



**MATEMATICKO-FYZIKÁLNÍ
FAKULTA**
Univerzita Karlova

DIPLOMOVÁ PRÁCE

Bc. Rastislav Galvánek

Predikce terciární struktury RNA s využitím více vzorů

Katedra teoretické informatiky a matematické logiky

Vedoucí diplomové práce: RNDr. David Hoksza, Ph.D

Studijní program: Informatika

Studijní obor: IUI

Praha 2019

Prohlašuji, že jsem tuto diplomovou práci vypracoval(a) samostatně a výhradně s použitím citovaných pramenů, literatury a dalších odborných zdrojů.

Beru na vědomí, že se na moji práci vztahují práva a povinnosti vyplývající ze zákona č. 121/2000 Sb., autorského zákona v platném znění, zejména skutečnost, že Univerzita Karlova má právo na uzavření licenční smlouvy o užití této práce jako školního díla podle §60 odst. 1 autorského zákona.

V Praze dne

Podpis autora

Výpočtové zdroje boli poskytnuté Ministerstvom školstva, mládeže a športu Českej Republiky v projekte CESNET (Project No. LM2015042) a CERIT-Scientific Cloud (Project No. LM2015085) spadajúce do programu Projects of Large Research, Development and Innovations Infrastructures.

Název práce: Predikce terciární struktury RNA s využitím více vzorů

Autor: Bc. Rastislav Galváneš

Katedra: Katedra teoretické informatiky a matematické logiky

Vedoucí diplomové práce: RNDr. David Hoksza, Ph.D, Katedra softwarového inženýrství

Abstrakt: V tejto práci ďalej rozvíjame algoritmus homológnej predikcie terciárnej štruktúry RNA, ktorý bol navrhnutý a naimplementovaný v rámci bakalárskej práce. Venujeme sa väčšej automatizácii implementácie algoritmu a jeho jednoduchšiemu použitiu tak, aby bol schopný predikovať RNA štruktúru molekuly bez manuálnych zásahov, len na základe sekvencie cieľovej štruktúry. Algoritmus ďalej rozširujeme o homológnu predikciu sekundárnej štruktúry a možnosť použiť viac template štruktúr, čo by malo viesť k zmenšeniu prehľadávaného priestoru pri predikcii nekonzervovaných úsekov predikovanej štruktúry a tým zvýšiť celkovú presnosť predikcie.

Klíčová slova: predikcia RNA template komparatívne modelovanie

Title: RNA tertiary structure prediction using multiple templates

Author: Bc. Rastislav Galváneš

Department: Department of Theoretical Computer Science and Mathematical Logic

Supervisor: RNDr. David Hoksza, Ph.D, Department of Software Engineering

Abstract: In this thesis we will further develop the algorithm of homologous prediction of tertiary RNA structure. The algorithm was originally created and implemented in my the bachelor thesis. We will focus on further automatization of algorithm implementation and we are going to make it easier to use. User will be able to predict tertiary structure of RNA based only on target structure sequence. The algorithm will be also extended to use multiple template structures for prediction and it will be able to firstly predict the secondary structure of target molecule. Both of those modification should lead to more precise prediction by restricting the search space and reducing the size of unconserved regions of predicted structure.

Keywords: prediction RNA template comparative modeling

Obsah

Úvod	3
1 RNA štruktúra	4
1.1 RNA	4
1.2 Druhy a funkcie RNA	4
1.3 Reprezentácia a práca s RNA	5
1.4 Význam a získavanie terciárnej štruktúry	6
2 Metódy výpočetnej predikcie	11
2.1 Ab initio predikcia	11
2.2 Knowledge based de novo predikcia	12
2.3 Alignment sekvencií	13
2.4 Homológne modelovanie	15
2.5 Prehľad existujúcich nástrojov	15
2.6 ModeRNA	17
2.7 FARFAR	18
3 Algoritmus Trooper	19
3.1 Kostra algoritmu	19
3.2 Popis algoritmu	19
3.3 Používané typy súborov	22
3.4 Popis implementácie	24
3.5 Pseudokód	24
3.6 Časová zložitosť	27
3.7 Hlavné problémy algoritmu a jeho implementácie	28
4 Automatizácia predikcie a porovnanie s ModeRNA	30
4.1 Dáta	30
4.2 Automatické vyhľadanie tempalte štruktúry	30
4.3 Automatizácia predikcie	31
4.4 Porovnanie s ModeRNA	33
4.5 Porovnanie predikcie dlhých štruktúr s ModeRNA	34
4.6 Úprava vstupných dát	35
5 Predikcia sekundárnej štruktúry	37
5.1 Príprava dát	37
5.2 Pseudokód	37
5.3 Predikcia sekundárnej štruktúry	39
5.4 Integrácia do existujúceho algoritmu	40
5.5 Časová zložitosť	40
5.6 Experiment a Výsledky	41
6 Použitie viacerých template štruktúr pri predikcii	44
6.1 Výber sekundárnych template štruktúr	44
6.2 Pseudokód	45
6.3 Algoritmus	48

6.4	Integrácia do existujúceho algoritmu	50
6.5	Časová zložitosť	51
6.6	Experiment a výsledky	52
Záver		53
Seznam použité literatury		54
Seznam obrázků		57
Seznam tabulek		59

Úvod

Štruktúry RNA hrajú významnú úlohu napríklad v syntéze proteínov, alebo v prenose a uchovávaní genetickej informácie organizmov. Znalosť ich 3D štruktúry je kľúčova pri porozumení ich funkcie. Na rozdiel od získania sekvencie RNA, čo je pomerne jednoduché a v dnešnej dobe pomerne lacno zvládnuteľné, je získanie terciárnej štruktúry RNA stále pomalý a nákladný proces. Z toho vyplýva, že rozdiel medzi počtom známych RNA sekvencií a množstvom známych terciárnych RNA štruktúr sa neustále zväčšuje, čo vytvára priestor pre oblasť výpočetnej predikcie terciárnych štruktúr.

Algoritmy predikcie môžeme rozdeliť na dve skupiny podľa prístupu k predikcii. v Prvej skupine sú algoritmy *ab initio*, ktoré predikujú štruktúru priamo zo sekvencie na základe biologických, chemických a fyzikálnych vlastností. Druhá skupina je tvorená homológnymi algoritmami, ktoré využívajú dôsledky evolúcie, kedy platí, že molekuly s podobnými úsekmi v sekvenciách majú aj podobnú štruktúru. Takéto úseky nazývame konzervované.

V bakalárskej práci sme predstavili metódu homológneho modelovania RNA - TROOPER, ktorú budeme v tejto práci ďalej rozvíjať. Upravíme implementáciu tak, aby bola samotná predikcia užívateľsky jednoduchšia vďaka väčšej miere automatizácie. Následne naše výsledky porovnáme s nástrojom ModeRNA založenom tiež na princípe komparatívneho modelovania RNA štruktúr. Ďalej sa budeme zaoberať rozšírením algoritmu o dva moduly. Prvý modul rozširuje predikciu terciárnej štruktúry o krok napredikovania sekundárnej štruktúry, ktorá je následne použitá pri *de novo* predikcii nekonzervovaných úsekov, čím by sa mal zmenšiť prehľadávaný priestor pri modelovaní. Druhý modul dopĺňa predikciu o možnosť použitia separátnej template štruktúry pre každý dlhý nekonzervovaný úsek v štruktúre získanej z primárnej template štruktúry.

1. RNA štruktúra

V tejto práci sa venujeme automatickej predikcii priestorovej štruktúry ribonukleovej kyseliny, preto sa budeme v prvej kapitole zaoberať jej významom z biologického hľadiska. Ďalej preberieme možnosti, akým spôsobom a aké podrobné informácie o štruktúre RNA dokáže súčasná veda získať experimentálnym spôsobom a aká je motivácia pre počítačovú predikciu RNA. Nakoniec uvedieme možnosti, ako RNA štruktúru reprezentovať vo formáte textových súborov a aké informácie o štruktúre jednotlivé typy súborov uchovávajú.

1.1 RNA

Ribonukleová kyselina slúži na prenos a uchovávanie genetickej informácie vo všetkých živých organizmoch alebo moduláciu génovej expresie. Najznámejšia je jej úloha v Centrálnej dogme molekulárnej biológie Crick (1970), kde slúži pri syntéze proteínov z DNA na prenášanie genetickej informácie.

RNA je rovnako ako DNA tvorená štyrmi typmi nukleotidov (báz), pričom jedna báza je tvorená práve jednou molekulou. Typy nukleotidov sú adenín (A), guanín (G), cytozín (C) a uracil (U). Narozdiel od RNA sa v DNA namiesto uracilu vyskytuje báza tymín (T). Jednotlivé nukleotidy sú chemicky naviazané na cukor - ribózu, ktorý ich spája do vlákna (v prípade DNA sa jedná o deoxyribózu), pričom nukleotidy sú vo vlákne sekvenčne usporiadané. Dĺžka vlákna môže byť v závislosti na type RNA od niekoľkých jednotiek až po tisíce nukleotidov. Pre DNA následne platí, že sa vodíkovými väzbami spájajú dva komplementárne reťazce do špirály, čo čiastočne určuje pravidelný tvar molekuly v priestore. RNA sa však vyskytuje hlavne v jednovláknovej forme, pričom sa vlákno spája vodíkovými väzbami samo so sebou, a to na rôznych miestach, čo prináša veľkú variabilitu v tvare molekuly. Platí, že tromi vodíkovými väzbami sa navájom viažu nukleotidy cytozín a guanín, a dvomi väzbami nukleotidy adenín a uracil (prípadne tymín v DNA).

1.2 Druhy a funkcie RNA

Okrem prenosu genetickej informácie pri syntéze proteínov, ktorý pozostáva z replikácie DNA, transkripcie DNA do RNA a nakoniec translácie z RNA do samotnej primárnej štruktúry proteínu (pričom sa využívajú rôzne typy RNA), zastáva RNA aj iné funkcie. Slúži napríklad na uchovávanie genetickej informácie niektorých jednoduchých organizmov ako sú vírusy. Tie môžu na uchovanie genetickej informácie používať jednovláknovú RNA, dvojvláknovú RNA a v prípade retrovírusov špeciálny typ RNA, ktorý je schopný prepisovať genetickú informáciu z RNA do DNA procesom reverznej transkriptázy a vložiť tak svoju genetickú informáciu do genomu napadnutej bunky Alberts B (2002). Medzi tieto vírusy patrí napríklad známy vírus HIV. Krupovic a kol. (2018)

Prehľad niektorých typov RNA:

- proteín kódujúca (2%)

- mediátorová RNA (mRNA)
- proteín nekódujúca (98%)
 - ribozomálna RNA (rRNA)
 - prenosová RNA (tRNA)
 - funkcionálna RNA (fRNA)
 - mikro RNA (miRNA)
 - malá interferujúca (small interfering) RNA (siRNA)
 - jadrová (nuclear) RNA (snRNA)
 - jadriková (nucleolar) RNA (snoRNA)
 - vírusová RNA (vRNA)
 - dlhá nekódujúca RNA (lncRNA)
 - ďalšie...

Messenger RNA (mRNA) vzniká pri prepise (transkripcii) DNA v jadre bunky. Najprv je vytvorená pre-mRNA, ktorá obsahuje aj nekódujúce úseky. V ďalšom kroku sa z nej ešte v jadre bunky procesom nazývaným splicing odstráni intróny (nekódujúce úseky) za pomoci snRNA. snRNA rozpoznáva sekvenciu báz AGGU označujúcu prechod medzi intrónom a exónom. Následne mRNA putuje cez póry v jadrovej membráne von do cytoplazmy, kde sa naviaže na ribozóm. Alberts B (2002)

Ribozóm obsahuje ribozomálnu RNA (rRNA), ktorá sa zúčastňuje translácie (prekladu) mRNA do primárnej sekvencie kódovanej bielkoviny. Okrem toho je to typicky najčastejšie sa vyskytujúca RNA v bunke, pričom jej dĺžka môže byť až niekoľko tisíc nukleotidov.

Prenosová tRNA sa nachádza v cytoplazme bunky a jej funkcia spočíva v dopravení správnej aminokyseliny do procesu translácie. Každá aminokyselina má svoju vlastnú špecifickú tRNA, na ktorú je naviazaná aminoacyl-tRNA syntetázou, a následne dopravená na miesto syntézy.

Niektoré typy RNA plnia regulačnú funkciu. Napríklad mikro RNA (miRNA) zabráňuje procesu translácie mRNA tým, že sa na ňu naviaže a zabráni jej spojeniu s ribozómom. snoRNA zas hrá úlohu pri modifikácii ostatných typov RNA - hlavne rRNA, tRNA a snRNA.

Sekvencie lncRNA majú často úlohu v transkripčnej regulácii. Jeden zo známych zástupcov je gén XIST, ktorý sa uplatňuje pri procese inaktivácie chromozómu X. Rinn (2012)

1.3 Reprezentácia a práca s RNA

Fyzicky je RNA v bunke vlastne len mnoho atómov vodíka, kyslíka, uhlíka, dusíka a fosforu usporiadaných v priestore vďaka chemickým a fyzikálnym interakciám a vlastnostiam atómov. Pre to, aby sme ich mohli spracovávať algoritmicky, potrebujeme vhodnú reprezentáciu štruktúry. Typ reprezentácie závisí od toho, aké informácie o štruktúre chceme mať k dispozícii a takisto aké informácie sme schopní získať. Principiálne môžeme rozdeliť reprezentáciu RNA štruktúr na nasledujúce štyri úrovne Figure 1.1:

- Primárna
- Sekundárna
- Terciárna
- Kvartérna

Primárna štruktúra je najviac zjednodušená reprezentácia RNA daná sekvenčným usporiadaním nukleotidov vo vlákne. Určuje len poradie a typ jednotlivých nukleotidov v RNA štruktúre a ďalej ju budeme v práci tiež označovať ako sekvenciu. V počítači ju reprezentujeme ako textový súbor typu fasta, ktorý má v prvom riadku identifikáciu štruktúry (názov, chain) a v ďalších riadkoch sú to len písmena A, G, C, U určujúce presné poradie nukleotidov. V prípade, že typ nukleotidu na niektorej pozícii je neznámy, používame písmeno X alebo N. Primárna sekvencia RNA takisto slúži ako jeden zo vstupov pre náš prediktor a definuje sekvenciu štruktúry, ktorú cheme získať.

Sekundárna štruktúra popisuje vodíkové väzby medzi jednotlivými nukleotidmi vo vlákne RNA. Dva nukleoidy, ktoré sú spojené vodíkovou väzbou, označujeme ako base pair. Vďaka spájaniu jednotlivých nukleotidov vieme v sekundárnej štruktúre pozorovať rôzne podštruktúry, ako napríklad helix, loop, pseudoknot, hairpin loop, internal loop, branch loop, stem a ďalšie Figure 1.2. Sekundárnu štruktúru budeme v tejto práci používať na pomoc pri predikcii terciárnej štruktúry, nakoľko nám dáva informáciu o nukleotidoch, ktoré sú spojené vodíkovou väzbou, a teda sa nachádzajú blízko pri sebe. Sekundárnu štruktúru molekuly budeme reprezentovať ako textový súbor, kde bodka značí, že nukleotid danej pozície nie je viazaný žiadnou väzbou, base pair spojený vodíkovou väzbou je značený ako validne uzátvorkovanie jednoduchými zátvorkami a pseudoknot býva reprezentovaný hranatými zátvorkami. Sekundárnu štruktúru je možné nakresliť do dvojdimenzionálneho euklidovského priestoru a toto nakreslenie graficky znázorňuje prepojenia nukleotidov vodíkovými väzbami.

Terciárna štruktúra koordinátmi popisuje presné rozloženie jednotlivých atómov v trojdimenzionálnom euklidovskom priestore. V našej práci je hlavným cieľom tieto koordináty určiť za predpokladu znalosti primárnej sekvencie a terciárnych štruktúr ďalších RNA molekúl, ktoré sa pokúšame pri predikcii použiť ako vzory.

Kvartérna štruktúra RNA popisuje vzťahy medzi celými molekulami RNA - napríklad interakcie medzi jednotlivými molekulami RNA v ribozómoch Noller (1984) a taktiež vzťahy medzi RNA a molekulami bielkovín.

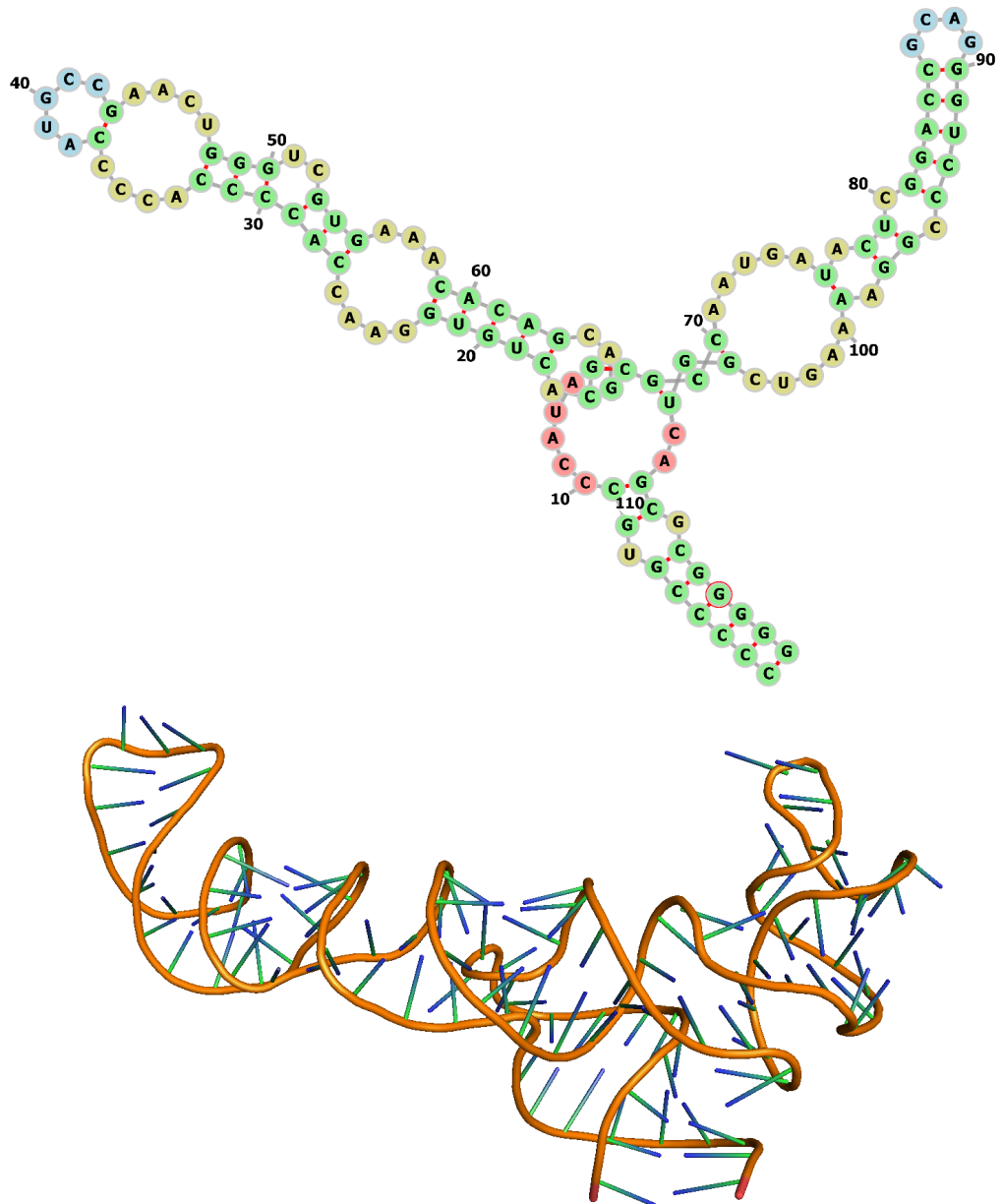
1.4 Význam a získavanie terciárnej štruktúry

Štruktúra RNA priamo súvisí s funkciou, ktorú vykonáva. Tvar štruktúry Figure 1.3 určuje, ktoré enzýmy sa na ňu dokážu pripájať, prípadne ju modifikovať, a s ktorými bielkovinami a nukleovými kyselinami sa dokáže viazať. Bolo preukázané, že väčšina častí RNA štruktúry, ktoré sú schopné sa viazať s inými molekulami, nie sú súčasťou žiadneho base pair-u, a teda sú v sekundárnej štruktúre označené ako nespárované Schudoma C. (2010). Zmena terciárnej štruktúry, ktorá vedie ku strate pôvodnej funkcie molekuly, sa nazýva denaturácia.

