



**MATEMATICKO-FYZIKÁLNÍ
FAKULTA**
Univerzita Karlova

BAKALÁŘSKÁ PRÁCE

Michal Hercík

Webový plugin pro vizualizaci sady sekundárních struktur RNA

Katedra softwarového inženýrství

Vedoucí bakalářské práce: doc. RNDr. David Hoksza, Ph.D.

Studijní program: Informatika

Studijní obor: Programování a vývoj software

Praha 2023

Prohlašuji, že jsem tuto bakalářskou práci vypracoval(a) samostatně a výhradně s použitím citovaných pramenů, literatury a dalších odborných zdrojů. Tato práce nebyla využita k získání jiného nebo stejného titulu.

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 dne

Podpis autora

TODO: podekovani

Název práce: Webový plugin pro vizualizaci sady sekundárních struktur RNA

Autor: Michal Hercík

Katedra: Katedra softwarového inženýrství

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

Abstrakt: TODO

Klíčová slova: bioinformatika RNA sekundární struktura web plugin

Title: Web plugin for multiple RNA secondary structure visualization

Author: Michal Hercík

Department: Department of Software Engineering

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

Abstract: TODO

Keywords: bioinformatics RNA secondary structure web plugin

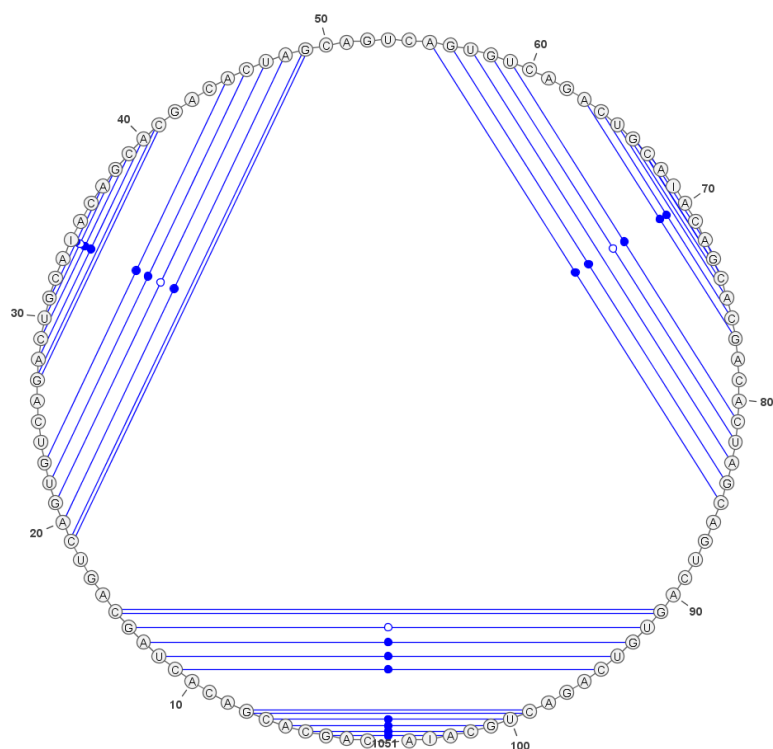
Obsah

Úvod	3
1 Úvod do problematiky	4
1.1 Seznámení s biologickými pojmy	4
1.1.1 RNA	4
1.2 Vizualizace sekundárních RNA struktur	4
1.3 Podobné projekty	6
1.3.1 VARNA	6
1.3.2 RNAStructViz	7
1.3.3 Forna	8
1.3.4 R-chie	9
1.3.5 Shrnutí existujících nástrojů	9
1.4 Kreslení grafů na základě šablony	10
1.4.1 TRAVeLer	10
1.4.2 R2DT	10
2 Metody vizualizace a porovnání	11
2.1 Překládání struktur	11
2.2 Transformace na vzor	14
2.3 Mapovací čáry	14
2.4 Demonstrace metod	16
3 Dokumentace	17
3.1 Vstupní data	17
3.2 Objektový návrh	19
3.2.1 Obecný pohled na třídy	19
3.3 Uživatelská dokumentace	22
3.3.1 Instalace	22
3.3.2 Rozhraní: IAnimation	22
3.3.3 Příklady	22
3.4 Vývojová dokumentace	22
3.4.1 Volba technologií	22
3.4.2 Verzování	23
3.4.3 Rozbor implementace	23
Závěr	24
Seznam použité literatury	25
Seznam obrázků	26
Seznam tabulek	27
Seznam použitých zkratk	28

