študenta:** Mário Lipovský  
**Študijný program:** informatika (Jednoodborové štúdium, bakalársky I. st., denná forma)  
**Študijný odbor:** informatika  
**Typ záverečnej práce:** bakalárska  
**Jazyk záverečnej práce:** anglický  
**Sekundárny jazyk:** slovenský

**Názov:** Approximate Abundance Histograms and Their Use for Genome Size Estimation

*Približné histogramy počtu výskytov a ich použitie na odhad veľkosti genómu*

**Cieľ:** Prístroje na sekvenovanie DNA vedia čítať len pomerne krátke úseky genómu. Tieto dáta môžeme zosumarizovať vo forme histogramu počtu výskytov jednotlivých podslov pevnej dĺžky v danej sade sekvenačných čítaní. Takéto histogramy sa dajú využiť napríklad na odhad dĺžky pôvodného genómu. Niektoré metódy počítajú histogram iba približne, s cieľom ušetriť množstvo pamäte potrebnej na výpočet. Cieľom práce je zvoliť si metódu na odhad histogramu a preskúmať, aké typy chýb robí a ako tieto chyby ovplyvnia presnosť výsledného odhadu veľkosti genómu.

**Vedúci:** doc. Mgr. Bronislava Brejová, PhD.

**Katedra:** FMFI.KI - Katedra informatiky

**Vedúci katedry:** prof. RNDr. Martin Škoviera, PhD.

**Dátum zadania:** 26.10.2016

**Dátum schválenia:** 26.10.2016

doc. RNDr. Daniel Olejár, PhD.

garant študijného programu

.....  
študent

.....  
vedúci práce