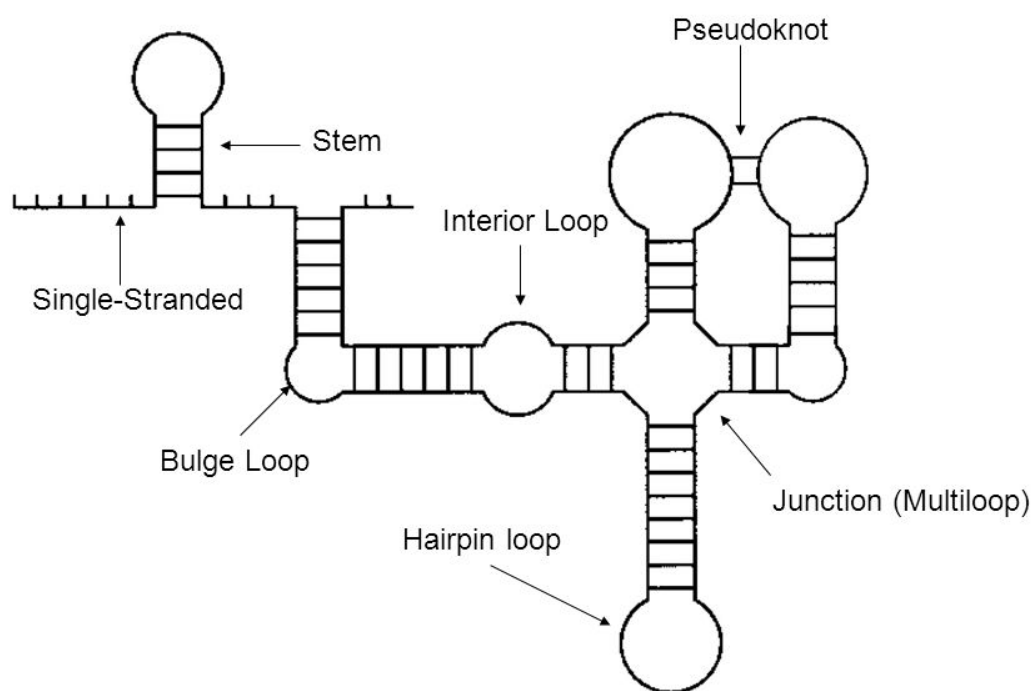
```

1 >3FWO:B | PDBID | CHAIN | SEQUENCE
2 CCCCCGUGCCCAUAGCACUGUGGAACCACCCACCCCAUGCCGAACUGGGUCGUGAAACA
3 CAGCAGCGCCAAUGAUACUCGGACCGCAGGGUCCCGGAAAAGUCGGUCAGCGCGGGGG

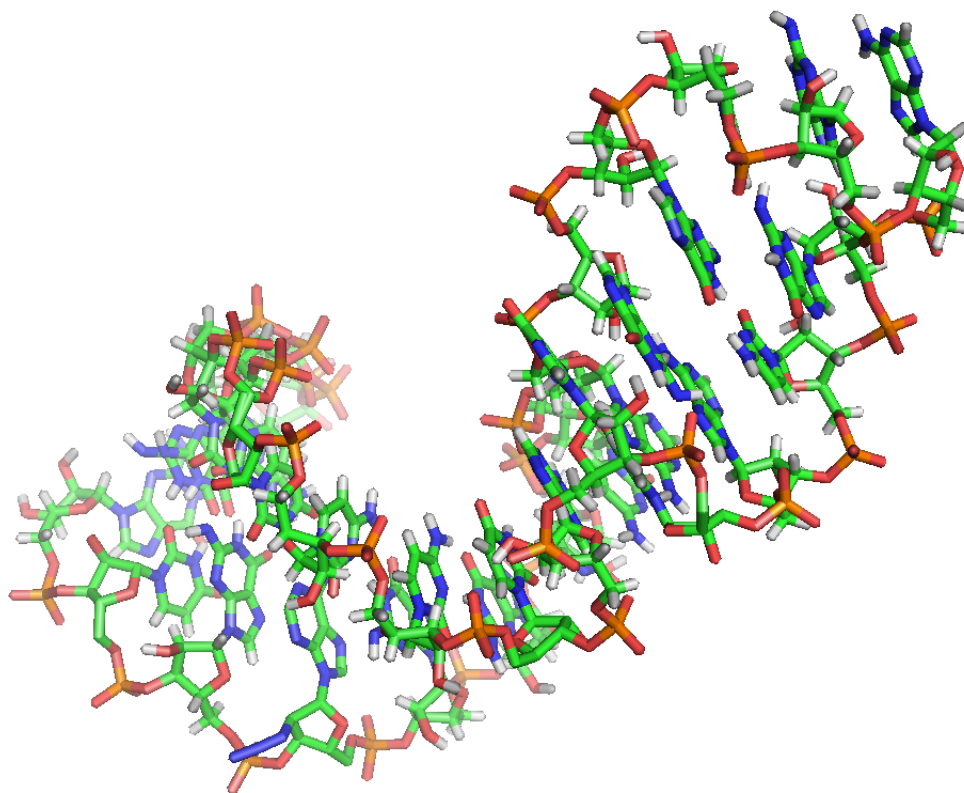
```



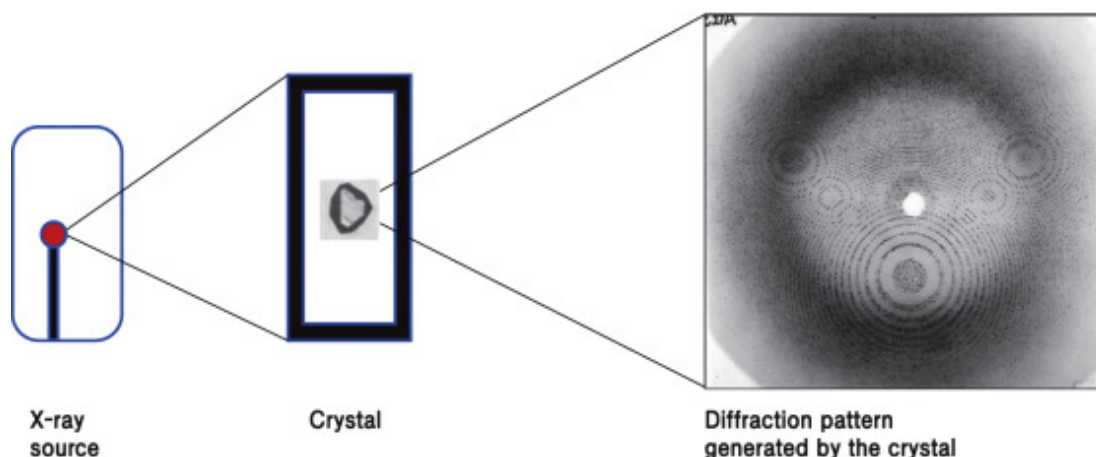
Obrázek 1.1: Na obrázku vidíme zhora-dole tri reprezentácie molekuly 1FWO_B: primárna sekvenciu, sekundárna štruktúra a terciárna štruktúra.



Obrázek 1.2: Príklad nakreslenia sekundárnej štruktúry RNA. Eddy (2004)



Obrázek 1.3: Príklad terciárnej štruktúry RNA nachádzajúcej sa v baktérii *Escherichia coli*.



Obrázek 1.4: Princíp rentgenovej kryštalografie. Ryu (2017)

Bolo vyvinutých viacero experimentálnych metód, pomocou ktorých môžeme získať terciárnu štruktúru RNA Felden (2007):

- metódy s vysokou presnosťou
 - X-ray crystallography
 - Cryo-electron microscopy
 - Nuclear Magnetic Resonance (NMR) spectroscopy
- metódy s nižšou presnosťou
 - Mass spectrometry
 - Chemical probing
 - Thermal denaturation
 - RNA engineering

X-ray crystallography (rentgenová kryštalografia) funguje principiálne tak, že sa molekula najprv zkrýštalizuje a následne sa nasvieti rentgenovým lúčom. Z kryštálu je lúč odrazený a pritom rozdelený na viacero lúčov. Zmeraním uhlov odrazu a intenzity odrazených lúčov je následne možné určiť pozície jednotlivých atómov v molekule. Momentálne je to jedna z najpoužívanějších metód získavania mnohých makromolekulárnych štruktúr. Rozlíšenie získanej štruktúry sa pohybuje okolo 2.0 Å. Figure 1.4

Cryo-electron microscopy metóda využíva zmrazenie molekuly v substancii, ktorá je následne pozorovaná elektrónovým mikroskopom. Princíp tejto metódy je známy približne od roku 1970, ale až donedávna nebolo možné pomocou nej získať tak presné výsledky ako pomocou rentgenovej kryštalografie. Na druhej strane, dĺžka skúmanej štruktúry nie je pri tejto metóde tak limitujúcim faktorom. V roku 2017 bola udelená Nobelova cena za chémiu J. Dubochetovi, J. Frankovi a R. Hendersonovi za vyvinutie metódy, ktorou sa dá získať atómová štruktúra molekuly s vysokým rozlíšením.

Metóda Nuclear Magnetic Resonance je založená na pôsobení statického magnetického poľa na jadrá atómov v molekule. Je vhodná hlavne na získavanie kratších štruktúr.

Experimentálne prístupy sa od seba navzájom líšia presnosťou výsledku, dĺžkou štruktúry, s ktorou sú schopné pracovať, ale ich hlavnou nevýhodou je, že sú stále časovo náročné a drahé. Pretože získavanie primárnej štruktúry RNA a proteínov je oveľa ľahšia úloha, začali byť skúmané aj možnosti, ako predikovať sekundárnu a terciárnu štruktúru algoritmicky, čomu sa budeme v našej práci venovať.

2. Metódy výpočetnej predikcie

Cieľom výpočetnej predikcie RNA štruktúry je dokázať algoritmicke modelovať terciárnu alebo sekundárnu štruktúru na základe znalosti primárnej sekvencie RNA molekuly. Pri takejto predikcii je dôležité, aby sme dostali čo najpresnejší výsledok v porovnaní s experimentálnymi metódami, a zároveň aby výpočtové nároky a čas boli výrazne nižšie, než v prípade experimentálnej rezolúcie štruktúry. Aby malo zmysel sa pokúšať o predikciu štruktúry zo sekvencie potrebujeme vedieť, že terciárna a teda aj sekundárna štruktúra je do veľkej miery jednoznačne určená štruktúrou primárnou.

Túto otázku môžeme zodpovedať vďaka znalostiam zo skladania (foldingu) proteínov, ktorých výskumu sa venovalo viacej úsilia. Platí, že skladanie bielkovín a RNA prebieha veľmi podobne, a preto poznatky o štruktúrach a sekvenciách bielkovín môžeme použiť aj pri RNA. Moore (1999)

Existujú dve hlavné pozorovania, ktoré nám umožňujú štruktúry makromolekúl modelovať Jenny Gu (2009):

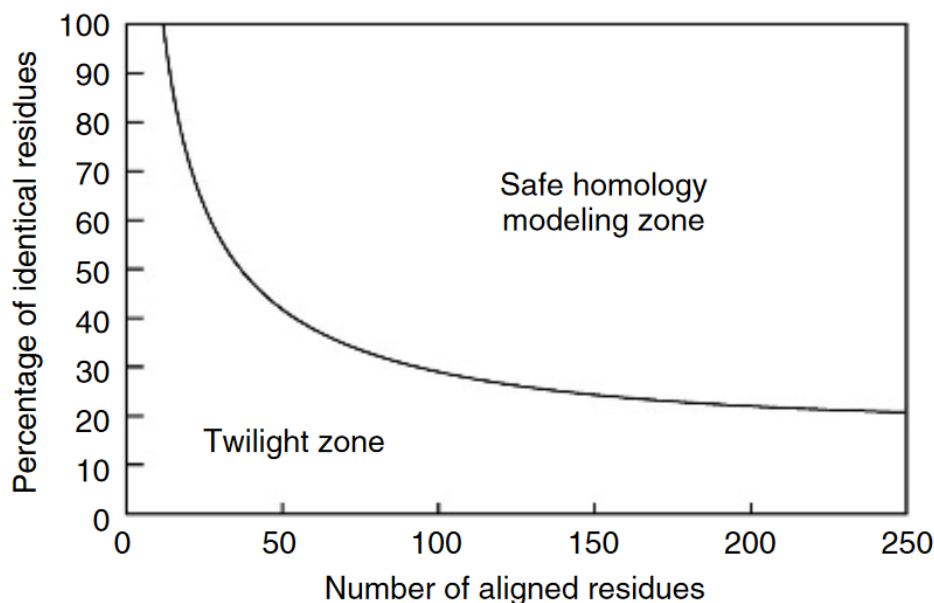
- Štruktúra proteínu je unikátne určená sekvenciou aminokyselín.
- Štruktúra sa zachováva aj pri určitých zmenách v sekvencii, a teda platí, že napriek odlišnosti v sekvenciách sú štruktúry veľmi podobné. Je to spôsobené tým, že počas evolúcie štruktúra stále plnila podobnú úlohu, a preto sa jej tvar nemenil aj napriek mutáciám sekvencie. Vďaka rozširujúcej sa databáze makromolekúl (Protein Data Bank) boli empiricky získané vzťahy definujúce, aká by mala byť podobnosť rovnako dlhých sekvencií, aby sme mohli predpokladať, že aj ich štruktúry sú podobné. Tento vzťah zobrazuje obrázok Figure 2.1.

2.1 Ab initio predikcia

Pri ab initio predikcii štruktúry vychádzame iba z primárnej sekvencie a chemicko-fyzikálnych vlastností, vďaka ktorým sa v reálnom svete štruktúra skladá do stabilného tvaru. Algoritmus postupne vytvára kandidátske štruktúry tak, že sa snaží minimalizovať funkciu predstavujúcu voľnú energiu (energia, ktorá je ľahko dostupná v systéme). Algoritmus následne z takto vygenerovaných kandidátov musí vybrať najprirodzenejšiu štruktúru. Najväčším problémom tohoto prístupu je mnoho lokálnych miním vo funkcii predstavujúcej voľnú energiu, a preto aj výpočetná zložitosť.

Tieto komplikácie sa dajú čiastočne riešiť viacerými spôsobmi. Jedna cesta je zvýšiť výpočetný výkon - použitie superpočítača, alebo distribuovať výpočet na mnoho výpočetných staníc. Ďalšia je pokus o zmenšenie vyhľadávacieho priestoru a efektívnejšie vyhľadávať kandidátske štruktúry. Jedna metóda je označovaná ako coarse-grained reprezentácie, kde nie sú reprezentované všetky atómy. Využívajú sa taktiež heuristické a pravdepodobnostné metódy na zmenšenie prehľadávaného priestoru.

Stále však platí, že ab initio predikcia je pre dlhšie štruktúry nepoužiteľná. Napriek tomu, že súčasný state-of-the art umožňuje predikovať krátke štruktúry



Obrázek 2.1: Vzťah dĺžky štruktúr a percentuálneho pomeru identických residuí v sekvenciách určujúce predpoklad, že štruktúry takýchto sekvencií sú podobné. Jenny Gu (2009)

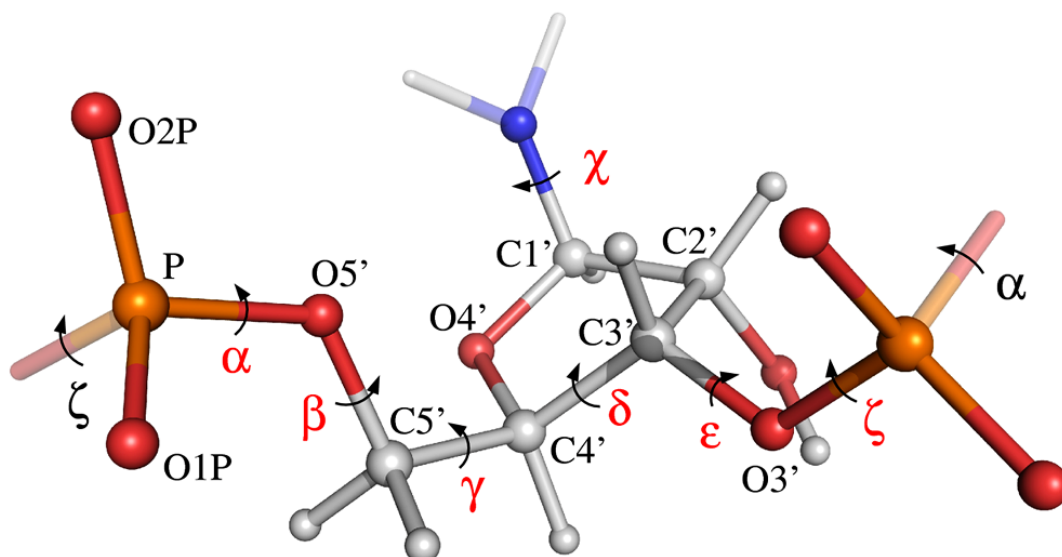
celkom presne, s rastúcou dĺžkou sekvencie neúmerne rastie výpočetná náročnosť. Ako príklad uvedieme pokus predikovať štruktúru dlhú 112 nukleotidov, pričom výsledná štruktúra sa líšila od experimentálne získanej len minimálne, výpočet však stál viac ako 100 000 hodín CPU. Qian a kol. (2007)

2.2 Knowledge based de novo predikcia

Princíp tohoto typu predikcie je veľmi podobný ako ten v ab initio metóde, ale namiesto samplovania možných usporiadaní atómov používa knižnicu krátkych úsekov štruktúry (väčšinou dĺžky 2-5 nukleotidov). Algoritmus následne vytvára kandidátske štruktúry tým, že kombinuje jednotlivé krátke fragmenty štruktúr z knižnice do kandidátskych štruktúr, a takisto minimalizuje voľnú energiu modelu. Výhodou je hlavne zrýchlené generovanie kandidátskych štruktúr oproti ab initio predikcii. Aj tak je však predikovanie dlhých štruktúr príliš pomalé. Mnohé nástroje preto umožňujú vložiť sekundárnu štruktúru predikovanej sekvencie, a tak zmenšiť prehľadávaný priestor.

Ďalší spôsob ako znížiť prehľadávaný priestor, je použitie šikovnejšej reprezentácie štruktúry. V prípade, že atómy reprezentujeme súradnicami v trojdimenzionálnom priestore, ich síce vieme dobre zobrazit, ale takáto reprezentácia má $3 \times \text{počet_átomov}$ stupňov voľnosti. Výhodnejšie je štruktúru reprezentovať napríklad pomocou reprezentácie uhlov medzi nukleotidmi. Figure 2.2

Nástroj FARFAR Das R. (2010), ktorý používame v našej predikcii, patrí tiež medzi knowledge based modelovacie metódy.



Obrázek 2.2: Reprezentácia RNA fragmentu pomocou siedmych uhlov. Frellsen a kol. (2009)

2.3 Alignment sekvencií

Zarovnanie dvoch sekvencií slúži na získanie informácie o tom, ktoré časti sekvencií sú nejako evolučne, štrukturálne, alebo funkčne príbuzné. Existuje viacero druhov algoritmov zarovnania - napríklad jednoduchý dot plot vhodný na jednoduchú vizualizáciu zarovnania Gibbs (1970), kombinácia heuristických metód a dynamického programovania ako algoritmy FASTA a BLAST určené na čo najrýchlejšie porovnanie sekvencie s rozsiahlou databázou ďalších sekvencií, alebo metódy počítajúce najlepšie zarovnanie určené skórovacím systémom za pomoci dynamického programovania.

V tejto práci budeme využívať semiglobálne zarovnanie pomocou modifikovaného algoritmu Needleman–Wunsch Needleman S. B. (1970) implementovaného v programe EMBOSS Rice P. a A. (2000). Ako vstup algoritmus dostáva dve sekvencie dĺžiek m a n , ktoré chceme zarovnať, a hodnoty parametrov gap open (penalizácia v skóre za otvorenie medzery v zarovnaní) a gap extend (penalizácia v skóre za predĺženie medzery v zarovnaní). Algoritmus následne za pomoci dynamického programovania Figure 2.3 vypočíta zarovnanie s najnižším skóre v čase aj priestore $O(nm)$. Výstupom algoritmu sú optimálne zarovnané sekvencie a príslušné najlepšie dosiahnuteľné skóre zarovnania. V zarovnaní na určitej pozícii môžu nastať tri prípady, a to zarovnanie dvoch rovnakých rezidií (match), zarovnanie dvoch odlišných rezidií (mismatch), a nakoniec zarovnanie rezidua na medzeru (gap) vloženú do druhej sekvencie. Nami používaná implementácia algoritmu nepenalizuje za medzery v zarovnaní nachádzajúce sa na začiatku alebo na konci zarovnania, preto je možné ňou zmysluplne zarovnať krátku štruktúru na časť oveľa dlhšej štruktúry. Zarovnanie s takýmito vlastnosťami zaraďujeme medzi hybridné zarovnávacíe metódy a označujeme ako semiglobálne Brudno (2003).