A Přílohy	29
A.1 První příloha	29

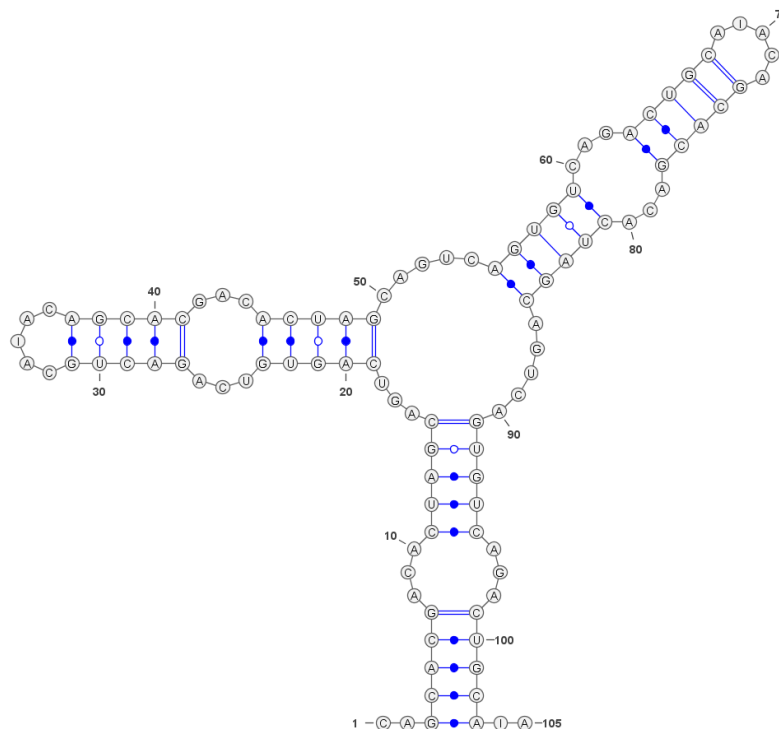
Úvod

TODO: uvod



Obrázek 1.2: Ukázka circular diagramu

Obě tyto reprezentace postrádají schopnost zachytit motivy sekundární struktury, a proto se radiate diagram používá tam, kde je potřeba detailní vizuální analýza motivů sekundární RNA struktury a její interakce. V radiate diagramu jsou pozice nukleotidů voleny tak, aby bylo možné rozeznat motivy sekundární struktury, jako jsou hairpins, bulges nebo vícevětvené smyčky.



Obrázek 1.3: Ukázka radiate diagramu

1.3 Podobné projekty

chybi motivacni uvod, který by řekl, co chceme delat, aby bylo možné pochopit podobně k čemu

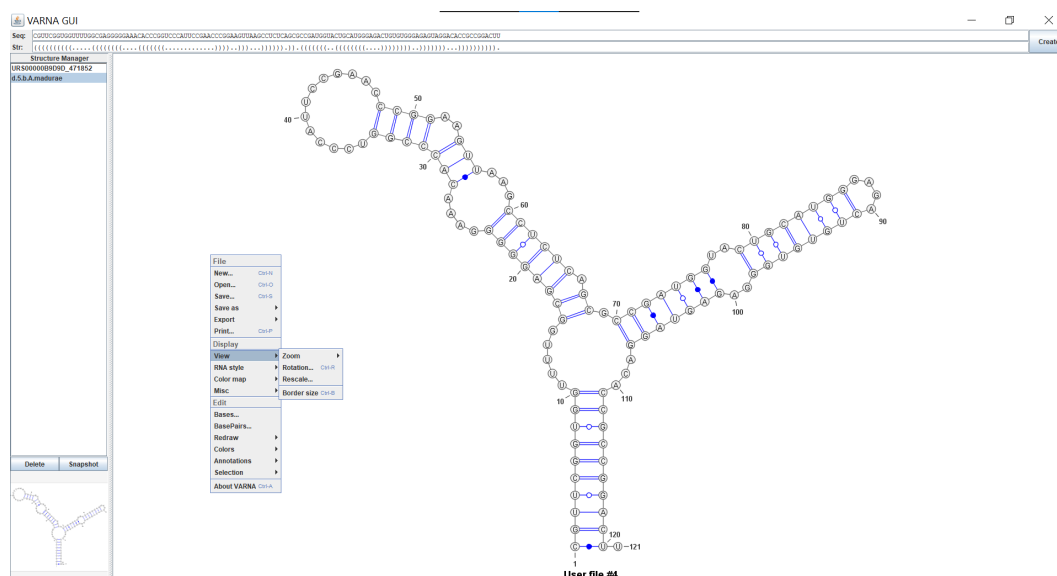
Rádi bychom čtenáře seznámili s některými nástroji, které jsou používány pro vizualizaci sekundárních RNA struktur. Většina z nich jsou programy s uživatelským rozhraním a mohlo by se proto zdát zbytečné je zmiňovat nebo porovnávat s naší knihovnou. Nicméně u níže zmíněných programů není důležité řešení samotného uživatelského rozhraní, jako především druh zvolených metod pro vizualizaci a následné porovnávání.

Z velkého množství existujících nástrojů, byla snaha vybrat takové, které mají rozdílné přístupy a nabízí nejširší paletu funkcí.

1.3.1 VARNA

VARNA (Visualization Applet for RNA) je nástroj pro automatické kreslení, vizualizaci a anotaci sekundárních RNA struktur, navržený jako doprovodný software pro webové servery a databáze.

VARNA implementuje algoritmy pro vykreslení všech tří výše zmíněných diagramů, podporuje různé textové formáty pro vstup i výstup a je schopný exportovat kresbu do rastrových nebo vektorových formátů. Umožňuje ruční úpravy a strukturální anotace výsledku kresby a je považován za standard pro práci se sekundárními strukturami RNA.

