

Proteiny, jakožto hlavní aktéři v buněčných procesech, mají zásadní roli ve formování fenotypových znaků. Tato práce zkoumá aplikaci proteomických dat, získaných pomocí LC-MS/MS, pro pochopení vztahů mezi expresí proteinů a výslednými fenotypy. Diskutuje různé bioinformatické postupy, od předzpracování dat po techniky normalizace a metod imputace chybějících hodnot, pro zajištění co nejvyšší kvality dat pro následující analýzy. Dále tato práce popisuje, jak lze získat vhled do oněch fenotypových znaků u různých druhů zvířat či patologických stavů za užití analýzy diferenciální exprese, evolučního modelování pomocí Ornstein-Uhlenbeckova procesu nebo algoritmů strojového učení.