Okrem globálneho poznáme aj presné lokálne zarovnanie vyriešené algoritmom Smith–Waterman Smith T. F. (1981). Tento algoritmus pracuje taktiež na princípe dynamického programovania a vyhľadáva zarovnanie dvoch subsekvencií.

Needleman-Wunsch

match = 1

mismatch = -1

gap = -1

		G	C	A	T	G	C	U	
		0	-1	-2	-3	-4	-5	-6	-7
G	-1	1	0	-1	-2	-3	-4	-5	
A	-2	0	0	1	0	-1	-2	-3	
T	-3	-1	-1	0	2	1	0	-1	
T	-4	-2	-2	-1	1	1	0	-1	
A	-5	-3	-3	-1	0	0	0	-1	
C	-6	-4	-2	-2	-1	-1	1	0	
A	-7	-5	-3	-1	-2	-2	0	0	

Obrázek 2.3: Needleman-Wunsch algorithm (2014) Wikipedia dostupné na https://en.wikipedia.org/wiki/Needleman-Wunsch_algorithm 27.05.2019. Příklad jednoho z troch nejlepších zarovnání dvou sekvencí:

GCATG-CU

G-ATTACA

cií s najlepším skóre. Používa sa na nájdenie podobných regiónov medzi dvomi sekvenciami.

2.4 Homológne modelovanie

Tvrdenie zo začiatku kapitoly, ktoré hovorí, že štruktúra si zachováva podobný tvar aj napriek tomu, že jej sekvencia postupne mutuje, umožňuje zmysluplne predikovať štruktúru na základe vzoru. Homológne modelovanie používa na modelovanie neznámej štruktúry zo sekvencie ešte jednu vzorovú molekulu (template), ktorej štruktúra je známa, teda získaná za pomoci nejakej experimentálnej metódy. Predikovanú molekulu zvykneme nazývať cieľ (target).

Homológne modelovanie pozostáva z nasledujúcich krokov:

1. Určenie vhodnej template štruktúry.
2. Zarovnanie sekvencií a získanie konzervovaných úsekov.
3. Dopredikovanie nekonzervovaných úsekov.
4. Optimalizácia napredikovaného modelu.

Prvým krokom je teda určenie vhodnej template štruktúry, pomocou ktorej budeme predikovať target štruktúru. Typicky budeme hľadať molekulu s čo najpodobnejšou sekvenciou, aby sa neskôr minimalizoval počet a veľkosť nekonzervovaných úsekov.

Druhým krokom je globálne zarovnanie oboch sekvencií a získanie konzervovaných úsekov, teda úsekov, v ktorých by mali byť obe štruktúry veľmi podobné. Konzervované úseky môžu byť po nejakých úpravách prenesené do cieľovej štruktúry. Z princípu vyplýva, že čím podobnejšie sekvencie budú mať target a template štruktúry, tým viac konzervovaných úsekov bude existovať a tým jednoduchšia a presnejšia by mala predikcia byť.

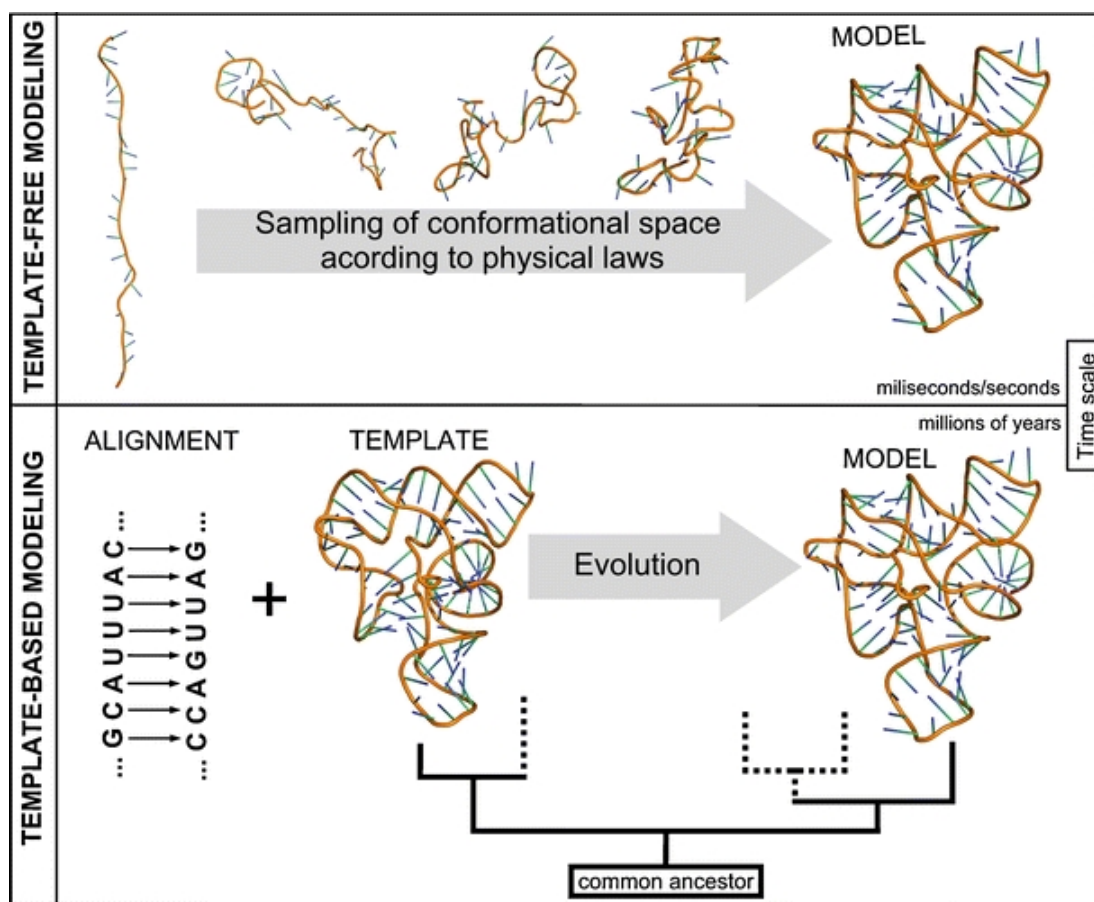
V treťom kroku musia byť dopredikované nekonzervované (chýbajúce úseky) cieľovej štruktúry. Existuje viacero prístupov. Jedným z nich je knižnica fragmentov, kde sa do chýbajúcej medzery v cieľovej štruktúre snažíme vhodne umiestniť fragment štruktúry z knižnice, ďalším je napríklad dopredikovanie medzery ab initio alebo de novo algoritmami.

Takto hotový model sa nakoniec môže optimalizovať použitím algoritmu na minimalizovanie voľnej energie, alebo sa môžu vyriešiť kolízie medzi jednotlivými nukleotidmi.

Hlavnou výhodou homológneho modelovania je, že je možné ho použiť na dlhé štruktúry. Problémom môže byť výber správnej template štruktúry a dopredikovanie nekonzervovaných úsekov. Figure 2.4

2.5 Prehľad existujúcich nástrojov

Vďaka tomu, že počet dostupných primárnych sekvencií stále rastie rýchlejšie, ako počet experimentálne zistených terciárnych štruktúr, vzniklo mnoho nástrojov na predikciu terciárnej štruktúry RNA. V tabuľke uvádzame prehľad a základné princípy fungovania najpoužívanějších aktuálne dostupných algoritmov



Obrázek 2.4: Porovnanie princípu de novo a template based predikcie Rother K (2011)

na predikciu RNA štruktúr Table 2.1. V nasledujúcich dvoch sekciách bližšie predstavíme algoritmy ModeRNA a FARFAR, ktoré budeme používať v našej práci.

2.6 ModeRNA

ModeRNA je algoritmus komparatívneho modelovania RNA. Je dostupný ako ModeRNA server a ponúka službu kompletnej predikcie submitovanej sekvencie (nájdenie vhodného template, zarovnanie sekvencií a vytvorenie modelu terciárnej štruktúry). Okrem toho je možné stiahnuť jej zdrojové kódy (Python) a nainštalovať a používať ju lokálne pre automatické hromadné spracovanie.

Ako vstup ModeRNA požaduje zarovnanie template a target sekvencií spolu so štruktúrou template molekuly. Dodané zarovnanie ModeRNA nijako nemodifikuje a od jeho kvality a zvoleného template závisí výsledná presnosť predikcie. Zjednodušený algoritmus, ktorým ModeRNA predikuje štruktúru Rother K (2011):

- Skopírovanie zarovnaných nukleotidov.
- Substitúcia nukleotidov, ktoré boli zarovnané na iný nukleotid.
- Modelovanie indelov (označujeme tak miesto vloženia alebo zmazania nukleotidu v sekvencii) vložení fragmentov štruktúr z knižnice obsahujúcej 131 316 fragmentov dĺžky 2-19 nukleotidov. ModeRNA najprv rýchlym filtrovaním podľa vzdialeností prekrývajúcich sa atómov fragmentu a template-u vyberie 50 najvhodnejších kandidátov, pokúsi sa ich vložiť do medzery a pre každého kandidáta spočíta skóre. Následne vyberie jediného s najlepším skóre a vloží ho do medzery.
- V prípade, že predikovaná štruktúra (backbone) nie je spojitá, ModeRNA sa ju pokúsi opraviť.

Názov	Info	Referencia
MacroMolecule Builder	komparatívny modeling RNA	Flores a kol. (2011)
ModeRNA	komparatívna predikcia s knižnicou databázových fragmentov na predikovanie medzier	Rother a kol. (2011)
SimRNA	corase-grained model s Monte Carlo samplingom štruktúr	Boniecki a kol. (2015)
FARFAR	knowledge based de novo prediktor knowledge-based automatizovaná	Das R. (2010)
RNAComposer	predikcia štruktúry RNA s využitím sekundárnej štruktúry	Biesiada a kol. (2016)
iFoldRNA	de novo predikcia RNA založená na corase-grained model	Sharma a kol. (2008)

Tabulka 2.1: Prehľad najčastejšie používaných programov určených na predikciu RNA s informáciou o type použitého algoritmu.

2.7 FARFAR

FARFAR je algoritmus de novo predikcie RNA implementovaný spolu s ďalšími bioinformatickými algoritmami a nástrojmi v balíčku Rosetta. My ho používame na predikovanie krátkych nekonzervovaných úsekov v našom algoritme.

Nástroj je schopný predikovať štruktúru iba z primárnej sekvencie.

Algoritmus pracuje tak, že nedeterministicky generuje kandidátske štruktúry, z ktorých vyberie tú s najnižšou voľnou energiou. Keďže sa jedná o algoritmus typu Monte Carlo, dve rôzne spustenia algoritmu môžu generovať rôzne výsledky a platí, že čím viac kandidátskych štruktúr vygenerujeme, tým viac máme šanci na vygenerovanie čo najlepšej štruktúry.

Z pohľadu výkonnosti platí, že čím viac nukleotidov predikujeme (všetne tých pevne daných) tým predikcia dlhšie trvá. Pre presnejšiu predstavu sme urobili porovnanie, pričom sme predikovali nekonzervovaný úsek dlhý 9 nukleotidov. Pri zahrnutí zvyšných 129 konzervovaných nukleotidov do predikcie trvalo vygenerovanie jednej štruktúry približne 13 minút. Pri totožných podmienkach a parametroch s jedinou zmenou, a to, že sme do predikcie vybrali len 41 okolitých konzervovaných nukleotidov, trvala predikcia jednej kandidátskej štruktúry v priemere menej ako 6 minút.

Očakávaná presnosť predikcie je priamo úmerná dĺžke neznámeho predikovaného úseku. Autori algoritmu uvádzajú, že pri predikcii štruktúr dĺžky 6 až 13 nukleotidov je priemerná RMSD menšia ako 2 Å. Pri štruktúrach dlhých 13-23 nukleotidov predstavovala priemerná RMSD už 6,5 Å.

Je však takisto možné dať mu na vstup pdb súbor s koordinátami niektorých nukleotidov a zakázať mu tieto nukleotidy modifikovať. Takisto je možné mu dodať pdb súbor s nukleotidmi a dovoliť mu, aby ho algoritmus bral ako fixovaný kus štruktúry, ktorým môže ľubovoľne pohybovať oproti zvyšku štruktúry. Posledná pre nás využiteľná možnosť je dodať algoritmu sekundárnu štruktúru target molekuly. Touto štruktúrou sa potom algoritmus pri predikcii riadi a znižuje sa tak prehľadávaný priestor.

3. Algoritmus Trooper

V tejto práci naväzujeme a ďalej vylepšujeme algoritmus Trooper, ktorý bol vytvorený v rámci mojej bakalárskej práce na Matematicko-Fyzikálnej fakulte Galvánek (2016). Preto v tejto kapitole uvedieme princípy fungovania a stav implementácie algoritmu tak, ako bol popísaný v bakalárskej práci. Jedná sa o algoritmus založený na princípe homológneho modelovania, čo znamená, že predikujeme terciárnu RNA štruktúru na základe primárnej sekvencie molekuly označovanej ako target a známej terciárnej štruktúry a sekvencie inej RNA molekuly označovanej ako template.

3.1 Kostra algoritmu

V nasledujúcom zozname uvádzame postupnosť hlavných krokov algoritmu.

1. Predpríprava a validácia vstupných súborov: template sekvencia, target sekvencia a štruktúra.
2. Alignemnt: Zarovnanie target a template sekvencií.
3. Sliding window: Algoritmus posuvného okienka na zarovnaní.
4. Treating indels: Vyriešenie medzier v zarovnaní.
5. Kopírovanie a mapovanie konzervovaných nukleotidov z target štruktúry do predikovanej template štruktúry.
6. Vyčlenenie predikcie príliš dlhých medzier v target štruktúre.
7. Príprava vstupu pre FARFAR.
8. Predikcia nekonzervovaných úsekov pomocou algoritmu FARFAR.
9. Zloženie predikovaných úsekov a dlhých medzier do finálnej štruktúry.

3.2 Popis algoritmu

Ako vstup algoritmus dostane target sekvenciu a template sekvenciu aj štruktúru. Na výstupe očakávame terciárnu štruktúru target molekuly RNA.

Ako prvý krok algoritmus skontroluje, či sú sekvencia vo fasta súbore a štruktúra v pdb súbore rovnako indexované. Nukleotidy v pdb súbore sú očíslované, ale vo fasta súbore číslo nukleotidu odpovedá jeho pozícii v súbore. Kontrolujeme to prechodom cez pdb súbor tak, že indexom nukleotidu z pdb zaindexujeme do fasta súboru a typ nukleotidu musí byť v oboch súboroch na tejto pozícii zhodný. V prípade, že zhodný nie je, skúsime ešte posunúť fasta sekvenciu pridaním dummy nukleotidov na začiatok sekvencie (pre prípad, že by začiatok sekvencie v súbore chýbal). Ak sa nám nepodarí ani takýmto spôsobom dosiahnuť, aby sa typy nukleotidov v rovnakých indexoch zhodovali, označíme target za nevhodný pre predikciu a algoritmus končí neúspechom.

V druhom kroku urobíme globálne zarovnanie (alignment) target a template sekvencií v programe Emboss Needle. Na vytvorené zarovnanie použijeme algoritmus posuvného okienka (sliding window) a pre každú pozíciu určíme percentuálnu mieru okolitých úspešne zarovnaných nukleotidov spadajúcich do okienka. V prípade, že získaná hodnota je vyššia ako parametrom určená hranica, označíme príslušnú pozíciu v zarovnaní ako konzervovanú.

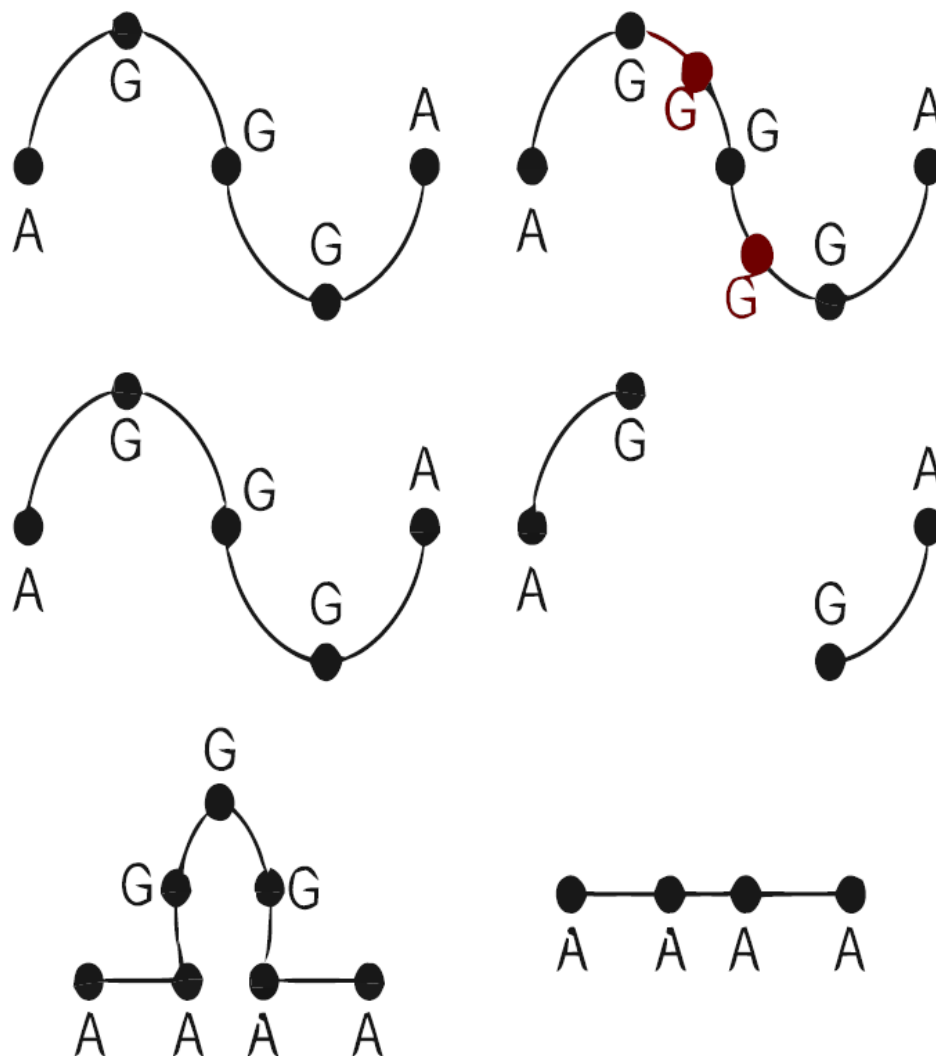
V treťom kroku sa zaoberáme medzerami (indels), ktoré vznikli v target alebo template sekvencii pri zarovnaní. Inak povedané, do oboch sekvencií mohol algoritmus zarovnania ľubovoľne vložiť medzery alebo na seba zarovnať nezhodujúce sa nukleotidy tak, aby získal zarovnanie s čo najlepším skóre Table 3.1. To znamená, že medzery v inak konzervovanom úseku template sekvencie by vo výsledku nenechali miesto na doplnenie nukleotidov z target sekvencie zarovnaných oproti týmto medzerám z template sekvencie. Naopak, medzery v target sekvencii zarovnané oproti nukleotidom v template sekvencii v inak konzervovanom úseku by mohli spôsobiť medzeru v predikovanej štruktúre, nakoľko by sme z fragmentu konzervovanej štruktúry len odmazali nejaké nukleotidy a ničím ich nedoplnili. Figure 3.1 Oba tieto problémy riešime tak, že nukleotidy v určitom okolí takýchto úsekov označíme za nekonzervované a budú dopredikované algoritmom FARFAR. Taktiež označíme za nekonzervované tie nukleotidy, ktoré boli zarovnané na nezhodujúci sa typ nukleotidu.

V štvrtom kroku skopírujeme konzervované časti template štruktúry do predikovanej target štruktúry. Vzhľadom na to, že v zarovnaní môžu byť rôzne vložené medzery do target aj template sekvencie, musíme premapovať indexy nukleotidov z template štruktúry tak, aby odpovedali nukleotidom, na ktorých mieste sú vložené v target sekvencii. Toto urobíme jednoducho vďaka informáciám zo zarovnania. Takto získame target štruktúru s medzerami, ktoré potrebujeme dopredikovať.