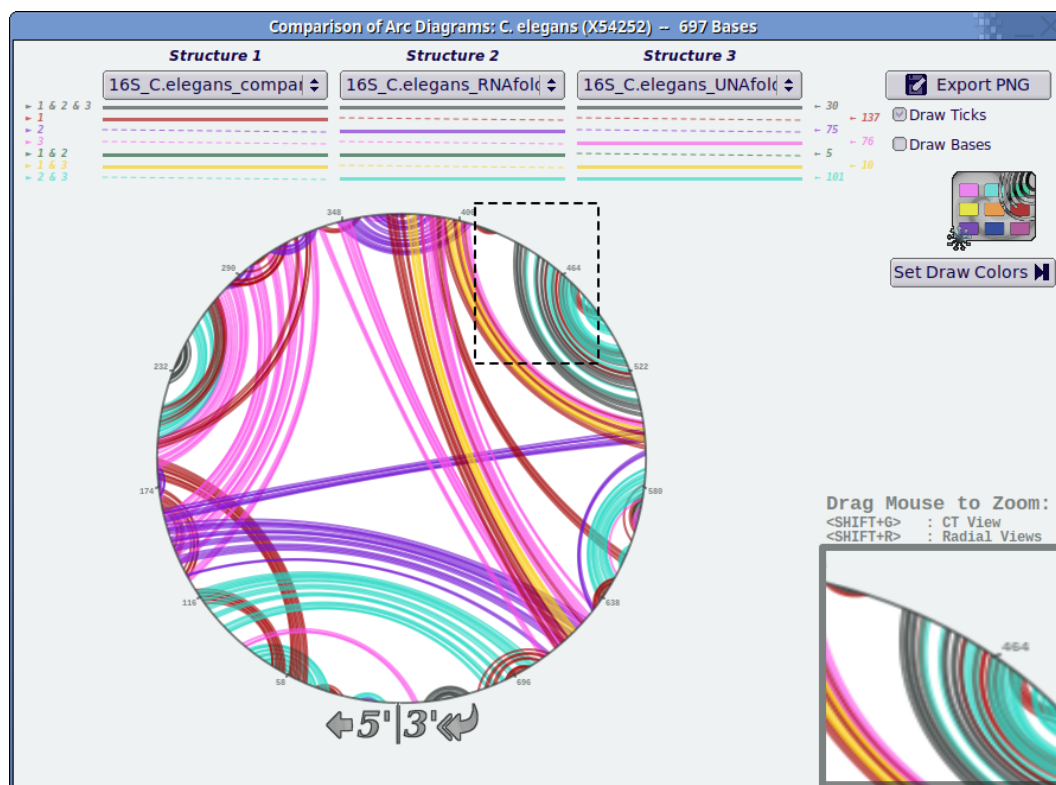


Obrázek 1.4: Snímek nástroje Varna. Zobrazená struktura je d.5.b.A.madurae.

1.3.2 RNAStructViz

RNAStructViz[1] je grafický nástroj pro analýzu sekundárních RNA struktur. Jeho předností je vizuální porovnání tří konfigurací v circular arc diagramu. Doplněné zabudovaným prohlížečem CT-style¹ souboru a prohlížečem radial diagramu podstruktury, která je přímo propojená s arc diagram oknem skrze nástroj pro výběr zoom. Mezi další funkce patří vypočítání číselných informací a možnost exportu obrázků a dat pro pozdější použití.

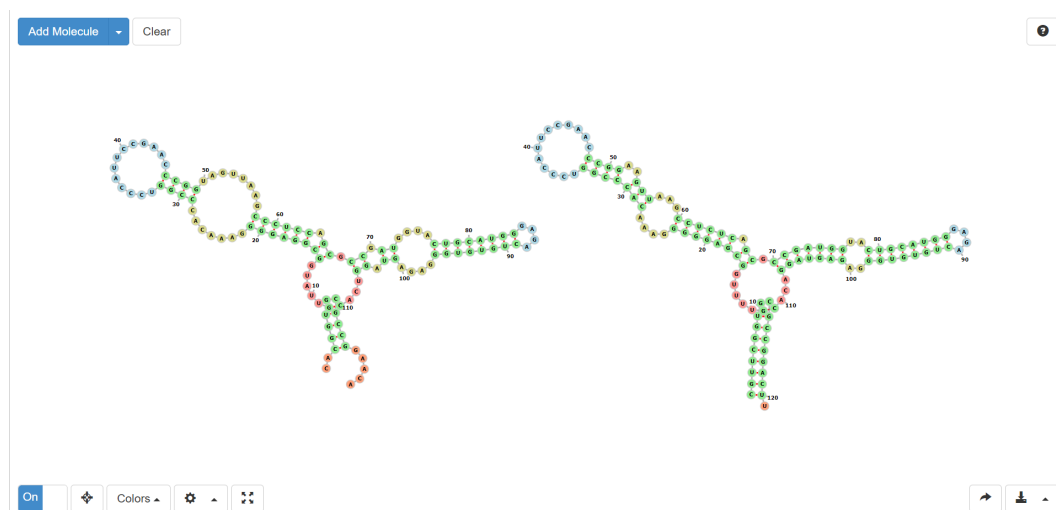
¹CT formát souboru slouží k ukládání informace o sekvenci a bázeových pářích.



Obrázek 1.5: Snímek nástroje rnaStructViz, zobrazující tři struktury RNA.

1.3.3 Forna

Forna[4] (force-directed rna) nabízí webové rozhraní a server, který umožňuje uživateli vložit sekundární RNA strukturu ve formátu dot-bracket a zobrazí ji jako force-directed graf². Uživatel může následně upravit pozice přetažením myši a lze i upravovat přímo strukturu.



