Současný exponenciální nárůst genomických dat vyžaduje nové prostorově úsporné algoritmy pro jejich kompresi a vyhledávání. Moderní přístupy často místo původních dat využívají příslušných množin k-merů, což jsou podřetězce pevné délky k. Popularita metod založených na k-merech vedla k vzniku kompaktních textových reprezentací množin k-merů, jež však stojí na strukturálních předpokladech, které pro data v praxi nemusí platit. V této bakalářské práci ukážeme, že na všechny tyto reprezentace lze nahlížet jako na nadřetězce množin k-merů a jako takové je zobecníme pomocí uceleného konceptu, kterému říkáme maskované nadřetězce k-merů. Navrhneme dva různé hladové algoritmy na jejich výpočet a implementujeme je v nástroji KmerCamel. Dále demonstrujeme, že maskované nadřetězce fungují jako stavební kámen pro nový a jednoduchý index pro množiny k-merů, který nazýváme FMS-index. Pokud k maskovaným nadřetězcům přiřadíme navíc odmaskovávací funkci f, výsledný koncept f-maskovaných nadřetězců umožňuje jednoduché provádění množinových operací s k-mery. Experimentálně ověříme prostorovou úspornost maskovaných nadřetězců, stejně tak i naší implementace FMS-indexu. Ukážeme, že maskované nadřetězce jsou lépe komprimovatelné v situacích, kde předchozí přístupy byly daleko od optima a že FMS-index je prostorově efektivnější než současné nejlepší přístupy k indexování. Naše výsledky dokládají užitečnost maskovaných nadřetězců jakožto sjednocujícího teoretického rámce a stejně tak i jejich potenciál v návrhu datových struktur pro k-mery.