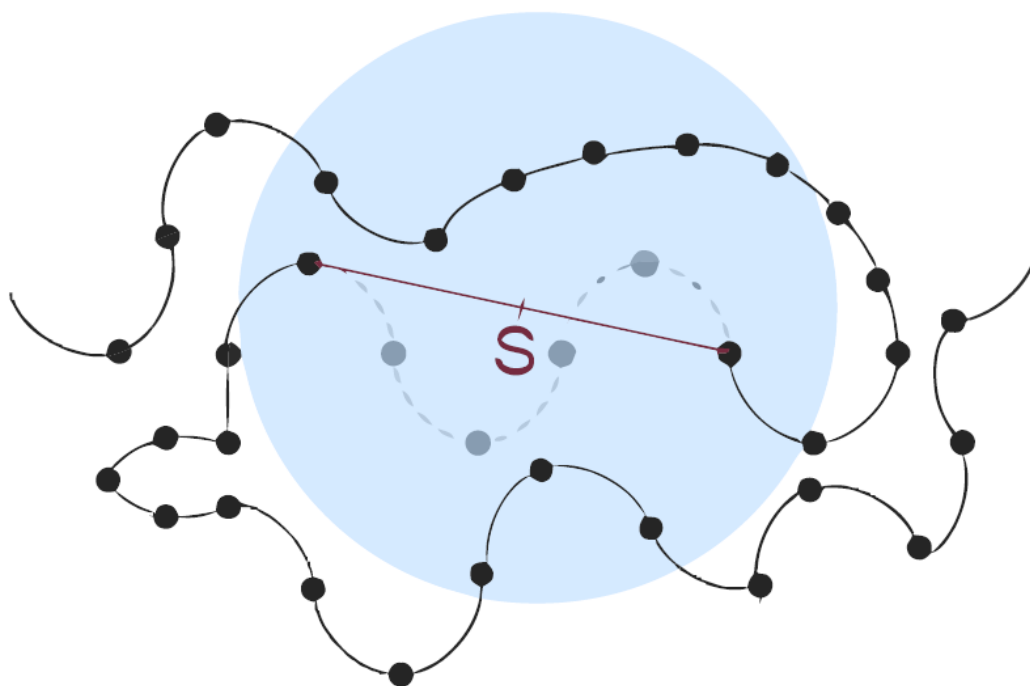
V piatom kroku identifikujeme dlhé nekonzervované úseky a vyčleníme ich následnú predikciu do samostatných behov algoritmu FARFAR. Prvým dôvodom je, že takto sa môže FARFAR zamerať iba na predikciu dlhého úseku, a tým znížime celkovú výpočtnú náročnosť. Takisto môžeme zmeniť jeho parametry, ako napríklad zvýšiť počet sámplovaných modelov, prípade zvýšiť celkový čas predikcie. Ďalším dôvodom, prečo dopredikovanie nekonzervovaných úsekov takto delíme je, že algoritmus FARFAR sa nedokáže dobre vysporiadať s predikciami príliš dlhých štruktúr, aj keď je časť nukleotidov pevne daná. Z tohto dôvodu rozdeľujeme dlhé štruktúry na úseky dĺžky 300 nukleotidov na základe ich poradia v sekvencii. Takéto delenie spôsobuje ďalší problém - nukleotidy, ktoré sú od seba vzdialené v sekvencii môžu byť blízko pri sebe v terciárnej štruktúre. Naše riešenie teda vyberie tieto dlhé nekonzervované úseky spolu s okolitými nukleotidmi, ktoré ležia v guli so stredom určeným úsečkou spájajúcou posledný konzervovaný nukleotid

Sekvencia	konzervované	nekonzervované	gap	gap
template	G	A	-	U
target	G	G	C	-

Tabulka 3.1: Prehľad štyroch situácií, ktoré môžu nastať na každej pozícii v zarovnaní dvoch sekvencií.



Obrázek 3.1: Problémy, ktoré môžu nastať v štruktúre pri vložení medzier do target alebo template časti zarovnania. Prvý riadok zobrazuje komplikácie pri pokuse vložiť nukleotidy (znázornené červenou farbou) do celistvej štruktúry (teda v zarovnaní boli pridané medzery do target sekvencie). Druhý riadok ukazuje opačný problém, a to vynechanie dvoch nukleotidov a roztrhnutie štruktúry (zodpovedá to vložím medzier do target sekvencie). Tretí riadok odpovedá rovnakej situácii ako druhý, ale odstránenie nukleotidov zo štruktúry nespôsobuje problém, pretože odstránené nukleotidy tvorili loop, ktorý môžeme bez problémov odobrať.



Obrázek 3.2: Schématické nakreslenie sféry so stredom v bode S, ktorý je stredom úsečky spájajúcej dva krajné konzervované nukleotidy medzery v štruktúre. Všetky nukleotidy, ktoré padnú do bledomodrej gule, budú použité pri predikcii daného úseku.

pred nekonzervovaným úsekom s prvým konzervovaným nukleotidom za nekonzervovaným úsekom vzhľadom na ich poradie v sekvencii. Polomer tejto gule je určený empiricky ako 0,75-násobok dĺžky úsečky, kedy by guľa mala obsiahnuť všetky relevantné nukleotidy. Figure 3.2

V šiestom kroku pripravíme vstupné dáta pre algoritmus FARFAR. To zahŕňa prípadné rozdelenie na úseky po 300 nukleotidov spomenuté v predchádzajúcom odstavci a prepísanie informácií o tom, ktoré nukleotidy sú pevne dané a ktoré treba dopredikovať do vstupného súboru. Takisto tu určíme parametre pre jednotlivé predikcie, ako napríklad počet vygenerovaných štruktúr.

V siedmom kroku všetky takto pripravené časti predikcie spustíme a počkáme na výsledok. Toto je najpomalšia časť algoritmu, kedy FARFAR potrebuje čas minimálne pár hodín až niekoľko desiatok hodín, aby dokázal predikovať dlhšie nekonzervované úseky. Tie sú napriek tomu najväčšou slabinou nášho algoritmu, pretože podľa výsledkov získaných v bakalárskej práci platí, že čím dlhšie nekonzervované úseky sa nachádzajú v predikovaných štruktúrach tým je presnosť predikcie nižšia.

V poslednom kroku najprv konvertujeme úseky z internej reprezentácie FARFARu do klasických pdb súborov a tie spojíme do výsledku.

3.3 Používané typy súborov

V algoritme opakovane pracujeme s určitými typmi textových súborov. Sú to súbory s príponami fasta (*uloženie sekvencie*), secstr (*uloženie sekundárnej*

```

4MGN_B.fasta
1 >4mgn:B|PDBID|CHAIN|SEQUENCE
2 GCGGAAGUAGUUCAGUGGUAGAACACCACCUUGCCAAGGUGGGGUCGCGGGUUCGAGUCCCGUCUCCGCU

4MGN_B.secstr
1 GCGGAAGUAGUUCAGUGGUAGAACACCACCUUGCCAAGGUGGGGUCGCGGGUUCGAGUCCCGUCUCCGCU
2 (((((((((...(((...{...})))...(((...]]...)))...(((...{...}...)))...)))...)))

4mgn.pdb
547 ATOM      42  C2'   G  A  11      5.725 -27.941   2.484  1.00169.89      C
548 ATOM      43  O2'   G  A  11      6.056 -27.404   1.212  1.00153.29      O
549 ATOM      44  C1'   G  A  11      6.859 -28.865   2.926  1.00172.17      C
550 ATOM      45  N9    G  A  11      6.365 -29.978   3.759  1.00162.95      N
551 ATOM      46  C8    G  A  11      6.462 -30.105   5.123  1.00173.38      C
552 ATOM      47  N7    G  A  11      5.922 -31.205   5.571  1.00177.55      N
553 ATOM      48  C5    G  A  11      5.437 -31.841   4.436  1.00167.56      C
554 ATOM      49  C6    G  A  11      4.751 -33.076   4.296  1.00164.57      C
555 ATOM      50  O6    G  A  11      4.425 -33.879   5.179  1.00160.13      O
556 ATOM      51  N1    G  A  11      4.441 -33.345   2.967  1.00161.51      N
557 ATOM      52  C2    G  A  11      4.751 -32.530   1.906  1.00160.80      C
558 ATOM      53  N2    G  A  11      4.366 -32.965   0.697  1.00157.05      N
559 ATOM      54  N3    G  A  11      5.391 -31.376   2.023  1.00154.75      N
560 ATOM      55  C4    G  A  11      5.702 -31.096   3.307  1.00161.46      C
561 ATOM      56  P     A  A  12      3.619 -25.383   3.517  1.00163.33      P
562 ATOM      57  OP1   A  A  12      3.305 -23.975   3.166  1.00180.95      O
563 ATOM      58  OP2   A  A  12      3.353 -25.873   4.895  1.00120.42      O
564 ATOM      59  O5'   A  A  12      2.845 -26.334   2.502  1.00133.91      O
565 ATOM      60  C5'   A  A  12      2.978 -26.155   1.100  1.00114.52      C

```

Obrázek 3.3: Na obrázku vidíme zhora nadol príklady súborov fasta, secstr a pdb pre molekulu 4mgn.

štruktúry), pdb (uloženie terciárnej štruktúry) a aln (uloženie zarovnania dvoch sekvencií) Figure 3.3.

Súbory typu fasta slúžia na ukladanie sekvencií. Pozostávajú z dvoch riadkov, v prvom je identifikátor sekvencie pozostávajúci z jej názvu a chain-u (jedna sekvencia máva často viacero chains) a v ďalších riadkoch sú za sebou zoradené jednotlivé nukleotidy *A*, *C*, *G*, *U*. V prípade, že je nejaký nukleotid v rade neznámy, bežne sa namiesto jeho typu úvádza písmeno *N* alebo *X*.

Súbory secstr nám slúžia na ukladanie informácií o sekundárnej štruktúre molekuly. Sú tvorené kombináciou rôznych typov zátvoriek, ktoré popisujú sekundárnu štruktúru tak, že medzi nukleotidmi odpovedajúcimi zátvorkám existuje chemická väzba - takéto dva nukleotidy sa tiež nazývajú base pair. Z toho vyplýva, že sa v terciárnej štruktúre budú nachádzať blízko pri sebe. Bodka v sekundárnej štruktúre znamená, že nukleotid netvorí base pair so žiadnym ďalším nukleotidom. Rôzne typy zátvoriek ako `[]`, `{}`, `<>` reprezentujú pseudouzly Ramlan a Zauner (2008).

Súbory typu pdb uchovávajú okrem iného informácie o jednotlivých atómoch molekuly. V každom riadku sú uložené informácie o presných koordinátoch atómu v 3D priestore, typ atómu vrámci nukleotidu, chain do ktorej atóm patrí a index nukleotidu, ktorému patrí. PDB súbory často nie sú kompletne, chýbajú v nich atómy alebo celé nukleotidy. Takisto sa stáva, že indexy nukleotidov v pdb súboroch a fasta súboroch nesúhlasia. Táto nekonzistentnosť medzi súbormi, alebo chýbajúce časti pdb súborov sťažujú ich algoritmické spracovanie.

Súbory s príponou aln označujú výstup zarovnania dvoch sekvencií z programu EMBOSS Needle. Súbor obsahuje presné zarovnanie sekvencií, skóre zarovnania, percentuálny pomer medzier v zarovnaní (gaps) a percentuálny pomer korektné

zarovnaných nukleotidov označený ako similarity.

3.4 Popis implementácie

Algoritmus bol implementovaný prevažne v programovacom jazyku Python 2.7. s využitím knižnice BioPython, ktorá zjednodušuje prácu so štandardnými súbormi používanými v bioinformatike, ako napríklad pdb a fasta. Okrem toho sme použili bash scripty na manipuláciu so súbormi a spustenie predikcie vo FARFAR.

Algoritmus bol rozdelený na tri časti. Prvá pozostávala zo spustenia predikcie dopredu pripravenej target-template dvojice molekúl na lokálnom PC s operačným systémom Windows. To obsahlo algoritmus po siedmy krok, teda bola pripravená target štruktúra do stavu, kedy treba dopredikovať nekonzervované úseky algoritmom FARFAR. Následne boli takto pripravené vstupy pre FARFAR skopírované na servery organizácie Metacentrum používajúce operačný systém unixového typu s dávkovým spracovaním úloh. Vďaka tomu, že predikcie nekonzervovaných úsekov v rámci jednej molekuly sú na sebe nezávislé a tiež predikcie molekúl medzi sebou sú nezávislé, môžeme predikcie nekonzervovaných úsekov algoritmom FARFAR paralelizovať. To je veľmi dôležité, pretože de novo predikcia nekonzervovaných úsekov bola najdlhšie trvajúca časť algoritmu a predikcia jednej štruktúry mohla obsahovať niekoľko takýchto de novo predikcií. Po skončení FARFAR predikcií nekonzervovaných úsekov boli výsledky skopírované späť na lokálny PC a tam boli v treťom kroku vyhodnotené výsledky.

3.5 Pseudokód

V tejto sekcii uvádzame pseudokód algoritmu Trooper v stave po bakalárskej práci. Premenné začínajú malým písmenom, názvy metód veľkým písmenom. Pseudokód ignoruje prácu s datami a znaky `//` za premennou znamenajú, že premenná nahrádza množinu pdb súborov. Pseudokód nám bude ďalej v práci slúžiť aj na to, aby sme sa vedeli na jendotlivé metódy v prípade potreby odkazovať.

```
1 Main(fastaTarget , fastaTemplate , pdbTemplate)
2 {
3     CheckTemplateMapping
4         (fastaTemplate , pdbTemplate)
5     alignment := Align
6         (fastaTarget , fastaTemplate)
7     alignment1 := UseSlidingWindow
8         (alignment)
9     alignment2 := ProcessGaps
10        (alignment1)
11    conservedParts := CopyConservedParts
12        (alignment2 , pdbTemplate)
13    mappedConservedParts := MapConservedParts
14        (conservedParts , alignment2)
15    longParts[] := ProcessLongUnconservedParts
16        (mappedConservedParts)
```

```

17     shortParts [] := ProcessShortUnconservedParts
18         (mappedConservedParts)
19     predictedParts [] := PredictUnconservedParts
20         (longParts [], shortParts [])
21     finalModel := ConnectPredictedParts
22         (predictedParts)
23 }
24
25 CheckTemplateMapping(fasta , pdb)
26 {
27     foreach res in pdb
28     {
29         if (fasta[res[id]] != res[type])
30             ERROR: Input needs manual editing!
31             EXIT PROGRAM
32     }
33 }
34
35 Align(fastaTarget , fastaTemplate)
36 {
37     string alignment := CallEmbossAln
38         (fastaTarget , fastaTemplate)
39     return EditAlignmentFormat(alignment)
40 }
41
42 SlidingWindow(alignment , windowLength , minimalLimit)
43 {
44     hL = windowLength DIV 2
45     foreach nucleotide in alignment
46     {
47         check if in [nucleotide[id]-hL, nucleotide[id]+hL]
48             is less than minimalLimit conserved nucleotides
49             if so mark nucleotide as unconserved
50     }
51     return modifiedAln
52 }
53
54 ProcessGaps(alignment , cutoff)
55 {
56     foreach gap in alignment
57     {
58         alignment := mark "cutoff" nucleotides from
59             both sides of the gap as unconserved
60     }
61     return alignment
62 }
63
64 CopyConservedParts(alignment , pdb)

```

```

65 {
66     conservedParts = ""
67     foreach nucleotide in pdb
68     {
69         if (IsConserved(nucleotide, alignment))
70             conservedParts += nucleotide
71     }
72     return conservedParts
73 }
74
75 MapConservedParts(conservedParts, alignment)
76 {
77     map nucleotide id's from current state (nc with
78     id x corresponds to x-th nc in template fasta) to
79     state where nc id correctly corresponds to
80     nucleotide in target fasta
81     return modifiedConservedParts
82 }
83
84 ProcessLongUnconservedParts
85     (conservedParts, ncAvarageLength, minLengthGapLimit)
86 {
87     longParts = []
88     foreach gap in conservedParts
89     {
90         if length(gap) <= minLengthGapLimit
91             continue
92         startNc := conserved nucleotide before gap
93         endNc := conserved nucleotide after gap
94         ph="phosphor"
95         s := FindMiddle(startRes[ph], endRes[ph])
96         p := length(gap) * ncAvarageLength / 2
97         ncsInSphere := all nucleotides inside sphere(p, s)
98         preparedPart := PrepareCorectFormatForFARFAR
99             (ncsInSphere)
100         longParts [] += preparedPart
101     }
102     return longParts []
103 }
104
105 ProcessShortUnconservedParts
106     (conservedParts, lengthOfSection, maxLengthGapLimit)
107 {
108     createdSections = []
109     createdSections [] = divide "conservedParts" into
110         sections with length of "lengthOfSection"
111     preparedSections = []
112     foreach section in createdSections []

```

```

113     {
114         preparedSections [] += PrepareCorectFormatForFARFAR
115             (section , maxLengthGapLimit)
116     }
117     return preparedSections []
118 }
119
120 PredictUnconservedParts(lgUnconsPts [] , shUnconsPts [])
121 {
122     predictedParts = []
123     allParts := lgUnconsPts [] + shUnconsPts []
124     foreach input in allParts
125     {
126         predictedParts [] += CallFARFAR(input)
127     }
128     return predictedParts []
129 }
130
131 ConnectPredictedParts(predictedParts [])
132 {
133     connect all conserved and predicted nucleotides
134     into single file in case of duplicity
135     (they are almost the same) choose only one
136 }

```

3.6 Časová zložitosť

V tejto sekcii rozoberieme časovú zložitosť algoritmu ako reálnu, tak aj asymptotickú, ktorou sme sa v bakalárskej práci nezaoberali. Budeme na to potrebovať definovať premennú dĺžka molekuly l , kedy budeme predpokladať, že všetky molekuly s ktorými pracujeme majú takúto dĺžku.

Časová náročnosť celého algoritmu je závislá hlavne na nekonzervovaných úsekoch, ktoré treba predikovať. Časť predikcie po algoritmus FARFAR beží v rádoch sekúnd. Pre FARFAR sme okrem pár problémových predikcií používali obmedzenie predikcie časom 24 hodín, prípadne 100 štruktúr. To znamená, že FARFAR buď stihne do 24 hodín namodelovať 100 modelov štruktúr, alebo s modelovaním skončí predčasne po 24 hodinách a výsledkom bude počet modelov štruktúr, ktoré sa mu do 24 hodín podarilo namodelovať. Z namodelovaných štruktúr sa vyberie tá s najmenšou voľnou energiou. Počet a kvalita kandidátskych štruktúr, ktoré za tento čas algoritmus stihne vygenerovať, závisí na počte nekonzervovaných úsekov, ich dĺžke (problematické sú hlavne dlhé nekonzervované úseky) a dĺžke celej predikovanej štruktúry včetne konzervovaných nukleotidov.

Asymptoticky zložitosť rozoberieme podľa jednotlivých metód pseudokódu:

1. Main: hlavná metóda, ktorá len prevoláva ostatné metódy. $O(1)$
2. CheckTemplatetMapping: Sekvenčný prechod cez fasta a pdb súbory template molekuly: $O(l)$

3. Align: zarovnanie target a template sekvencie: $O(l^2)$
4. Sliding window: sekvenčný prechod zarovnaním $O(l)$
5. ProcessGaps: sekvenčný prechod zarovnaním $O(l)$
6. CopyConservedParts: sekvenčný prechod zarovnaním $O(l)$
7. MapConservedParts: Je možné to urobiť dvomi sekvenčnými prechodami v čase $O(l)$, implementované to však je dosť nešikovne v čase $O(l^2)$
8. ProcessLongUnconservedParts: sekvenčný prechod target sekvenciou $O(l)$
9. ProcessShortUnconservedPairs: sekvenčný prechod target sekvenciou $O(l)$
10. PredictUnconservedPairs: volanie algoritmu FARFAR. Čas považujeme za konštantný, pretože beh obmedzujeme na 1 deň $O(1)$. Asimptotickú zložitosť nástroja sa nám nepodarilo dohľadať.
11. ConnectUnconservedPairs: sekvenčný prechod napredikovanými úsekmi $O(l)$

Celková asymptotická zložitosť nášho algoritmu (v prípade, že FARFAR obmedzíme na $O(1)$) je $O(l^2)$.