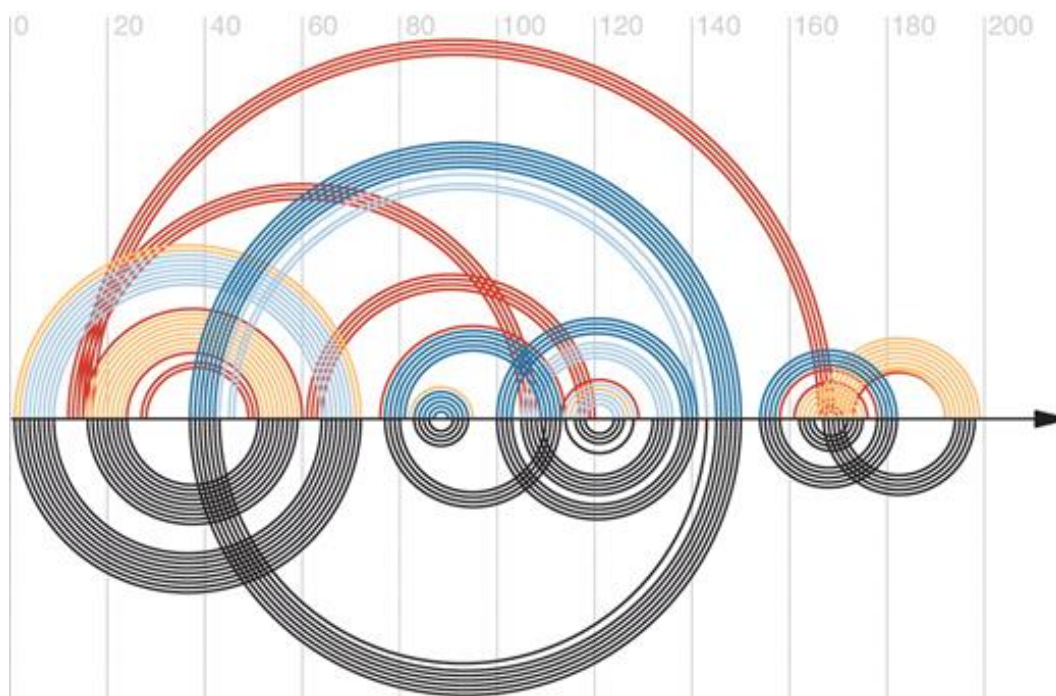
Obrázek 1.6: Snímek nástroje Forna. Nalevo odvozená sekundární RNA struktura URS00000B9D9D_471852 od struktury d.5.b.A.madurae napravo.

²<https://cs.brown.edu/people/rtamassi/gdhandbook/chapters/force-directed.pdf>

1.3.4 R-chie

R-chie [5] je web server, který umí vygenerovat šest různých typů arc diagramu. Vývoj tohoto nástroje byl se zaměřením především na složitější struktury, které nelze hezky nakreslit v radial diagramu. R-chie umí vygenerovat diagram pro porovnávání dvou sekundárních RNA struktur. Důležitým cílem byla možnost generovat diagramy pro velké množství dat, proto také nenabízí grafické rozhraní a s ním spojenou interakci se strukturami.

Projekt také nabízí balíček napsaný v jazyce R³ zvaný R4RNA, který umožňuje spuštění programu lokálně a napříč operačním systémem.



Obrázek 1.7: Výsledný arc diagram nástroje R-chie, zobrazující dvě struktury. První struktura je nad horizontální čarou a druhá pod ní.

1.3.5 Shrnutí existujících nástrojů

Nástroje představené v této kapitole se soustředí především na práci s circular diagramem nebo arc diagramem, a právě pouze pro tyto diagramy nabízí nějaké metody pro porovnávání omezeného množství sekundárních struktur RNA. Forna podporuje pouze radial diagram, ale porovnávání dvou struktur, které sice jdou zobrazit vedle sebe, už nijak neusnadňuje.

Varna Podporuje všechny tři zmíněné diagramy, ale nelze ani zobrazit dvě sekundární rna struktury vedle sebe. Velkou výhodou nástroje VARNA by byla možnost použití na webu, ale k tomu používá Java Applets⁴, které jsou od roku 2017 považované za zastaralé⁵.

Ze zmíněných projektů je nejpodobnější tomu našemu R-chie, který se snaží usnadnit porovnávání sekundárních RNA struktur a nabízí i knihovnu napsanou

³<https://www.r-project.org/>

⁴<https://docs.oracle.com/javase/tutorial/deployment/applet/index.html>

⁵<https://www.oracle.com/java/technologies/javase/9-deprecated-features.html>

v jazyce R. Liší se pak v samotném přístupu, protože jejich rozhraní generuje pouze statické circular nebo arc diagramy.

1.4 Kreslení grafů na základě šablony

Níže jsou zmíněné dva projekty, které úzce souvisí s naší knihovnou, protože produkují data ve formátu, se kterým pracuje naše knihovna a metody použité ke generování takových dat jsou klíčové pro naši knihovnu.

1.4.1 TRAVeLer

Traveler[3] je nástroj pro vizualizaci cílové sekundární struktury, využívající existující rozložení dostatečně podobné RNA struktury jako vzor. Traveler je založený na algoritmu, který konvertuje cílovou a vzorovou strukturu do odpovídající stromové reprezentace a využije stromovou editační vzdálenost společně s modifikací rozložení k přetvoření vzorové struktury do cílové. Traveler přijme na vstupu sekundární strukturu a vzor rozložení a na výstupu dá rozložení cílové struktury. Je to tedy command-line open source nástroj schopný rychle generovat rozložení i pro největší RNA struktury za poskytnutí dostatečně podobného rozložení.

Do vzniku Traveleru neexistoval žádný nástroj, který by dokázal velké struktury vizualizovat ve standardní notaci, se kterou jsou biologové naučení pracovat a porovnávat struktury napříč druhům.

