

Charles University
Faculty of Science

Study programme: Bioinformatics

Branch of study: Bioinformatics



Kateřina Břicháčková

Use of residue-level annotations for structural prediction of
protein-ligand binding sites

Využití anotací primární struktury pro strukturní predikci
protein-ligand aktivních míst

Master thesis

Supervisor: RNDr. David Hoksza, Ph.D.

Prague, 2020

Prohlášení

Prohlašuji, že jsem závěrečnou práci zpracovala samostatně a že jsem uvedla všechny použité informační zdroje a literaturu. Tato práce ani její podstatná část nebyla předložena k získání jiného nebo stejného akademického titulu.

V Praze, XXX

Kateřina Břicháčková

Poděkování
dedication

Acknowledgement
dedication

Abstract

abstract

Keywords: keyword1, keyword2

Abstrakt

abstract

Klíčová slova: keyword1, keyword2

Contents

1	Introduction	2
1.1	Section1	2
	Conclusion	3
	List of Abbreviations	4
	Bibliography	5
A	Attachments	6
A.1	attachment1	6
A.2	attachment2	6

1. Introduction

1.1 Section1

[1]

Conclusion

Conclusion.

List of Abbreviations

AA Amino acid
atd a tak dale

Bibliography

- [1] Adam Frankish, Barbara Uszczynska, Graham R. S. Ritchie, Jose M. Gonzalez, Dmitri Pervouchine, Robert Petryszak, Jonathan M. Mudge, Nuno Fonseca, Alvis Brazma, Roderic Guigo, et al. Comparison of GENCODE and RefSeq gene annotation and the impact of reference geneset on variant effect prediction. *BMC genomics*, 16(8):S2, 2015.

A. Attachments

The attached CD contains two attachments:

A.1 attachment1

blabla

A.2 attachment2

blabla