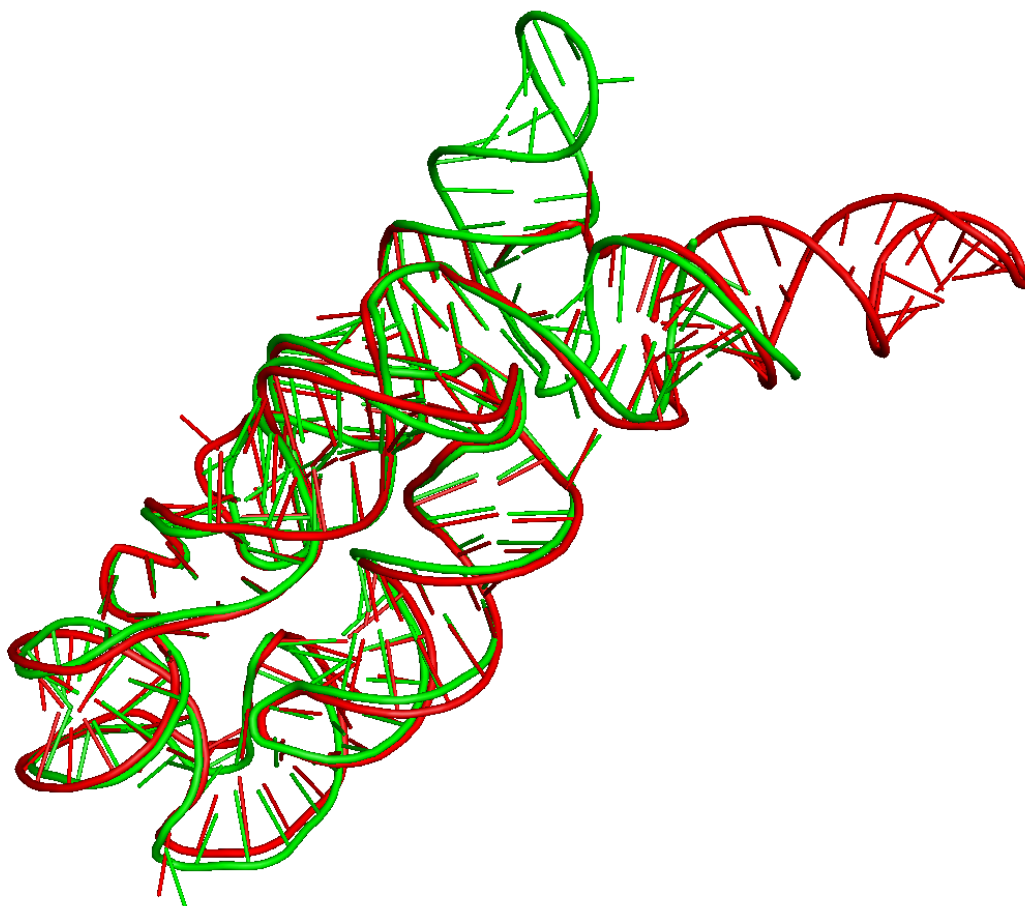
Keď sa pozrieme na reálny čas behu, najviac sa na ňom podieľa algoritmus FARFAR a to jedným dňom, pri štruktúrach dlhých 50-500 nukleotidov. Príprava predikcie a následne spojenie a vyhodnotenie výsledkov zaberie pre jednu štruktúru dlhú 50-500 nukleotidov približne 10 sekúnd. Tento čas sme namerali na počítači s procesorom Intel i5-6200Li 2,8GHz.

3.7 Hlavné problémy algoritmu a jeho implementácie

Najväčším problémom v našom algoritme, ktorý sme identifikovali na základe výsledkov bakalárskej práce, je predikcia dlhších nekonzervovaných úsekov Figure 3.4. Preto by sme potrebovali minimalizovať takéto úseky, prípadne pomôcť algoritmu FARFAR zmenšiť prehľadávaný priestor pri generovaní kandidátskych štruktúr. To by potom mohlo pomôcť rýchlosti predikcie kandidátskych štruktúr FARFAR-om a zlepšiť jeho presnosť. Takisto by sme chceli do väčšej miery automatizovať predikciu, a urobiť ju užívateľsky prívetivejšou.

Aby sme zlepšili problematiku časti algoritmu a jeho implementácie navrhujeme niekoľko vylepšení ako algoritmu, tak aj implementácie. Tieto opatrenia popíšeme v nasledujúcich troch kapitolách a sú hlavným prínosom tejto práce. Tu uvádzame ich prehľad:

1. Algoritmus predikcie
 - (a) Pridanie predikcie sekundárnej štruktúry, ako medzikroku pri predikovaní terciárnej štruktúry.
 - (b) Pridanie možnosti použiť viacero template molekúl pri predikcii jednej target molekuly.



Obrázek 3.4: Na obrázku vidíme zarovnanie experimentálne získanej (3DIG) štruktúry a jej predikcie, napredikovanou našim algoritmom vytvoreným v bakalárskej práci. V pravej hornej časti obrázka vidíme, že algoritmu FARFAR sa nepodarilo správne napredikovať nekonzervovaný úsek.

(c) Algoritmické vyhľadanie vhodnej template štruktúry.

2. Implementácia

- (a) Presunúť celú predikciu na Metacentrum.
- (b) Predikcia prebehne bez manuálnych zásahov do procesu.
- (c) Vysporiadanie sa s chybnými pdb a fasta súbormi.

3. Vyhodnotenie výsledkov

- (a) Porovnanie s nástrojom ModeRNA, ktorý tiež funguje na princípe komparatívneho modelovania.
- (b) Vyhodnotenie na všetkých dostupných kombináciach target-template párov, ktoré má zmysel predikovať, nakoľko v bakalárskej práci sme vybrali len niekoľko desiatok párov, na ktorých sme predikciu skúšali a vyhodnocovali výsledky.

4. Automatizácia predikcie a porovnanie s ModeRNA

V tejto kapitole sa budeme venovať ďalšej automatizácii algoritmu a zjednodušeniu predikcie. Rozoberieme tiež časovú zložitosť pôvodného algoritmu a takisto doplníme funkcionality, vďaka ktorej algoritmus nájde vhodnú template štruktúru pre zadaný target. Okrem toho sme náš algoritmus porovnali s ďalším nástrojom na predikciu RNA štruktúr ModeRNA, ktorý funguje na podobnom princípe ako náš algoritmus, teda na princípe komparatívneho modelovania. Ďalej sme sa pokúsili riešiť problémy, ktoré vznikajú vďaka nezhode fasta sekvencií a sekvencií extrahovaných z odpovedajúcich pdb štruktúr. Pre implementáciu máme vytvorený repozitár na GitHub-e s adresou <https://github.com/galvaner/Trooper>.

4.1 Dáta

Všetky testovacie dáta boli stiahnuté z webu ProteinDataBank <https://www.rcsb.org> Berman (2000). Jedná sa o fasta a pdb súbory RNA molekúl, ktoré majú experimentálne získanú terciárnu štruktúru. Celkový počet molekúl je 1158. Odpovedajúce fasta súbory sme následne rozdelili podľa identifikátora vlákien (*chain*) (jedna stiahnutá molekula môže obsahovať viacero štruktúr rozdelených do vlákien). Po tomto rozdelení fasta súborov sme získali 2081 sekvencií. Na tieto dáta budeme v práci ďalej odkazovať ako na *databázu štruktúr*.

4.2 Automatické vyhľadanie template štruktúry

V pôvodnej implementácii algoritmus očakáva pripravený súbor target a template dvojíc, ktoré bude predikovať. To je vhodné pre účely testovania algoritmu, kedy je našim cieľom zadať vzťah medzi target a template sekvenciou (dĺžka, podobnosť, počet medzier v zarovnaní). V prípade, že by sme našu implementáciu chceli poskytnúť užívateľom tak, aby mohli pomocou nej napredikovať neznámu štruktúru, očakávame, že užívateľ nebude vedieť, akú štruktúru je vhodné použiť ako target. Preto sme naimplementovali možnosť zadať na vstup iba target sekvenciu a náš algoritmus sám určí vhodnú sadu template sekvencií, podľa ktorých by bolo možné cieľovú sekvenciu predikovať čo najlepšie. Počet template sekvencií dodáme algoritmu ako parameter *returnFirstSuitableX* a užívateľovi to dáva teoretickú možnosť napredikovať jeden target podľa viacerých template štruktúr.

Pseudokód algoritmu vyhľadávajúceho template štruktúru:

```
1 SelectTemplates(targetSeq, returnFirstSuitableX)
2 {
3     foundSeqs = []
4     foreach fastaSeq in allSequences
5     {
6         if foundSeqs.Count() == returnFirstSuitable:
7             return foundSeqs
8         if fastaSeq not usable as template for targetSeq:
```

```

9         continue
10        align := CallEmbossAln(fastaSeq, targetSeq)
11        if fastaSeq is better than any of foundSeqs:
12            if fastaSeq not too similar to other foundSeqs:
13                foundSeq.Add(fastaSeq)
14    }
15    return foundSeqs
16 }

```

Algoritmus sme naimplementovali v metóde `SelectTemplates` a pozostáva z toho, že v cykle postupne globálne zarovnávame `target` sekvenciu so sekvenciou z databázy sekvencií (v našom prípade zložka s `fasta` súbormi). Následne zarovnanie validujeme viacerými validáciami. Najprv validujeme, či vôbec budeme môcť uvažovaný `template` použiť podľa toho, že neobsahuje príliš veľa neznámych nukleotidov (ak bol `fasta` súbor generovaný z `pdb`, znamená to chýbajúce nukleotidy v `pdb`). My sme určili minimálny limit 95% platných nukleotidov. Následne validujeme, podľa samotnej podobnosti `target` sekvencie a potencionálnej `template` sekvencie. Nami určený interval podobnosti je v tomto prípade 60% - 90% (minimum vychádza z pokusov z bakalárskej práce, maximum je nastavené empiricky tak, aby sa `target` a `template` dostatočne líšili). Nakoniec validujeme potencionálnu `template` sekvenciu medzi už vybranými `template` sekvenciami. S každou z nich môže mať podobnosť maximálne 90%. Ak zarovnanie prejde validáciou, štruktúru si označíme ako vhodnú pre predikciu a pokračujeme v cykle. Štruktúru taktiež považujeme za vhodnú ako `template` iba vtedy, ak žiadnu veľmi podobnú štruktúru už takto označenú nemáme (podobnosť maximálne 90%). Ukončovacie kritérium pre cyklus je buď prejdenie všetkých štruktúr a vrátenie požadovaného počtu najlepších, alebo nájdenie prvých *returnFirstSuitableX* štruktúr splňujúce parametre hľadania.

Takto môže užívateľ predikovať štruktúru podľa viacerých odlišných `template` štruktúr vo viacerých nezávislých predikciách, výsledky potom manuálne porovnať a vybrať ten najlepší. Nevýhodou vyhľadávania vhodných `template` štruktúr takýmto spôsobom je časová náročnosť, kedy vyhľadanie v našej databáze môže trvať niekoľko minút, čo je výrazné spomalenie. Takýto problém by bolo možné vyriešiť použitím rýchleho heuristického zarovnania typu BLAST alebo FASTA, no vzhľadom na trvanie predikcie FARFAR a predpokladu, že táto funkcionality nebude využívaná na hromadnú predikciu štruktúr, sme to nepovažovali za prioritu. Z pohľadu asymptotickej náročnosti platí všetko, čo sme o nej povedali v rozbere v tretej kapitole a okrem toho na začiatok pridáme zložitosť metódy `SelectTemplates`, ktorá je $O(nl^2)$, kde n označuje počet štruktúr v databáze a l označuje dĺžku štruktúry v databáze. Celková asymptotická zložitosť algoritmu sa teda zvýšila na $O(nl^2)$.

4.3 Automatizácia predikcie

V pôvodnej implementácii bežala časť algoritmu na OS Windows a časť na UNIXe. Medzi operačnými systémami bolo treba manuálne kopírovať súbory, čo je zbytočne zdĺhavé. Kvôli tomu sme algoritmus testovali iba na skupine vybraných dát.

<> Edit file	Preview changes
--------------	-----------------

```

1
2 configSlidingWindowSize=10
3 configSlidingWindowMinCoverage=5
4 configMinGapLengthToOwnPrediction=7
5 configDividePredictionIntoRegionsOfSize=300
6 configNumberOfStructuresGeneratedByFARFAR="1"
7 configPathToRosetta='/storage/praha1/home/galvaner/rosetta
  /rosetta_bin_linux_2015.38.58158_bundle/'
8 configPathToRNATools='/storage/praha1/home/galvaner/rosetta
  /rosetta_bin_linux_2015.38.58158_bundle/tools/rna_tools/bin/'
9 configWallTime='23:59:00'
10 predictSecondaryStructure=True
11 useMultipleTemplates=True
12 predictListOfTargets=True # if false predict target-template pairs from txt (do not find
  best templates for target) (old style)
13 singleTargetPredictionFromCmd=False # read name of target fasta from command line and
  select template working only with predictListOfTargets
14 pathToCygwin='C:\\cygwin64\\bin\\bash' # only relevant if running on windows

```

Obrázek 4.1: Príklad konfiguračného súboru.

Rozhodli sme sa teda presunúť beh celého algoritmu na unixový systém. Prečo sme sa rozhodli pre Unix a nie Windows? Hlavným dôvodom je možnosť paralelizácie predikcie FARFAR v Metacentre a taktiež fakt, že Rosetta nie je na Windowse podporovaná. Algoritmus bol upravený tak, že pre predikciu stačí dodať vstupné dáta a spustiť jeden skript na prípravu predikcie bodov 1-7 section 3.1 (teda až do spustenia FARFAR predikcie). Táto časť trvá v základnej verzii algoritmu pár sekúnd pre jednu target štruktúru v závislosti na jej dĺžke. Následne treba spustiť druhý skript, ktorý spustí predikciu FARFAR. Bolo by možné automaticky spustiť tento skript hneď po prvom, avšak v prípade, že by prvá časť skončila s chybami, máme možnosť ju prekontrolovať a nezahltiť tak metacentrum naplánovaním zbytočných taskov. Trvanie druhého skriptu sa štandardne pohybuje okolo 24 hodín, ak nie je nastavené inak. Po dobehnutí predikcie nekonzerovaných úsekov je treba spustiť tretí skript, ktorý konvertuje výstupy FARFAR z internej reprezentácie do pdb súborov, a štvrtý skript, ktorý ich zmerguje do výslednej štruktúry. Oba skripty bežia v rádoch sekúnd pre jednu štruktúru. Nakoniec v prípade, že v priečinku s experimentálne získanými štruktúrami existuje predikovaná target štruktúra, s ňou porovná napredikovanú štruktúru pomocou programu PyMol a výsledok uloží.

V našom prediktore existuje mnoho konfigurovateľných parametrov, ktoré nechceme vždy zadávať na vstupe a ani ich nechceme hardcodovať v rôznych scriptoch. Niektoré sa nachádzajú v shell scriptoch a niektoré v python scriptoch. Preto sme vytvorili konfiguračný súbor `Predictor/scripts/config.py`, ktorý obsahuje všetky relevantné parametre uložené prehľadne na jednom mieste Figure 4.1.

Kroky potrebné vykonať pre kompletnú predikciu štruktúry:

1. Dodať vstupný súbor párov target - template
2. Uistiť sa, že potrebné pdb a fasta súbory sa nachádzajú v rovnomených priečiňkoch.
3. Spustiť skript `prepare_rosetta_prediction.sh` a uistiť sa, že dobehol.
4. Spustiť skript `startFARFAR.sh`.
5. Počkať, kým predikcia nekonzervovaných úsekov dobehne.
6. Spustiť skript `extract_pdbsh.sh`.
7. Spustiť skript `concat_pdbsh.sh`

Pre otestovanie algoritmu sme použili všetky stiahnuté štruktúry sekvencie dĺžky 50 a viac nukleotidov. Najprv sme ich rozdelili do priehradok podľa dĺžky (50-100nt, 101-500nt, 500-viac nt). Štruktúry v priehradkách sme následne spárovali každú s každou ako target - template dvojice a tieto dvojice rozdelili do skupín podľa podobnosti a pomeru medzier vzhľadom na zarovnanie. Z bakalárskej práce sme vedeli, že predikovať sekvenciu na základe štruktúry s podobnosťou menšou ako 60% nie je vhodné, čo sa nám potvrdilo aj pri tomto pokuse. Naopak, pri podobnosti sekvencii väčšej ako 60% sme schopní dosahovať presnosť predikcie pod 10Å. Tento výsledok je porovnateľný s algoritmom ModeRNA, ako ukážeme v nasledujúcej sekcii. Taktiež je to výrazné zlepšenie oproti de novo algoritmom, kde v článku Yunjie Zhao (2012) je uvádzaná priemerná RMSD používaných algoritmov pri predikcii štruktúr dĺžky 50-130 nukleotidov približne 20Å. Naše výsledky sme publikovali v článku Galvanek a kol. (2016) a sú uvedené v tabuľke Table 4.1.

4.4 Porovnanie s ModeRNA

V bakalárskej práci sme algoritmus porovnávali s algoritmom FARFAR, ktorý z princípu nedokáže predikovať príliš dlhé štruktúry (*autori uvádzajú, že FARFAR dosahuje vysokú presnosť len pri štruktúrach veľkosti do 12 nukleotidov*). Teraz sme sa rozhodli porovnať náš algoritmus s komparatívnou predikciou ModeRNA. Pre porovnanie sme sa rozhodli napredikovať rovnaké sekvencie za pomoci rovnakých target štruktúr a porovnať výsledky z ModeRNA s výsledkami

Podobnosť (%)	Gap (%)	Priemer RMSD (Å)	Smerodatná odchýlka (Å)
30-45	30-45	32,05	6,09
45-60	30-45	32,30	4,78
60-75	0-15	11,88	7,81
60-75	15-30	9,63	2,33
60-75	30-45	8,80	7,20
75-90	0-15	6,02	4,37
75-90	15-30	6,93	4,45

Tabuľka 4.1: Výsledky predikcie pre target template páry dĺžky 50-500 nukleotidov.

nášho algoritmu. Napísali sme skript `ModeRNA/moderRNA.py`, ktorý sa pokúša predikovať target - template páry poskytuté na vstupe. Predikcia v ModeRNA je výrazne rýchlejšia a vytvorenie jednej štruktúry sa väčšinou pohybuje v rádoch minút. Výsledky oboch algoritmov sme porovnali Table 4.2, pričom sme uvažovali iba predikcie, ktoré úspešne vytvorili oba algoritmy. V tomto prípade sme rozlišovali dĺžky štruktúr, a to 50-100 nukleotidov a 101-500 nukleotidov. Kritérium na podobnosť tempate štruktúry bolo pre všetky dĺžky rovnaké, a to 60-90%. Z výsledkov vyplýva, že ModeRNA bola úspešnejšia v predikovaní dlhších štruktúr, pričom naopak náš algoritmus si viedol lepšie pri predikovaní štruktúr kratších. Na druhej strane, ModeRNA dokázala napredikovať celkovo viac štruktúr oproti nášmu algoritmu, pretože dokázala lepšie zvládnuť nedokonalé vstupné dáta.

4.5 Porovnanie predikcie dlhých štruktúr s ModeRNA

Algoritmy založené na princípe komparatívneho modelovania majú vďaka vysoko konzervovaným RNA štruktúram potenciál predikovať prakticky neobmedzené dlhé štruktúry, ak pre ne existuje dosť dobrá template štruktúra. Predikcia štruktúr dlhých niekoľko tisíc nukleotidov samozrejme prináša problémy, ako napríklad dlhšie nekonzervované úseky a celkovo dlhší čas predikcie. Skúšali sme predikovať 4 rôzne target-template páry aj pomocou nášho algoritmu, aj pomocou ModeRNA algoritmu. Pravdepodobne kvôli tomu, že ModeRNA používa na vyplnenie nekonzervovaných úsekov knižnicu fragmentov, sa v takto dlhej štruktúre našiel nekonzervovaný úsek, ktorý ModeRNA nedokázala napredikovať. Náš algoritmus má síce s dlhými úsekmi problémy tiež, ale vďaka ich de novo predikcii dokázal napredikovať aj takýto úsek Table 4.3.

Dĺžka (nt)	ModeRNA RMSD (Å)	Trooper RMSD (Å)
50-100	5,77	8,34
101-500	8,25	4,29
50-500	6,21	7,65

Tabulka 4.2: Porovnanie nášho algoritmu s ModeRNA.

Target(len)	Template(len)	Sim(%)	Trooper	ModeRNA
3DG0(2904)	2O45(2880)	68	13,65	No fragments candidates.
4JI1(1522)	4V4Q(1542)	71,6	14,5	No fragments candidates.
4V6W(1995)	4V6X(1869)	68,3	32,7	Sequences do not match.
3DG5(1542)	3J2G(1533)	99,4	9,6	9,6

Tabulka 4.3: Porovnanie výsledkov predikcie vybraných dlhých štruktúr pomocou nášho algoritmu a pomocou ModeRNA.

4.6 Úprava vstupných dát

V tejto sekcii vysvetlíme chyby objavujúce sa vo vstupných dátach a problémy pre algoritmus z toho plynúce. Následne budeme generovať fasta súbory z pdb súborov preto, aby sme vedeli určiť molekulu nepoužiteľnú pre Trooper a vyhli sa tak problémom, ktoré by nastali neskôr v algoritme počas predikcie.