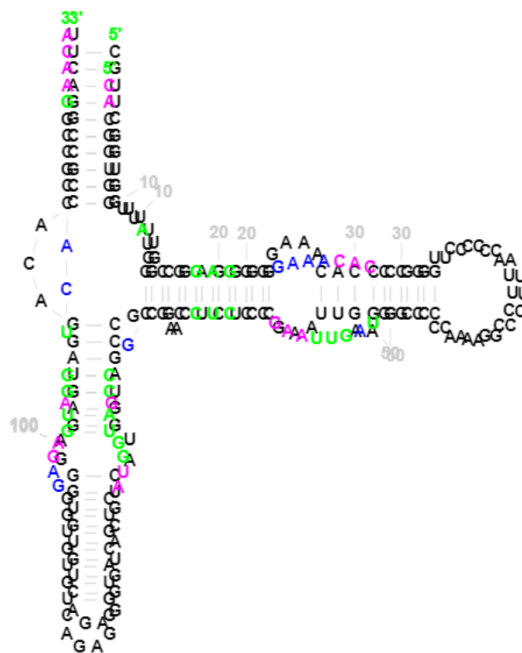
1.4.2 R2DT

R2DT[6] je metoda pro predikci a vizualizaci široké škály sekundárních RNA struktur ve radial diagramu. R2DT je postaveno na knihovně se 3 647 vzory reprezentujícími většinu známých RNA struktur. R2DT se používá na ncRNA⁶ (non-coding RNA) sekvencích z RNACentral⁷ databáze a vytvořila více než 27 miliónů diagramů⁸, čímž tvoří největší světovou sadu dat s 2D RNA strukturami. Pro vizualizaci neboli 2D rozložení používá R2DT právě výše zmíněný nástroj Traveler.

⁶RNA, která se nepřekládá do proteinů

⁷<https://rnacentral.org/>

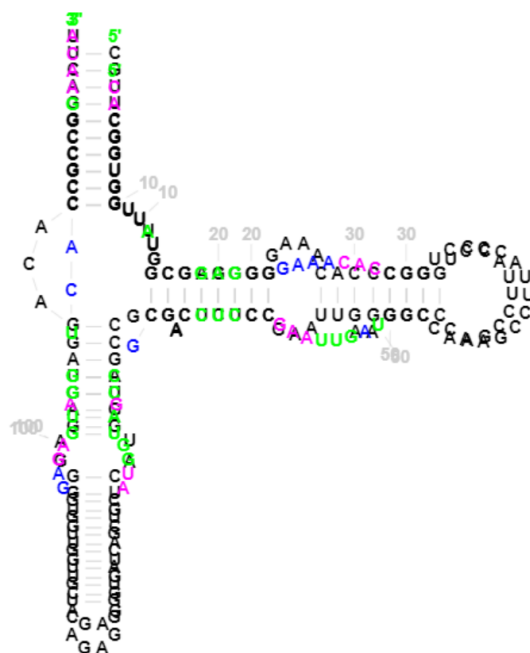
⁸Číslo je aktuální k datu 11.4. 2023



Obrázek 2.2: Struktury přeložené přes sebe.

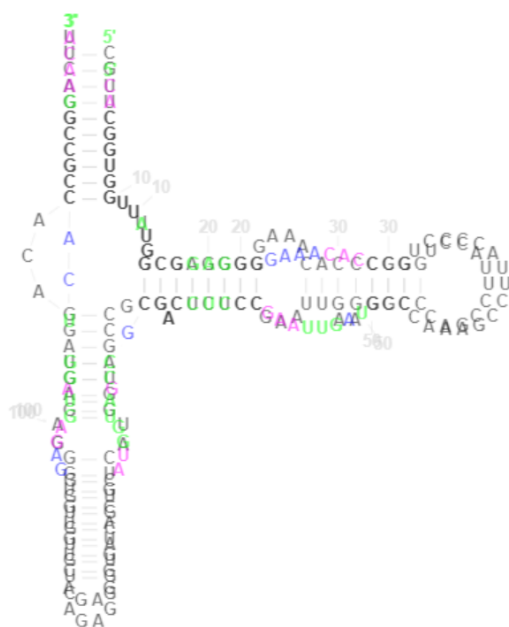
Je potřeba najít způsob, jak řešit problém přesunu a zarovnání struktury, protože manuální manipulace pomocí přetažení myši nebo zadávání pozice může být zbytečně obtížná, zejména pokud se snažíme dosáhnout přesného zarovnání. Proto je velmi užitečné umožnit zarovnání sekundární RNA struktury na konkrétní nukleotid nebo skupinu nukleotidů ze vzorové struktury.

Pokud je vybrán vzorový nukleotid v pro určitý nukleotid n z ostatních struktur, je celá struktura přesunuta tak, aby se nukleotidy v a n překrývaly. Pokud se snažíme najít větší skupinu nukleotidů, na které chceme strukturu zarovnat, koukáme se na posunutí pro konkrétní nukleotidy a následně vybereme takové posunutí které zarovná nejvíc nukleotidů.



Obrázek 2.3: Struktury přeložené přes sebe a zarovnané.

Pouhým přeložením struktur nelze snadno rozeznat, které nukleotidy jsou společné a překrývají se a které nejsou. Přidáním průhlednosti je možné tuto situaci rozlišit, protože překrývající se nukleotidy budou mít sytější barvu než ty, které se nepřekrývají.



Obrázek 2.4: Struktury přeložené přes sebe, zarovnané a s průhledností.

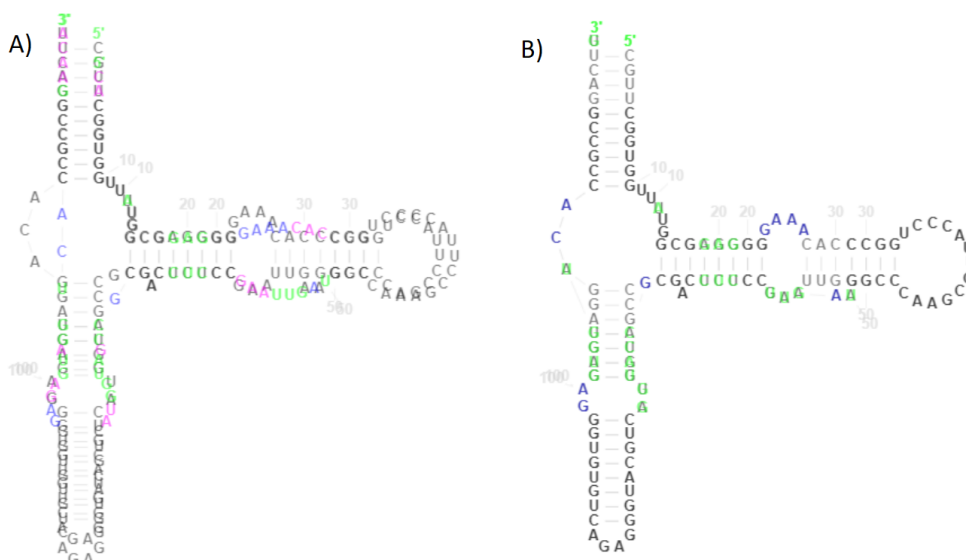
Zarovnávání struktur bohužel neřeší všechny výzvy. Výsledné obrázky se mohou zdát rozmazané. To je způsobeno tím, že ačkoli má nukleotid vzorový nukleotid, který je stejný, jeho pozice se může v rozložení mírně lišit v důsledku metody

generování dat. Tento fakt může způsobit, že popisky nukleotidů vypadají rozmazaně.

Jako přímočaré řešení se může zdát posunout jednotlivé nukleotidy, které jsou blízko sebe, aby dokonale překrývaly jejich vzory. Věříme, že by to vyřešilo zmíněný problém. Nicméně naše knihovna tuto funkci přímo neimplementuje.

2.2 Transformace na vzor

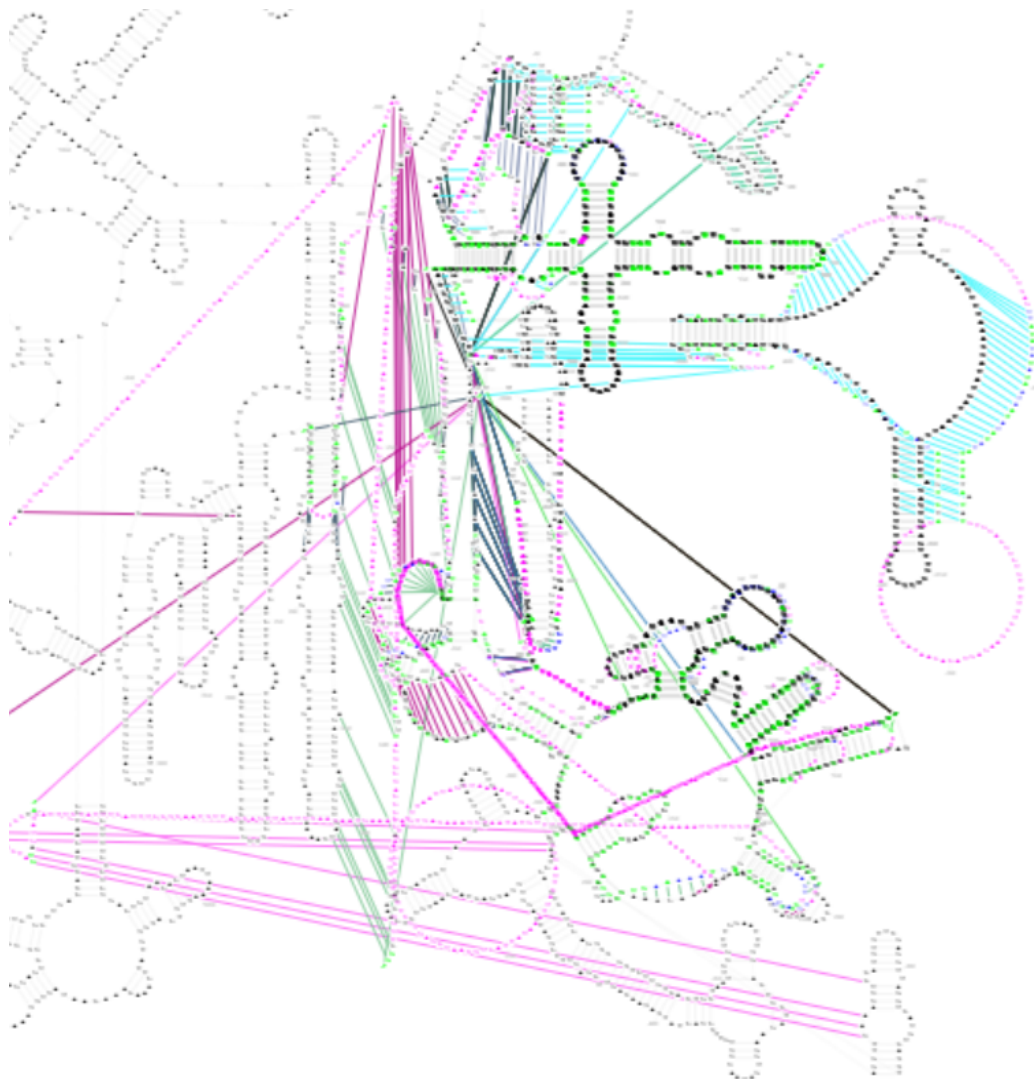
Užitečnou metodou je transformace mezi vzorovou a cílovou strukturou. Každý nukleotid, který má svůj vzorový nukleotid, se přemístí na pozici vzorového nukleotidu a nukleotidy, které ve vzoru nejsou, jsou skryté. Tato metoda je velmi užitečná pro práci s dvěma strukturami, které jsou si podobné, nebo pro získání počátečního přehledu o tom, co je na co namapováno. Slabou stránkou této metody je její použití při práci s více než dvěma strukturami nebo strukturami, které jsou velmi odlišné. V takových situacích se na obrazovce děje mnoho věcí a je obtížné se soustředit a vypořádat něco užitečného.