Fasta a pdb stiahnuté zo stránok ProteinDataBank sú experimentálne získané štruktúry, ktoré často nie sú kompletne, alebo obsahujú chyby. Problém pre náš algoritmus nastáva hlavne v prípade, kedy sekvencia fasta súboru neseď so sekvenciou extrahovanou z pdb súboru. Na základe dát, ktorých modifikácia je popísaná v tejto sekcii, sme testovali posledné vylepšenie algoritmu, teda použitie viacerých template štruktúr. Generovanie modifikovaných dát je naimplementované v priečinku s relatívnou cestou Predictor/MyTools/CreateFastasFromPdb.

Principiálne problémy s rozdielnymi sekvenciami v našom algoritme nastávajú v troch konkrétnych prípadoch:

1. Pri hľadaní vhodnej template štruktúry pre predikciu (funkcionalita automatického vyhľadávania template štruktúry).
2. Pri mapovaní template štruktúry na konzervované úseky plynúce zo zarovnania sekvencií. item 5
3. Pri hľadaní a mapovaní sekundárných template štruktúr.

Všetky tri situácie majú rovnakú príčinu a tou je, že algoritmus bude potrebovať namapovať template pdb štruktúru na template fasta sekvenciu. V prípade, že v pdb súbore chýba skupina nukleotidov a zároveň číslovanie nukleotidov oproti fasta súboru neseď, môže existovať viacero možných mapovaní štruktúry na sekvenciu a my nie sme schopní určiť, ktoré mapovanie je správne.

V prípade že nastane takáto situácia, algoritmus nedokáže pokračovať v predikcii. Doteraz sme to riešili tak, že sme sa pokúsili template fasta sekvenciu posunúť pridaním dummy reziduí na jej začiatok (predpoklad, že z FASTA sekvencie chýba na začiatku pár reziduí a ďalej sa už bude poradie nukleotidov zhodovať s tým v pdb súbore) a v prípade, že sa nám niečo takéto nepodarilo nájsť, danú štruktúru sme ako template nepoužili.

Rozhodli sme sa skúsiť eliminovať tento problém vygenerovaním fasta sekvencie z pdb súborov. Situáciu nám však komplikuje častá nekompletnosť pdb súborov, kedy sa pravidelne stáva, že začiatok, prípadne koniec štruktúry chýba. Chýbajúce úseky znova nahradzujeme dummy reziduami (písmeno X). Takéto štruktúry môžu byť následne bez problémov použité ako template alebo sekundárny template pri predikcii, pretože pridaný dummy nukleotid X sa nezarovná na target sekvenciu a bude neskôr dopredikovaný. Z princípu sekvencia obsahujúca takéto dummy nukleotidy nemôže byť predikovaná, keďže nevieme, aký nukleotid máme na dané miesto vlastne predikovať.

Okrem problému s mapovaním štruktúry a sekvencie sme riešili aj duplicitu rôzne pomenovaných, ale pritom rovnakých štruktúr. Tomu sme sa v pôvodnej implementácii vyhli, pretože sme si dopredu testovacie dáta rozdelili podľa podobnosti zarovnaní ich sekvencií, a tie sme vzájomne spárovali. Teda ako template sme používali len dosť odlišné template sekvencie od target sekvencie, nakoľko

predikovať sekvenciu pomocou inej so skoro 100% zhodou by bolo triviálne. V prípade, že hľadáme vhodný template, sa však chceme vyhnúť zbytočnému zarovnávaniu sekvencií, a preto si pri generovaní fasta súborov rovno podobné odfiltrujeme. Docielime to jednoducho tak, že pri vygenerovaní novej fasta sekvencie ju globálne zarovnáme na všetky už vygenerované fasta sekvencie, a ak podobnosť presiahne istú konštantnú hranicu (použili sme 97,5%), tak takúto sekvenciu nepridáme medzi už vygenerované sekvencie.

5. Predikcia sekundárnej štruktúry

Na zlepšenie rýchlosti a presnosti predikovania nekonzervovaných úsekov sme ako prvé opatrenie navrhli riešiť najprv jednoduchší problém, a to predikciu sekundárnej target štruktúry, a pomocou nej neskôr predikovať terciárnu štruktúru nekonzervovaných úsekov. To by malo viesť k zmenšeniu prehľadávaného priestoru pri generovaní kandidátskych štruktúr algoritmom FARFAR. Principiálne teda najprv komparatívnym modelovaním napredikujeme sekundárnu target štruktúru, a tú potom poskytneme ako vstup algoritmu FARFAR, ktorý ju použije pri predikcii terciárnej target štruktúry. Tento postup a jeho výsledky sme popísali aj v článku Galvanek a Hoksza (2017).

5.1 Príprava dát

Pretože algoritmus doplníme o komparatívne predikovanie sekundárnej štruktúry, nebude na vstupe potrebovať len sekvenciu target molekuly a terciárnu štruktúru spolu so sekvenciou template molekuly, ale aj sekundárnu štruktúru template molekuly. Sekundárnu štruktúru očakávame v dot-bracket notácii, ktorú sme popísali v druhej kapitole. Sekundárnu štruktúru by bolo možné získať z terciárnej template štruktúry aj počas predikcie, avšak v prípade, kedy si užívateľ chce dodať vlastnú sekundárnu štruktúru, je preňho výhodnejšie, keď je sekundárna štruktúra dodaná ako ďalší vstupný parameter.

Získať dáta sme sa rozhodli ich určením z terciárnej štruktúry programom DSSR (Defining the Secondary Structures of RNA) zo software balíku x3DNA Lu a Olson (2003). Na hromadné extrahovanie štruktúr sme si potom vytvorili dva krátke scripty, ktoré len prejdú všetky pdb súbory v databáze, spustia DSSR a uložia výsledok. DSSR vytvára v sekundárnej štruktúre base-pairs vyznačené jednoduchými zátvorkami, ako aj pseudo uzly vyznačené hranatými zátvorkami Figure 5.1. Z dôvodov implementačných komplikácií a zladenia s algoritmom FARFAR sme sa rozhodli pracovať iba so sekundárnou štruktúrou označujúcou base-pairs, a preto pseudo uzly neberieme do úvahy.

5.2 Pseudokód

Pseudokód algoritmu predikujúceho sekundárnu štruktúru spolu s integráciou do pôvodného algoritmu, ktorý vychádza z pseudokódu algoritmu Trooper v kapitole 3 section 3.5.

```
1 GGAUCUUCGGGGCAGGGUGAAAUUCCCGACCGGUGGUAUAGUCCACGAAAGUACGCUUUGAUUUGGUGAAAUUCCAAACCGACAGUAGAGUCUGGAUGAGAGAAGAUUC
2 (((((((((.....(((.....))).[((((((.....[[])))..(((.....)))..(((.....))).....(((.....))).....(((.....))).....)))))))))
```

Obrázek 5.1: Príklad súboru sekundárnej štruktúry získanej programom DSSR zo štruktúry terciárnej. V prvom riadku sú príslušné typy nukleotidov a v druhom riadku je samotná sekundárna štruktúra v dot-bracket reprezentácii.

```

1 Main(fastaTarget , fastaTemplate
2       , secStrTemplate , pdbTemplate)
3 {
4     CheckTemplateMapping
5       (fastaTemplate , pdbTemplate)
6     alignment := Align
7       (fastaTarget , fastaTemplate)
8     alignment1 := UseSlidingWindow
9       (alignment)
10    alignment2 := ProcessGaps
11      (alignment1)
12    conservedParts := CopyConservedParts
13      (alignment2 , pdbTemplate)
14    mappedConservedParts := MapConservedParts
15      (conservedParts , alignment2)
16    conservedPartsSecStr := CopyConservedPartsSecStr
17      (alignment2 , secStrTemplate)
18    mappedConservedPartsSecStr := MapConservedPartsSecStr
19      (conservedPartsSecStr , alignment2)
20    predictedSecStr := PredictUnconservedSecStr
21      (mappedConservedPartsSecStr)
22    longParts [] := ProcessLongUnconservedParts
23      (mappedConservedParts , secStr)
24    shortParts [] := ProcessShortUnconservedParts
25      (mappedConservedParts , secStr)
26    predictedParts [] := PredictUnconservedParts
27      (longParts [] , shortParts [])
28    finalModel := ConnectPredictedParts
29      (predictedParts)
30 }
31
32 CopyConservedPartsSecStr(alignment , secStr)
33 {
34     conservedPartsSecStr = ""
35     foreach nucleotide in secStr
36     {
37         if (IsConserved(nucleotide , alignment) and
38             CorrespondingPairIsConserved)
39             conservedParts += nucleotide
40     }
41     return conservedParts
42 }
43
44 MapConservedPartsSecStru(conservedPartsSecStr , alignment)
45 {
46     map nucleotide id's from current state (nc with
47     id x corresponds to x-th nc in template fasta) to
48     state where nc id correctly corresponds to

```

```

49     nucleotide in target fasta
50     return modifiedConservedSecStrParts
51 }
52
53 PredictUnconservedSecStr(mappedConservedPartsSecStr)
54 {
55     input = Tuple(targetFasta, mappedConservedPartsSecStr)
56     predictedSecstr += CallRNAFold(input)
57     return predictedSecstr
58 }
59
60 ProcessLongUnconservedParts
61 (conservedParts, ncAvgLength, minLenGapLimit, secStr)
62 {
63     longParts = []
64     foreach gap in conservedParts
65     {
66         if length(gap) <= minLenGapLimit
67             continue
68         startNc := conserved nucleotide before gap
69         endNc := conserved nucleotide after gap
70         ph="phosphor"
71         s := FindMiddle(startRes[ph], endRes[ph])
72         p := length(gap) * ncAvgLength / 2
73         ncsInSphere := all nucleotides inside sphere(p, s)
74         secStrInSphere := all secstr pairs(ncsInSphere)
75         ncsInSphere += add missing nucleotides from
76             secStrInSphere, when second nucleotide from
77             pair is missing in ncsInSphere
78         preparedPart := PrepareCorectFormatForFARFAR
79             (ncsInSphere, secStrInSphere)
80         longParts [] += preparedPart
81     }
82     return longParts []
83 }

```

5.3 Predikcia sekundárnej štruktúry

Sekundárnu štruktúru predikujeme rovnakým spôsobom ako štruktúru terciárnu, teda komparatívnym modelovaním. Ako vstup potrebuje algoritmus dostať sekvenciu target molekuly, sekvenciu, sekundárnu a terciárnu štruktúru template molekuly.

Používame rovnakú template štruktúru ako pre terciárnu predikciu, a preto sa algoritmus predikcie sekundárnej štruktúry zhoduje s algoritmom predikcie terciárnej štruktúry až po získanie konzervovaných úsekov v zarovnaní (teda metódu *ProcessGaps*). Následne potrebujeme na zarovnanie namapovať sekundárnu template štruktúru. Tu musíme riešiť nasledujúcu situáciu: ak práve jeden nukleotid z

base-pair z template sekvencie je zarovnaný na medzeru v target sekvencii a druhý je zarovnaný na nukleotid, musíme v sekundárnej template štruktúre preznačiť oba nukleotidy ako nespárované, inak by namapovaná sekundárna štruktúra bola neplatná. Tiež to môžeme chápať tak, že sekundárnu štruktúru udržujeme stále správne uzátvorkovanú, čo znamená, že zátvorky rovnakého typu sa navzájom nekrižia, a máme stále rovnaký počet pravých aj ľavých zátvoriek v sekundárnej štruktúre.

Namapovaním sekundárnej štruktúry na alignment získame neúplnú sekundárnu štruktúru target molekuly. Túto následne predáme spolu s target sekvenciou nástroju RNAfold Gruber AR (2008), ktorý predikuje sekundárnu štruktúru vzhľadom na obmedzenia plynúce z dodanej sekundárnej štruktúry.

5.4 Integrácia do existujúceho algoritmu

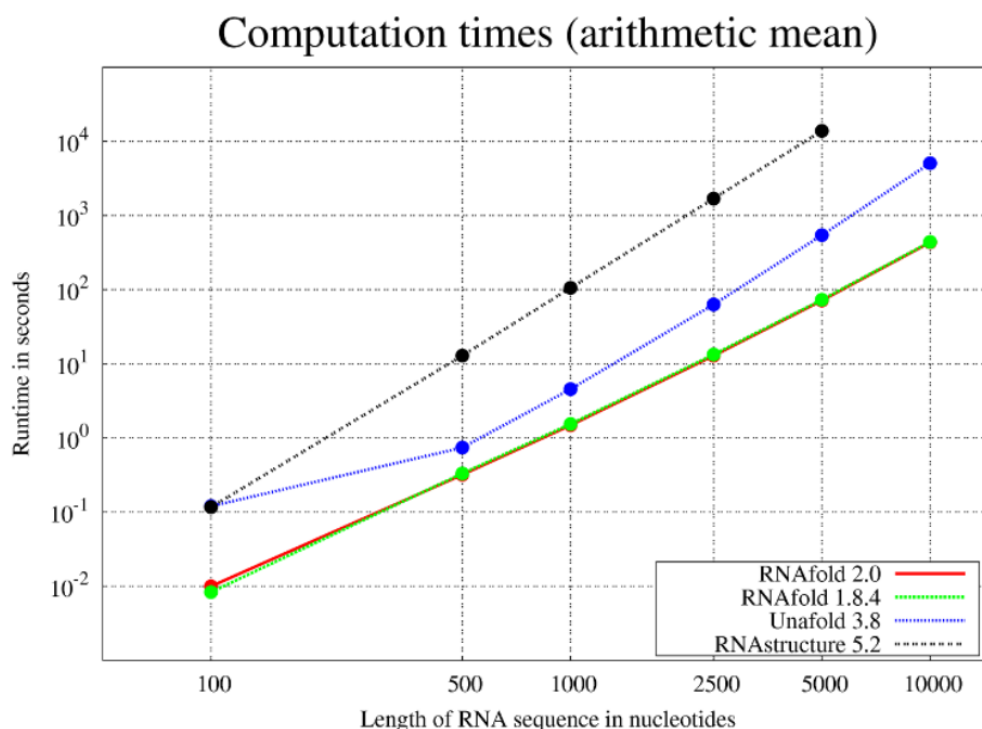
Do konfiguračného súboru sme pridali nastavenie, ktoré určuje, či algoritmus pracuje aj so sekundárnou štruktúrou, alebo nie.

Z pohľadu začlenenia do algoritmu sa sekundárna štruktúra predikuje po kroku mapujúcom terciárnu template štruktúru na alignment, ako môžeme vidieť aj v pseudokóde. V ďalšom kroku, ktorý ošetruje dlhé medzery, už namapovanú sekundárnu štruktúru používame na to, aby sme k fragmentom terciárnej štruktúry slúžiacej ako template pre FARFAR vybrali aj odpovedajúce fragmenty sekundárnej štruktúry. Keďže FARFAR-u musíme dať validnú sekundárnu štruktúru v dot-bracket notácii, v prípade, ak je do predikcie dlhého nekonzervovaného úseku vybraný z base-pairu v sekundárnej štruktúre práve jeden nukleotid, musíme pridať aj druhý, aby sme zachovali validitu sekundárnej štruktúry. To isté rovnakým spôsobom riešime v ďalšom kroku, keď pripravujeme predikciu zvyšku štruktúry už bez dlhých nekonzervovaných úsekov.

Nakoniec sme upravili shell scripty tak, aby nakopírovali na správne miesta súbory so sekundárnymi štruktúrami, a v parametri predali príslušný template súbor so sekundárnou štruktúrou algoritmu FARFAR.

5.5 Časová zložitosť

V tejto sekcii popíšeme, ako sa zmenila časová zložitosť v porovnaní s pôvodným algoritmom Trooper. Principiálne do predikcie pribudli len metódy prípravy predikcie sekundárnej štruktúry a samotná jej predikcia. Metódy pripravujúce predikciu sekundárnej štruktúry majú časovú zložitosť zhodnú s podobnými metódami z prípravy predikcie terciárnej štruktúry. Jediná odlišná metóda je PredictUnconservedSecStr, ktorá volá program RNAfold. Pri ňom autori na stránkach uvádzajú iba analýzu trvania predikcie na rôzne dlhých štruktúrach Figure 5.2. Asymptotickú zložitosť teda presne určiť nevieme, ale ak bude trend rastu časovej náročnosti v závislosti na dĺžke predikovanej molekuly pokračovať podľa obrázku, mal by sa algoritmus zmestiť do $O(l^3)$, kde l označuje dĺžku predikovanej štruktúry. Z obrázku ďalej vidíme, že reálny čas potrebný na predikciu štruktúr dlhých 100-500 nukleotidov sa pohybuje do jednej sekundy. Zhrnúť to môžeme tak, že asymptotická časová náročnosť sa zhoršila z $O(l^2)$ na $O(l^3)$, ale



Obrázek 5.2: Výsledky analýzy dĺžky behu programu RNAfold, v závislosti na dĺžke sekvencie predikovanej sekundárnej štruktúry. Obrázok bol 13.07.2019 stiahnutý z <https://www.tbi.univie.ac.at/RNA/>.

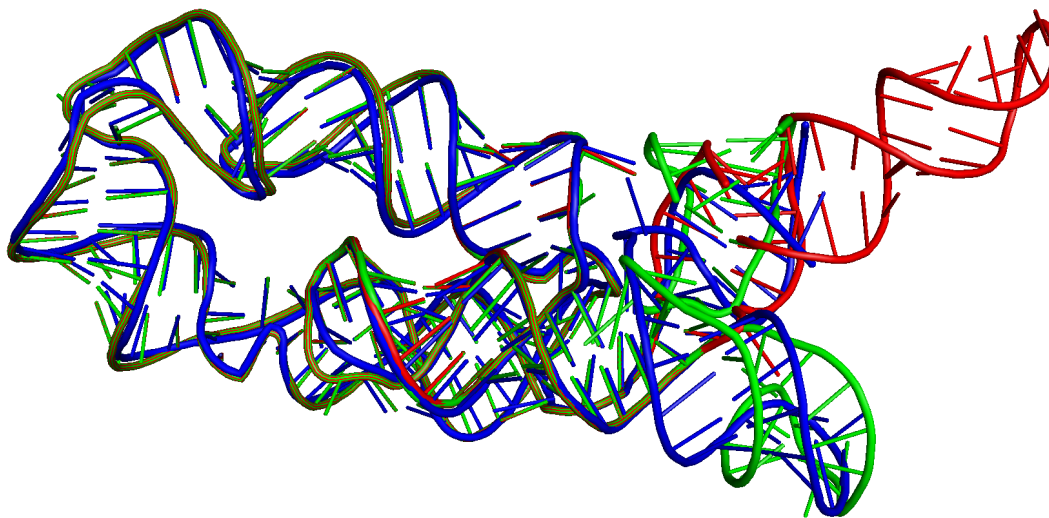
reálna časová náročnosť pri predikcii štruktúr dlhých 50-500 nukleotridov sa zhoršila o pár jednotiek sekúnd.

5.6 Experiment a Výsledky

Za účelom overenia vplyvu pridania predikcie sekundárnej štruktúry do pôvodného algoritmu sme urobili rovnaké testovanie nad rovnakými dátami, ako pri porovnávaní pôvodného algoritmu s ModeRNA. Skúšali sme napredikovať všetky páry s podobnosťou medzi 60% - 90% a dĺžkou 50-100 a 101-500 nukleotidov najprv pôvodnou verziou algoritmu Trooper, verziou algoritmu vylepšenou o predikciu sekundárnej štruktúry a referenčnou predikciou ModeRNA.

Výsledky a porovnanie predikcií uvádzame v tabuľke Table 5.1. Z výsledkov vidíme, že pridanie predikcie sekundárnej štruktúry spôsobilo, že priemerná RMSD pre štruktúry s dĺžkou medzi 50-100 nukleotidov na 413 úspešne napredikovaných pároch sa zhoršila z 5,80Å na 8,23Å, čo približne zodpovedá výsledku 8,53Å, ktoré na predikcii rovnakých štruktúr dosiahla ModeRNA. Pri predikcii štruktúr dĺžky 101-500 nukleotidov a 98 úspešne napredikovaných pároch sa naopak priemerné výsledky predikcie s pridáním predikcie sekundárnej štruktúry výrazne zlepšili a to z 6,91Å na 3,46Å, čo je o niečo lepšie než výsledky ModeRNA, ktorá pri rovnakých podmienkach dosiahla priemer 3,72Å.