Obrázek 2.5: Vzorová a odvozená struktura přeložené přes sebe před transformací (A) a po transformaci (B).

2.3 Mapovací čáry

Vědomost o tom, který nukleotid se na co mapuje, může být významná pro odhalení rozdílů a podobností mezi strukturami. V našem úsilí zprostředkovat tuto informaci již před transformací na vzorovou strukturu jsme přišli s dalším způsobem - s čarami, které spojují každý nukleotid s jeho vzorovým nukleotidem.



Obrázek 2.7: Výřez z mnoha struktur přeložených přes sebe s mapovacími čarami. Každá struktura má vlastní barvu mapovacích čar.

2.4 Demonstrace metod

V rámci naší knihovny jsme vytvořili také webovou aplikaci¹, která demonstruje možnosti naší knihovny. Tato aplikace umožňuje uživatelům pracovat s jednotlivými metodami pro usnadnění porovnání zmíněnými v této kapitole nebo souběžně se všemi.

¹<https://michalhercik.github.io/rna-visualizer/>

3. Dokumentace

3.1 Vstupní data

Jak jsme již zmiňovali, naše knihovna využívá výstupní data nástroje Traveler jako vstupní data. Jedná se o data ve formátu JSON, obsahující všechny potřebné informace o rozložení nukleotidů, jejich párování, velikostech popisků, barvách a tloušťkách čar. Kromě informací o rozložení obsahuje také informace o potřebných editacích vzorové sekundární struktury.

V rámci R2DT projektu vzniká i JSON schéma¹, které by mělo popisovat strukturu vstupních dat. Schéma je stále ve vývoji, proto aktuální výstupy R2DT nebo Traveleru neodpovídají schématu a je dost možné, že se jejich výstupy budou v budoucnu měnit a naše knihovna se jim bude přizpůsobovat, **TODO: přepsat** protože RNACentral, využívající R2DT, je největší databázi s 2D RNA strukturama.

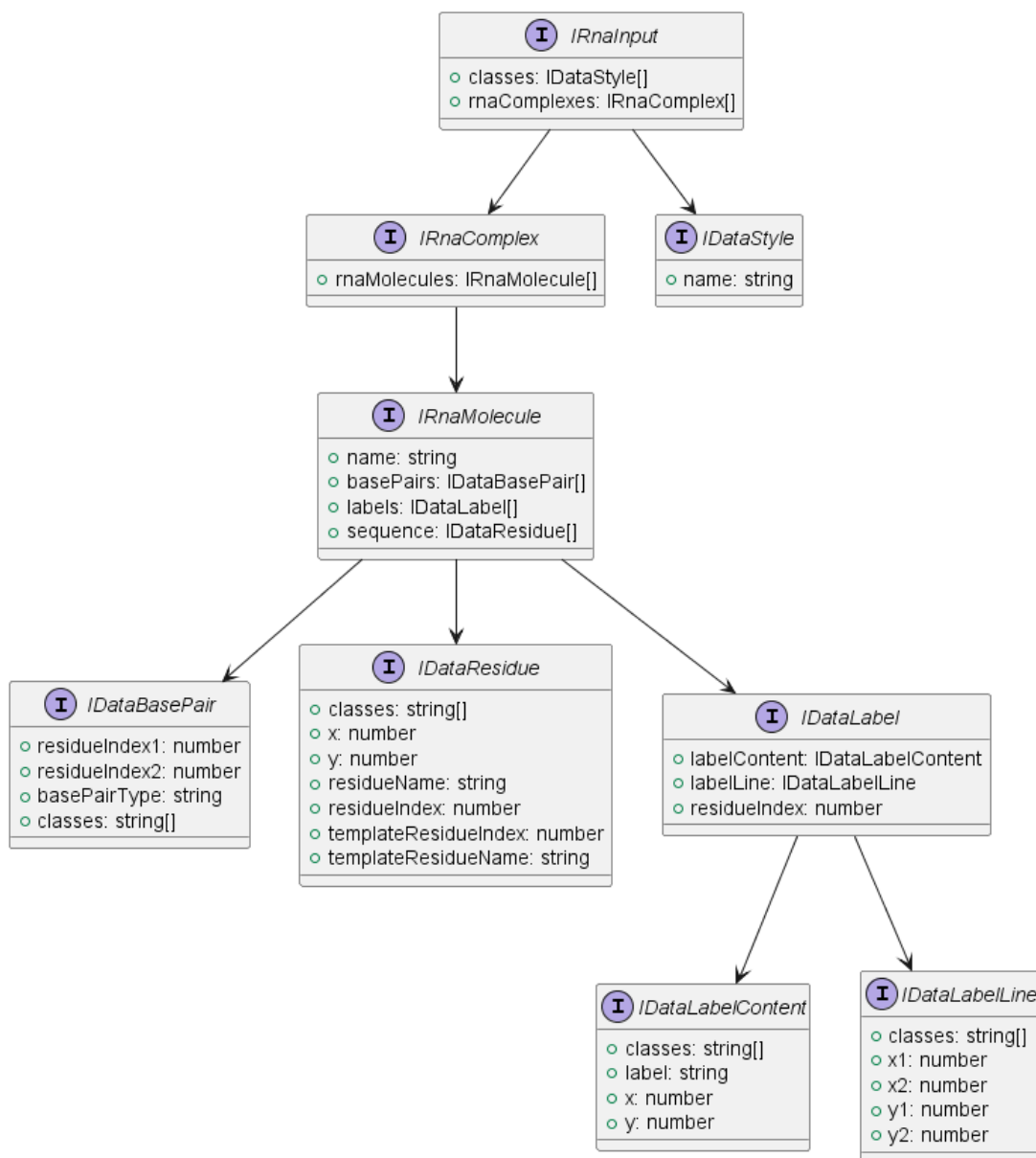
Samotná struktura dat není složitá, ale popíšeme zde pouze tu část, kterou aktuálně využíváme, kromě toho, že ostatní data pro nás nejsou důležitá, tak jak již bylo zmíněno samotná struktura dat není pevně daná a může se měnit.