Z výsledkov je teda zrejmé, že pridanie predikcie sekundárnej štruktúry a jej poskytnutie algoritmu FARFAR v niektorých prípadoch výsledky zlepšilo a



Obrázek 5.3: Modrá štruktúra je experimentálne získana štruktúra molekuly 3DIG:X s dĺžkou 175 nukleotidov. Červená štruktúra je predikovaná algoritmom Trooper bez použitia sekundárnej štruktúry s výslednou RMSD na úrovni 14,44Å. Zelená štruktúra je predikcia urobená algoritmom Trooper s výslednou RMSD 4,44Å. Pre obe predikcie bol použitý rovnaký template, a to štruktúra 3DOU:A.

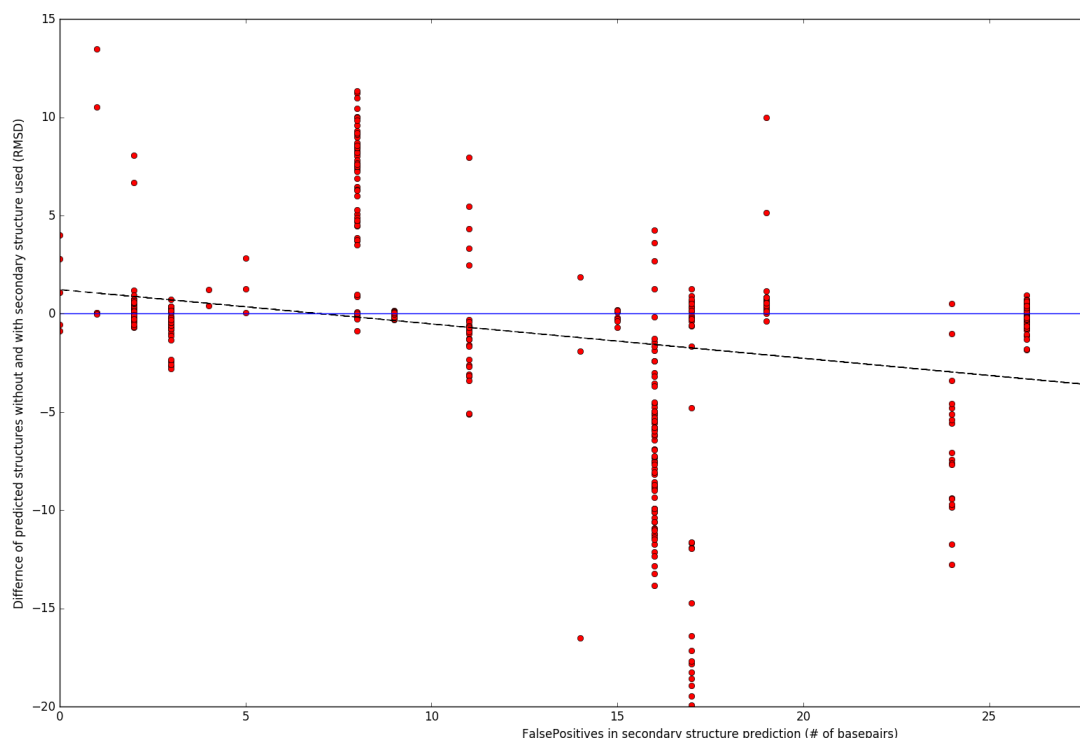
v niektorých zhoršilo. Prečo boli zlepšené práve dlhšie štruktúry by sme mohli vysvetliť tak, že dlhšie štruktúry môžu obsahovať dlhšie nekonzervované úseky, ktorých predikcia je pre FARFAR náročnejšia. Príklad z obrázka Figure 5.3 práve podporuje takúto teóriu, kedy vidíme, že pôvodná predikcia FARFAR bez sekundárnej štruktúry napredikovala nekonzervovaný úsek zle, ale po pridaní sekundárnej štruktúry sa FARFAR-u podarilo úsek napredikovať oveľa presnejšie.

Ďalej sme ešte skúmali značné zhoršenie výsledkov v triede štruktúr veľkostí 50-100 nukleotidov z RMSD 5,8Å na 8,23Å. Zastávame hypotézu, že by to mohlo byť spôsobené nesprávnou sekundárnou štruktúrou dodanou algoritmu FARFAR, pretože inak boli podmienky oboch predikcií rovnaké, a teda by sa priemerné výsledky nemali od seba značne líšiť.

Správnosť predikovanej sekundárnej štruktúry vieme popísať a klasifikovať štyrma mierami: true positives (správne určený existujúci base-pair), true negatives (správne určený nespárovaný nukleotid), false positives (nesprávne určený base-pair) a nakoniec false negative (v štruktúre by mal existovať base-pair, ale

Veľkosť	Počet párov	Trooper bez SS	Trooper s SS	ModeRNA
50-100	413	5,80	8,23	8,53
101-500	98	6,91	3,46	3,72
50-500	511	5,95	7,31	7,61

Tabulka 5.1: Porovnanie priemernej RMSD predikcie RNA nástrojmi Trooper, Trooper s predikciou sekundárnej štruktúry a ModeRNA.



Obrázek 5.4: Závislosť medzi rozdielom výsledkov predikcie s a bez sekundárnej štruktúry a počtom false positive base-pairs v napredikovanej sekundárnej štruktúre. Červené body sú jednotlivé záznamy a čiarkovanou čiarou je zobrazená lineárna regresia týchto bodov.

nie je napredikovaný). Z týchto štyroch ukazateľov sú prvé dva pozitívne a druhé dva negatívne. Pritom ale FARFAR-u môže uškodiť iba prípad false negative, pretože ten mu indikuje, že má v predikcii spárovať (a teda umiestniť blízko seba) dva nukleotidy. Prípady s false negatives by predikciu FARFAR-u nemali zlepšiť, ale ani zhoršiť, pretože nekladú žiadnu podmienku na spárovanie nukleotidov.

Zamerali sme sa preto na prípady false positives v predikovaných sekundárnych štruktúrach a analyzovali sme koreláciu medzi zhoršením, prípadne zlepšením predikcie algoritmu Trooper bez sekundárnej štruktúry a algoritmu Trooper s predikciou sekundárnej štruktúry vzhľadom na počet false positives v napredikovanej sekundárnej štruktúre dodanej ako vstup algoritmu FARFAR. Výsledok je graficky znázornený na obrázku Figure 5.4 a podporuje našu hypotézu o tom, že čím viac vzrastal počet false positives v predikovanej sekundárnej štruktúre, tým bolo pravdepodobnejšie, že predikcia so sekundárnou štruktúrou sa oproti predikcii bez sekundárnej štruktúry zhorší. Preto si myslíme, že zhoršenie v niektorých preikciách bolo spôsobené hlavne zle napredikovanou sekundárnou štruktúrou.

6. Použitie viacerých template štruktúr pri predikcií

Ako druhé opatrenie, na zlepšenie rýchlosti a presnosti predikovania nekonzervovaných úsekov sme navrhli použiť viacero template štruktúr na predikciu jednej target štruktúry. Očakávali sme pritom, že sa nám podarí zmenšiť počet a dĺžku nekonzervovaných úsekov v predikovanej štruktúre a tým výrazne zjednodušiť ich predikciu algoritmom FARFAR.

6.1 Výber sekundárnych template štruktúr

Hlavnou myšlienkou algoritmu je použiť viacero template štruktúr pre predikciu jednej target štruktúry. Tým môžeme dosiahnuť väčšiu percentuálnu mieru konzervovaných úsekov v štruktúre, čo by malo zjednodušiť následnú predikciu nekonzervovaných úsekov.

Existuje viacero spôsobov, ktorými je možné predikovať target molekulu pomocou viacerých template molekúl. My sme sa aj vzhľadom na jednoduchšiu implementáciu do už existujúceho algoritmu rozhodli postupovať tak, že používame jednu template štruktúru ako primárnu (hlavnú) a ďalšie template štruktúry, ako sekundárne (vedľajšie), ktoré sú použité na vyplnenie dlhých nekonzervovaných úsekov (to sú tie, ktoré v pôvodnom algoritme vyčleňujeme do samostatných predikcií v metóde *ProcessLongUnconservedParts*). Alternatívny prístup by mohol byť rozdeliť si target sekvenciu na regióny a pre predikciu každého regiónu použiť inú template štruktúru.

Potencionálne spôsoby ako nájsť vhodné sekundárne template štruktúry pre nekonzervované úseky sú:

1. Globálne zarovnanie potenciálnych sekundárnych template molekúl s target molekulou.
2. Lokálne zarovnanie potenciálnych sekundárnych template molekúl s target molekulou.
3. Semiglobálne zarovnanie potenciálnych sekundárnych template molekúl s target molekulou.
4. Najprv zarovnať heuristickým algoritmom (BLAST, FASTA) a následne z takto vybranej skupiny najlepších štruktúr vybrať tú najvhodnejšiu za pomoci jedného z troch hore uvedených spôsobov.

My sme najprv skúšali prvý a najjednoduchší postup, a to globálne zarovnávať potencionálne sekundárne template molekuly na target molekulu, pričom hľadáme takú sekundárnu template štruktúru, ktorá by dobre vyplnila nekonzervované úseky (teda by ich pokryla aspoň na 60%, ktoré sme na základe doterajšieho testovania určili ako dolnú hranicu pokrytia v zarovnaní). Pri globálnom zarovnaní sme však nenachádzali vhodné sekundárne template štruktúry, ktoré by pokrývali nekonzervované úseky s aspoň 60%. Je to dané tým, že okrem toho, že v sekundárnej template štruktúre sa musí nachádzať vhodný konzervovaný úsek,

musí byť aj na správnom mieste v sekvencii tak, aby bol globálne zarovnaný na miesto nekonzervovaného úseku v target sekvencii. Tento prístup sme nakoniec označili za nepoužiteľný.

Lokálne zarovnanie hľadá zarovnanie s najlepším skóre dvoch podúsekov z target aj template sekvencie. To znamená, že dĺžka zarovnaných úsekov je určená najvyšším skóre zarovnania oboch sekvencií (ak by bol do zarovnania pridaný alebo odobratý ľubovoľný nukleotid z target alebo template sekvencie skóre zarovnania by sa zhoršilo). Vzhľadom na to, že my potrebujeme zarovnať celý nekonzervovaný úsek target sekvencie na ľubovoľný úsek template sekvencie bolo by lokálne zarovnanie ťažko použiteľné.

Semiglobálne zarovnanie je kombinácia globálneho a lokálneho zarovnania. Funguje tak, že kratšiu štruktúru zarovná na časť dlhšej štruktúry a nezarovnané úseky pred a po kratšej štruktúre sa do výsledného skóre zarovnania nezapočítavajú. Teda z globálnym zarovnaním má spoločné to, že kratšia sekvencia je zarovnaná celá na časť dlhšej. Z lokálnym zarovnaním má spoločné to, že pridaním alebo odobratím ďalšieho nukleotidu z dlhšej štruktúry do zarovnania by sme výsledné skóre len zhoršili. V našom algoritme ho budeme používať na vyľadanie optimálnych sekundárnych template molekúl. Postupovať budeme tak, že vyberieme nekonzervovaný úsek z target sekvencie a postupne ho budeme zarovnávať na rôzne potencionálne template sekvencie. Buď môžeme prejsť všetky dostupné sekvencie pre každý nekonzervovaný úsek a vybrať najlepšiu, alebo vyberieme prvú ktorá splní nejaké nami zadané požiadavky. My sme zvolili spôsob, kedy vyberieme prvú vhodnú template štruktúru, ktorú nájdeme.

Semiglobálne zarovnanie získavame rovnakým nástrojom ako globálne, teda pomocou programu Emboss.Needle Rice P. a A. (2000). Z výsledného zarovnania nás nezaujíma skóre zarovnania, ale percentuálny pomer správne zarovnaných nukleotidov oproti nesprávne zarovnaným nukleotidom, prípadne medzerám v zarovnaní (bez medzery na začiatku a na konci), čo označujeme ako podobnosť, alebo tiež similarity. Emboss ale do výstupného súboru zarovnania uvádza len globálnu podobnosť v kombinácii so semiglobálnym skóre Figure 6.1. To pre nás znamenalo, že sme museli naimplementovať parser, ktorý je založený na regulárnych výrazoch, vyberie zo zarovnania len zarovnanú časť a na základe toho určí percentuálnu podobnosť zarovnania.

6.2 Pseudokód

V tejto sekcii uvádzame pseudokód algoritmu používajúceho viacero template štruktúr spolu s integráciou do pôvodného algoritmu. Pseudokód vychádza z pseudokódu algoritmu Trooper so sekundárnou štruktúrou predstaveného v piatej kapitole section 5.2.

```

1 Main( fastaTarget , fastaTemplate
2       , secStrTemplate , pdbTemplate)
3 {
4     CheckTemplateMapping
5       ( fastaTemplate , pdbTemplate )
6     alignment := Align
7       ( fastaTarget , fastaTemplate )

```



```

8   alignment1 := UseSlidingWindow
9       (alignment)
10  alignment2 := ProcessGaps
11       (alignment1)
12  conservedParts := CopyConservedParts
13       (alignment2, pdbTemplate)
14  mappedConservedParts := MapConservedParts
15       (conservedParts, alignment2)
16  conservedPartsSecStr := CopyConservedPartsSecStr
17       (alignment2, secStrTemplate)
18  mappedConservedPartsSecStr := MapConservedPartsSecStr
19       (conservedPartsSecStr, alignment2)
20  predictedSecStr := PredictUnconservedSecStr
21       (mappedConservedPartsSecStr)
22  mappedConservedParts := MultipleTemplatesModule
23       (mappedConservedParts)
24  longParts [] := ProcessLongUnconservedParts
25       (mappedConservedParts, secStr)
26  shortParts [] := ProcessShortUnconservedParts
27       (mappedConservedParts, secStr)
28  predictedParts [] := PredictUnconservedParts
29       (longParts [], shortParts [])
30  finalModel := ConnectPredictedParts
31       (predictedParts)
32  }
33
34  MultipleTemplatesModule(mappedConservedParts)
35  {
36      gaps [] := IdentifyLongUnconservedRegions
37          (mappedConservedParts)
38      potentialTemplateStructures [] = FindPotentialTemplates
39          (database)
40      foreach gap in gaps
41      {
42          extendedGap = ExtendGap(5 nk from each side)
43          secTemplate := FindTemplateForGap
44              (extendedGap, potentialTemplateStructures)
45          preparedSecTemplate := MapTemplateToGap
46              (secTemplate)
47          mappedConservedParts := IntegrateNewTemplateStr
48              (prepared_sec_template)
49      }
50      return mappedConservedParts
51  }
52
53  FindTemplateForGap(gap, potentialTemplateStructures)
54  {
55      alns = []

```

```

56     foreach sequence in potentialTemplateStructures:
57     {
58         alns = EmbossAlign(sequence, gap)
59     }
60     bestAln = alns.SelectBest()
61     return bestAln
62 }
63
64 MapTemplateToGap(secTemplate)
65 {
66     from secTemplate select only relevant nukleotides
67     renumber secTemplate to match unconserved region
68     rename chain to match the primary template
69 }
70
71 IntegrateNewTemplateStr(preparedSecTemplate)
72 {
73     superimpose prepared template to gap
74     OR
75     save secondary template to new file
76 }

```

6.3 Algoritmus

Kroky algoritmu používajúceho viacero sekundárnych template štruktúr:

1. Nájdeme dlhé nekonzervované úseky *IdentifyLongUnconservedRegions*.
2. Otagujeme a vyfiltrujeme potenciálne template štruktúry sekvenčným prechodom všetkých štruktúr, uložíme ich do poľa *FindPotentialTemplates*.
3. For each nekonzervovaný úsek:
 - (a) Upravíme nekonzervovaný úsek na rozšírený nekonzervovaný úsek (o úseky, ktorými budeme spájať s primárnou target štruktúrou) *ExtendedGap*.
 - (b) Pomocou semiglobálneho zarovnania nájdeme v indexovaných štruktúrach vhodnú sekundárnu štruktúru pre nekonzervovaný úsek *FindTemplateForGap*.
 - (c) Namapujeme vybraný fragment sekundárnej target štruktúry na príslušné miesto v template štruktúre (preindexovanie nukleotidov v sekundárnej template štruktúre) *MapTemplateToGap*.
 - (d) Vykonáme jeden z nasledujúcich dvoch krokov, podľa verzie algoritmu *IntegrateNewTemplateStr*:
 - i. Dáme do superpozície štruktúru tvorenú konzervovanými úsekmi z primárnej template štruktúry a fragment zo sekundárnej template štruktúry.

- ii. Uložíme fragment sekundárnej template štruktúry do separátneho súboru, ktorý potom poskytneme algoritmu FARFAR.

Logika algoritmu je naimplementovaná v metóde *MultipleTemplateModule*. Superimposer použitý v metóde *IntegrateNewTemplateStr* bol pôvodne inšpirovaný skriptom od Anders S. Christensen-a dostupného na <https://gist.github.com/andersx/6354971> a výrazne upravený.

V prvom kroku sekvenčne prejdeme target štruktúru skladajúcu sa zatiaľ len z konzervovaných úsekov primárnej template štruktúry a vyhladáme nekonzervované úseky dlhšie ako určitá hranica daná parametrom (momentálne nastavené na 7 nukleotidov).

V druhom kroku si predpripravíme potenciálne template štruktúry tak, že odstránime tie, ktoré obsahujú viac ako 5% neplatných nukleotidov (znaky iné ako A,C,G,U). Okrem toho si uložíme dĺžku každej sekvencie a v nasledujúcom kroku budeme na seba zarovnávať len dosť dlhé sekvencie vzhľadom k nekonzervovanému úseku (minimálne 0,8 násobok dĺžky úseku). Dôvody sú vyhnutie sa problémovým dátam a ušetrenie času pri zarovnávaní hlavne dlhších nekonzervovaných úsekov. Bolo by možné si potenciálne tmepalte sekvencie predpripraviť mimo algoritmu predikcie, čo by ale bolo treba prepočítavať pri zmene v databázi, a keďže celý tento proces trvá pár sekúnd rozhodli sme sa robiť to vždy odznova počas predikcie.

V ďalších krokoch iterujeme cez všetky vybrané nekonzervované úseky algoritmu a pre každý aplikujeme rovnaké kroky. Najprv si nekonzervovaný úsek rozšírime. To znamená, že k nemu pridáme z oboch strán určitý počet nukleotidov (my používame parameter 5). Keďže pracujeme s nekonzervovaným úsekom musí existovať na každej strane minimálne 1 nukleotid, ktorý tento úsek ohraničuje (s výnimkou začiatku a konca sekvencie). Za pomoci týchto rozširujúcich nukleotidov sme schopní superpozíciovať (správne umiestniť) v nasledujúcich krokoch vybraný fragment sekundárnej template štruktúry do primárnej template štruktúry.

V tomto kroku postupne zarovnáваме rošírený nekonzervovaný úsek s vyhovujúcimi predpripravenými štruktúrami z druhého kroku. V prípade, že zarovnanie splňuje určené podmienky, vyberieme príslušnú štruktúru za sekundárny template pre spracovávaný nekonzervovaný úsek a v prehľadávaní ďalej nepokračujeme. Podmienky pre výber používame nasledujúce: podobnosť zarovnania minimálne 70% a maximálne 95%. Maximálnu podobnosť volíme preto, aby sme ako template nepoužili štruktúru skoro úplne zhodnú s target štruktúrou. To by síce bolo žiaduce pri naozajstnej predikcii kedy chceme dostať čo najlepší výsledok, ale nežiadúce pre testovanie funkčnosti predikcie, kedy by nám to zvyšok predikcie výrazne zjednodušilo. Pri predikcií neznámej štruktúry tiež typicky nepoznáme žiadnu veľmi podobnú štruktúru neznámej štruktúre, inak by sme ju použili ako primárny template.

V ďalšom kroku musíme namapovať nukleotidy zo sekundárnej template štruktúry do nekonzervovaného úseku primárnej template štruktúry (ktorá je už namapovaná na target sekvenciu) podľa zarovnania. To znamená pre každý použitý nukleotid zistiť, na aký nukleotid bol namapovaný a zmeniť jeho index v pdb súbore. Okrem toho musíme zmeniť aj chain ID v prípade, že sa nezhodujú chain ids primárnej a sekundárnej template štruktúry.

V poslednom kroku sme skúšali dva rôzne prístupy.

1. Superpozíciovanie sekundárnych template štruktúr do dlhých nekonzervovaných úsekov primárnej template štruktúry.
2. Uložiť fragmenty vyplňajúce dlhé nekonzervované úseky do separátnych súborov.

Prvý spôsob je superpozíciovanie nukleotidov, ktorými sme rozšírili z oboch strán nekonzervovaný úsek a našli preň vhodnú sekundárnu template štruktúru na odpovedajúce nukleotidy v primárnej template štruktúre. Inak povedané to znamená vhodným spôsobom rotovať a posúvať sekundárnu template štruktúru ako celok tak, aby sme minimalizovali RMSD nukleotidov, ktoré sa nachádzajú v oboch štruktúrach a majú rovnaké indexy. Na toto sme použili Superimposer implementovaný v knižnici BioPython. Po vhodnej rotácii a translácii sekundárnej template štruktúry z nej odstránime pridané rozširujúce úseky (pridané v metóde *ExtendGap*) a nukleotidy čiastočne pokrývajúce nekonzervovaný úsek skopírujeme do primárnej template štruktúry. Takýmto spôsobom v ideálnom prípade vyplníme jeden dlhý nekonzervovaný úsek v primárnej template štruktúre, fragmentom štruktúry zo sekundárnej target štruktúry. Vo výsledku by sme pri použití prvého prístupu mali template štruktúru, ktorá má dodatočne doplnené dlhé nekonzervované úseky vhodnými fragmentmi ostatných štruktúr.

Druhý prístup je jednoduchší a pozostáva len z uloženia správne namapovaných fragmentov sekundárnej štruktúry do separátneho pdb súboru. Vo výsledku by sme teda mali pdb súbor s primárnou template štruktúrou a pre každý dlhý nekonzervovaný úsek v tejto štruktúre by sme mali pdb súbor s fragmentom so sekundárnej štruktúry vyplňajúcej tento nekonzervovaný úsek. Fragmenty sekundárnych štruktúr obsahujú informáciu iba o relatívnej polohe nukleotidov v jednom fragmente a poloha štruktúr v rôznych nekonzervovaných úsekoch je nezávislá.

Posledná zmena, platná pri oboch dvoch prístupoch je, že vzhľadom nato, že sme našli sekundárne template štruktúry pre nekonzervované úseky nebudeme používať metódu *ProcessLongUnconservedParts* z pôvodného algoritmu, ktorá vyčleňovala predikciu dlhých nekonzervovaných úsekov do samostatnej predikcie algoritmom FARFAR.

6.4 Integrácia do existujúceho algoritmu

Integrácia do algoritmu si vyžiadala niekoľko úprav v pôvodnom algoritme a implementácií.

Kostra algoritmu, používajúceho viacero template štruktúr:

1. Vybrať primárnu target štruktúru.
2. Zarovnať target a template sekvencie pomocou algoritmu globálneho zarovnania.
3. Identifikovať dlhé nekonzervované úseky v zarovnaní.
4. Pre každý nekonzervovaný úsek nájsť vhodnú sekundárnu target štruktúru pomocou semiglobálneho zarovnania.

5. Integrovať príslušné fragmenty zo sekundárnych template štruktúr do konzervovaných úsekoch z template štruktúry (pomocou superpozície), alebo fragmenty uložiť do separátnych súborov.
6. V prípade vyplnenia nekonzervovaného úseku sekundárnou template štruktúrou nemusíme vyčleňovať extra predikcie pre dlhé nekonzervované úseky.
7. Upravíme vstupy pre FARFAR
8. Pokračujeme predikciou algoritmom FARFAR.

Prvé tri kroky sa v ničom nelíšia od pôvodného algoritmu. Najprv musíme získať hlavnú template štruktúru, pričom nezáleží na tom, či ju už dostaneme na vstupe, alebo ju budeme algoritmicky hľadať nejakú vhodnú v našej stiahnutej databáze štruktúr. Následne zarovnáme target a template sekvencie, aplikujeme algoritmus posuvného okienka, ošetríme medzery v zarovnaní a dostaneme tak nekonzervované úseky, ktoré musíme predikovať. Z nich vyberieme tie dlhé a pokúsime sa pre ne nájsť sekundárne template štruktúry. Ktoré použijeme podľa popisu algoritmu uvedeného v predchádzajúcej sekcii.

V nasledujúcich krokoch nepoužijeme časť, algoritmu ktorý vyberal a separátne pripravoval predikciu dlhých nekonzervovaných úsekov, pretože tieto by mali byť doplnené zo sekundárnych template štruktúr a preto by táto časť stratil význam. Okrem toho musíme upraviť vstupné súbory a volania algoritmu FARFAR o novo pridané nukleotidy a súbory. Následne v prípade, že používame druhú variantu algoritmu s viacerými template súbormi, musíme upraviť automatizačné shell scripty, aby tieto súbory nakopírovali na správne miesto spolu s ostatnými vstupnými súbormi.

6.5 Časová zložitosť

V tejto sekcii popíšeme, ako sa líši časová zložitosť od pôvodného algoritmu Trooper. Jediná zásadná funkcionálna, ktorá pribudla, je implementovaná v metóde *MultipleTemplatesModule*. Z pohľadu asymptotickej zložitosti je zaujímavá hlavne metóda *FindTemplateForGap* slúžiaca na vyhľadanie sekundárnych template štruktúr. Metóda zarovnáva nekonzervovaný úsek na každú sekvenciu v databáze. Z toho vychádza časová zložitosť $O(ngl^2)$, pričom n je počet štruktúr v databáze, g je počet nekonzervovaných úsekov (ich počet však bude funkčne závislý od dĺžky target štruktúry - čím dlhšia, tým viac nekonzervovaných úsekov) a l je dĺžka štruktúry v databázi. Vo výsledku sa nám teda asymptotická časová zložitosť zhoršila z $O(l^2)$ na $O(ngl^2)$.

Reálna dĺžka behu algoritmu výrazne narástla. Merali sme na počítači s procesorom Intel Core i5-6200Li 2,8GHz a jeden beh metódy *FindTemplateForGap* trval približne 30 sekúnd. Celková dĺžka behu je potom závislá na počte dlhých nekonzervovaných úsekov, ktoré obsahuje.

Zvýšená časová náročnosť by sa možno dala riešiť použitím algoritmov FASTA alebo BLAST, ktoré používajú heuristické metódy na vyhľadanie najpodobnejších sekvencií. Vzhľadom na to, že predikcia predikcia algoritmom FARFAR trvá oveľa dlhšie, rozhodli sme sa tento problém neriešiť.

6.6 Experiment a výsledky

Pre experiment sme volili rovnaké podmienky a vstupné parametre, ako pre predchádzajúce dva experimenty. Predikovali sme tiež s použitím sekundárnej štruktúry, pretože predikcia so sekundárnou štruktúrou, ako aj predikcia s viacerými template štruktúrami sú navzájom kompatibilné. Experimenty sme vykonávali na oboch variantách metódy *IntegrateNewTemplateStr*.

Prvý spôsob predikcie vyplňaním nekonzervovaných úsekov v primárnej template štruktúre sa nám nepodarilo dokončiť, pretože sme naše zásahy do štruktúry nedokázali zladit' s algoritmom FARFAR. Vzhľadom na to, že pre nás funguje ako čierna skrinka, a neexistuje podrobná dokumentácia, ktorá by vysvetľovala príčiny chýb, ktoré môžu nastať sme s týmto prístupom narazili na problém, kedy FARFAR hneď na začiatku spadne na chybu "FoldTree in pose does not have the right number of jumps to match chunk_res". Podarilo sa nám len zistiť, že chyba nastáva pri prevode dodaného template pdb súboru do internej reprezentácie FARFAR-u, čo môže byť spôsobené pravdepodobne len superpozicioním sekundárnej template štruktúry.

Preto sme implementovali druhý, jednoduchší spôsob, v ktorom vynechávame superpozicionie sekundárnej template štruktúry a dodávame ju v separátnych pdb súboroch. Tento prístup je horší v tom, že superpozicionie dodaných sekundárnych template štruktúr musí vykonať FARFAR bez informácie o okolitých nukleotidov sekundárnej template štruktúry a preto nie je prehľadávaný priestor zmenšený tak, ako by tomu bolo v prvej variante algoritmu.

Závěr

Seznam použité literatury

- ALBERTS B, JOHNSON A, L. J. A. K. (2002). *Molecular Biology of the Cell*. 4th edition. Garland Science, New York. ISBN 0-8153-3218-1.
- BERMAN, H. M., W. J. F. Z. G. G. B. N. W. H. A. S. I. N. (2000). The protein data bank. *Nucleic Acids Research*, pages 235242, number = 28.
- BIESIADA, M., PURZYCKA, K. J., SZACHNIUK, M., BLAZEWCZ, J. a ADAMIĄK, R. W. (2016). *Automated RNA 3D Structure Prediction with RNA-Composer*, pages 199–215. Springer New York, New York, NY. ISBN 978-1-4939-6433-8. doi: 10.1007/978-1-4939-6433-8_13. URL https://doi.org/10.1007/978-1-4939-6433-8_13.
- BONIECKI, M. J., LACH, G., DAWSON, W. K., TOMALA, K., LUKASZ, P., SOLTYSINSKI, T., ROTHER, K. M. a BUJNICKI, J. M. (2015). SimRNA: a coarse-grained method for RNA folding simulations and 3D structure prediction. *Nucleic Acids Research*, **44**(7), e63–e63. ISSN 0305-1048. doi: 10.1093/nar/gkv1479. URL <https://doi.org/10.1093/nar/gkv1479>.
- BRUDNO, M; MALDE, S. P. A. (2003). Glocal alignment: finding rearrangements during alignment. *Bioinformatics*, (19), 54–62.
- CRICK, F. (1970). Central dogma of molecular biology. *Nature*, **227**(2), 561–563.
- DAS R., KARANICOLAS J., B. D. (2010). Atomic accuracy in predicting and designing noncanonical rna structure. *Nature methods*, (7), 291–294.
- EDDY, S. (2004). Genome regulation by long noncoding rnas. *Nature Biotechnology*, (22).
- FELDEN, B. (2007). Current opinion in microbiology. *Current opinion in microbiology*, (10), 286–291.
- FLORES, S., SHERMAN, M., M BRUNS, C., EASTMAN, P. a ALTMAN, R. (2011). Fast flexible modeling of rna structure using internal coordinates. *IEEE/ACM transactions on computational biology and bioinformatics / IEEE, ACM*, **8**, 1247–57. doi: 10.1109/TCBB.2010.104.
- FRELLSEN, J., MOLTKE, I., THIM, M., MARDIA, K. V., FERKINGHOFF-BORG, J. a HAMELRYCK, T. (2009). A probabilistic model of rna conformational space. *PLOS Computational Biology*, **5**(6), 1–11. doi: 10.1371/journal.pcbi.1000406. URL <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1000406>.
- GALVANEK, R. a HOKSZA, D. (2017). Template-based prediction of rna tertiary structure using its predicted secondary structure. In *2017 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM)*, pages 2238–2240. doi: 10.1109/BIBM.2017.8218009.
- GALVANEK, R., HOKSZA, D. a PÁNEK, J. (2016). Template-based prediction of rna tertiary structure. In *2016 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM)*, pages 1897–1900. doi: 10.1109/BIBM.2016.7822808.

- GALVÁNEK, R. (2016). Predikce terciární struktury rna na základě předlohy.
- GIBBS, ADRIAN J.; MCINTYRE, G. A. (1970). The diagram, a method for comparing sequences. its use with amino acid and nucleotide sequences. *Biochem*, (16), 1–11.
- GRUBER AR, LORENZ R, B. S. N. R. H. I. (2008). The vienna rna websuite. *Nucleic Acids Research*, (36).
- JENNY GU, P. E. B. (2009). *Structural Bioinformatics*. 2th edition. Wiley-Blackwell, New Jersey. ISBN 978-0-470-18105-8.
- KRUPOVIC, M., BLOMBERG, J., COFFIN, J. M., DASGUPTA, I., FAN, H., GEERING, A. D., GIFFORD, R., HARRACH, B., HULL, R., JOHNSON, W., KREUZE, J. F., LINDEMANN, D., LLORENS, C., LOCKHART, B., MAYER, J., MULLER, E., OLSZEWSKI, N. E., PAPPU, H. R., POOGGIN, M. M., RICHERT-PÖGGELER, K. R., SABANADZOVIC, S., SANFAÇON, H., SCHOLZ, J. E., SEAL, S., STAVOLONE, L., STOYE, J. P., TEYCHENEY, P.-Y., TRISTEM, M., KOONIN, E. V. a KUHN, J. H. (2018). Ortervirales: New virus order unifying five families of reverse-transcribing viruses. *Journal of Virology*, **92**(12). ISSN 0022-538X. doi: 10.1128/JVI.00515-18. URL <https://jvi.asm.org/content/92/12/e00515-18>.
- LU, X. a OLSON, W. K. (2003). 3DNA: a software package for the analysis, rebuilding and visualization of three-dimensional nucleic acid structures. *Nucleic Acids Research*, **31**(17), 5108–5121. ISSN 0305-1048. doi: 10.1093/nar/gkg680. URL <https://doi.org/10.1093/nar/gkg680>.
- MOORE, P. B. (1999). *The RNA World*. 2th edition. Cold Spring Harbor Laboratory, New Haven. ISBN ISBN 0-87969-561-7.
- NEEDLEMAN S. B., W. C. D. (1970). A general method applicable to the search for similarities in the amino acid sequence of two proteins. *Journal of Molecular Biology*, (48), 443–453.
- NOLLER, H. (1984). Structure of ribosomal rna. *Annual Review of Biochemistry*, (53), 119–162.
- QIAN, B., RAMAN, S., DAS, R., BRADLEY, P., MCCOY, A. J., READ, R. J. a BAKER, D. (2007). High-resolution structure prediction and the crystallographic phase problem. *Nature*, **450**(7167), 259. doi: 10.1038/nature06249. URL <https://app.dimensions.ai/details/publication/pub.1001896118andhttp://europepmc.org/articles/pmc2504711?pdf=render>. Exported from <https://app.dimensions.ai> on 2019/05/26.
- RAMLAN, E. a ZAUNER, K.-P. (2008). An extended dot-bracket-notation for functional nucleic acids.
- RICE P., L. I. a A., B. (2000). Emboss: The european molecular biology open software suite. trends in genetics. *Trends in Genetics*, (16), 276–277.
- RINN, J. A CHANG, H. (2012). How do rna folding algorithms work? *Annual Review of Biochemistry*, (81), 145–166.

- ROTHER, M., ROTHER, K., PUTON, T. a BUJNICKI, J. M. (2011). RNA tertiary structure prediction with ModeRNA. *Briefings in Bioinformatics*, **12** (6), 601–613. ISSN 1477-4054. doi: 10.1093/bib/bbr050. URL <https://doi.org/10.1093/bib/bbr050>.
- ROTHER K, ROTHER M, B. M. P. T. B. J. (2011). Rna and protein 3d structure modeling: similarities and differences. *Journal of Molecular Modeling*, (10), 2325–2336.
- RYU, W.-S. (2017). Chapter 2 - virus structure. In RYU, W.-S., editor, *Molecular Virology of Human Pathogenic Viruses*, pages 21 – 29. Academic Press, Boston. ISBN 978-0-12-800838-6. doi: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-800838-6.00002-3>. URL <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/B9780128008386000023>.
- SCHUDOMA C., MAY P., N. V. W. D. (2010). Sequence-structure relationships in rna loops: establishing the basis for loop homology modeling. *Nucleic Acids Research*, (38), 970–980.
- SHARMA, S., DING, F. a DOKHOLYAN, N. V. (2008). iFoldRNA: three-dimensional RNA structure prediction and folding. *Bioinformatics*, **24**(17), 1951–1952. ISSN 1367-4803. doi: 10.1093/bioinformatics/btn328. URL <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btn328>.
- SMITH T. F., W. M. S. (1981). Identification of common molecular subsequences. *Journal of Molecular Biology*, (147), 195–197.
- YUNJIE ZHAO, YANGYU HUANG, Z. G. Y. W. J. M. . Y. X. (2012). Automated and fast building of three-dimensional rna structures. *Scientific Reports*.

Seznam obrázků

1.1	Na obrázku vidíme zhora-dole tri reprezentácie molekuly 1FWO_B: primárna sekvenciu, sekundárna štruktúra a terciárna štruktúra. .	7
1.2	Príklad nakreslenia sekundárnej štruktúre RNA. Eddy (2004) . . .	8
1.3	Príklad terciárnej štruktúry RNA nachádzajúcej sa v baktérii Escherichia coli.	8
1.4	Princíp rentgenovej kryštalografie. Ryu (2017)	9
2.1	Vzťah dĺžky štruktúr a percentuálneho pomeru identických residuí v sekvenciách určujúce predpoklad, že štruktúry takýchto sekvencií sú podobné. Jenny Gu (2009)	12
2.2	Reprezentácia RNA fragmentu pomocou siedmych uhlov. Frellsen a kol. (2009)	13
2.3	Needleman–Wunsch algorithm (2014) Wikipedia dostupné na https://en.wikipedia.org/wiki/Needleman\T1\textendashWunsch_algorithm 27.05.2019. Príklad jedného z troch najlepších zarovnaní dvoch sekvencií: GCATG-CU G-ATTACA	14
2.4	Porovnanie princípu de novo a template based predikcie Rother K (2011)	16
3.1	Problémy, ktoré môžu nastať v štruktúre pri vložení medzier do target alebo template časti zarovnania. Prvý riadok zobrazuje komplikácie pri pokuse vložiť nukleotidy (znázornené červenou farbou) do celistvej štruktúry (teda v zarovnaní boli pridané medzery do target sekvencie). Druhý riadok ukazuje opačný problém, a to vynechanie dvoch nukleotidov a roztrhnutie štruktúry (zodpovedá to vložení medzier do target sekvencie). Tretí riadok odpovedá rovnakej situácii ako druhý, ale odstránenie nukleotidov zo štruktúry nespôsobuje problém, pretože odstránené nukleotidy tvorili loop, ktorý môžeme bez problémov odobrať.	21
3.2	Schématické nakreslenie sféry so stredom v bode S, ktorý je stredom úsečky spájajúcej dva krajné konzervované nukleotidy medzery v štruktúre. Všetky nukleotidy, ktoré padnú do bledomodrej gule, budú použité pri predikcii daného úseku.	22
3.3	Na obrázku vidíme zhora nadol príklady súborov fasta, secstr a pdb pre molekulu 4mgn.	23
3.4	Na obrázku vidíme zarovnanie experimentálne získanej (3DIG) štruktúry a jej predikcie, napredikovanou našim algoritmom vytvoreným v bakalárskej práci. V pravej hornej časti obrázka vidíme, že algoritmu FARFAR sa nepodarilo správne napredikovať nekonzervovaný úsek.	29
4.1	Príklad konfiguračného súboru.	32

5.1	Príklad súboru sekundárnej štruktúry získanej programom DSSR zo štruktúry terciárnej. V prvom riadku sú príslušné typy nukleotidov a v druhom riadku je samotná sekundárna štruktúra v dot-bracket reprezentácii.	37
5.2	Výsledky analýzy dĺžky behu programu RNAfold, v závislosti na dĺžke sekvencie predikovanej sekundárnej štruktúry. Obrázok bol 13.07.2019 stiahnutý z https://www.tbi.univie.ac.at/RNA/ . . .	41
5.3	Modrá štruktúra je experimentálne získaná štruktúra molekuly 3DIG:X s dĺžkou 175 nukleotidov. Červená štruktúra je predikovaná algoritmom Trooper bez použitia sekundárnej štruktúry s výslednou RMSD na úrovni 14,44Å. Zelená štruktúra je predikcia urobená algoritmom Trooper s výslednou RMSD 4,44Å. Pre obe predikcie bol použitý rovnaký template, a to štruktúra 3DOU:A. .	42
5.4	Závislosť medzi rozdielom výsledkov predikcie s a bez sekundárnej štruktúry a počtom false positive base-pairs v napredikovanej sekundárnej štruktúre. Červené body sú jednotlivé záznamy a čiarkovanou čiarou je zobrazená lineárna regresia týchto bodov. . .	43
6.1	Príklad semiglobálneho zarovnania nekonzervovaného rozšíreného úseku dlhého 13 nukleotidov na sekvenciu 1C2W_B dlhú 2904 nukleotidov. Zeleným obdĺžnikom je ohraničené zarovnanie, ktorého podobnosť nás zaujíma a oranžovým obdĺžnikom je označená hodnota globálnej podobnosti vypočítanej programom Emboss. . .	46

Seznam tabulek

2.1	Prehľad najčastejšie používaných programov určených na predikciu RNA s informáciou o type použitého algoritmu.	17
3.1	Prehľad štyroch situácií, ktoré môžu nastať na každej pozícii v zarovnaní dvoch sekvencií.	20
4.1	Výsledky predikcie pre target template páry dĺžky 50-500 nukleotidov.	33
4.2	Porovnanie nášho algoritmu s ModeRNA.	34
4.3	Porovnanie výsledkov predikcie vybraných dlhých štruktúr pomocou nášho algoritmu a pomocou ModeRNA.	34
5.1	Porovnanie priemernej RMSD predikcie RNA nástrojmi Trooper, Trooper s predikciou sekundárnej štruktúry a ModeRNA.	42