Jedná se o objekt, který má dvě položky - `classes`, což je pole objektů popisující třídy říkající způsob zobrazení struktury, podobně jako to kaskádové styly (CSS) diktují pro webové stránky a `rnaComplexes`.

`rnaComplexes` je pole polí sloužící pro popis celých skupin RNA struktur. Naše knihovna pracuje vždy pouze s nultým prvkem. Neviděli jsme důvod to dělat jinak, a pokud by se nějaký důvod našel v budoucnu, neměl by být problém naší knihovnu přizpůsobit situaci (např. rozšířením o novou metodu pro zachování zpětné kompatibility).

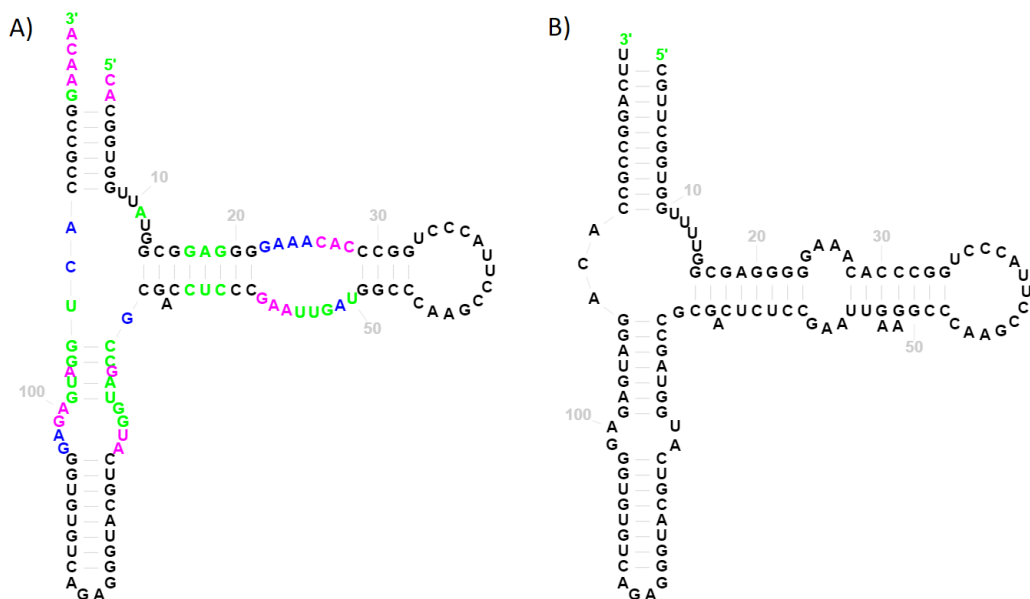
V rámci naší knihovny jsme vytvořili interface, který vstupní data musí splňovat. Struktura zbytku dat by měla být jasně viditelná z následujícího diagramu těchto interfaceů.

¹<https://github.com/LDWLab/RNA2D-data-schema>



Obrázek 3.1: Interface pro vstupní data

Při vykreslení dat si můžeme všimnout různého obarvení jednotlivých residue. Tyto barvy slouží k lepšímu zorientování ve struktuře vzhledem ke vzorové struktuře. Černá barva značí, že residue leží na poloze vzorového residue se stejným názvem. Zelenou barvou jsou označeny ty residue jejichž vzorový residue bylo třeba přejmenovat. Modrou barvou jsou vyznačeny posunutý residue. A poslední růžovou barvu mají nově přidaný residue.



Obrázek 3.2: A) Odvozená sekundární RNA struktura URS00000B9D9D_471852, B) Vzorová sekundární RNA struktura d.5.b.A.madurae

3.2 Objektový návrh

Udělat dobrý objektový návrh je pro knihovnu, která má usnadňovat práci velmi důležité, zároveň je tento úkol velmi těžký, speciálně v případě kdy není předem jasné, co všechno má knihovna umět. To v našem případě nebylo, a proto se některá rozhodnutí mohou zdát zpětně zvláštní, při nejmenším ne ideální.

TODO: přepsat V následující kapitole se pokusíme čtenáře seznámit s objektovým návrhem naší knihovny včetně s myšlenkami, které nás k takovému návrhu dovedli. Nejdříve dáme čtenáři obecný pohled na strukturu a následně rozebere jednotlivé třídy podrobněji.

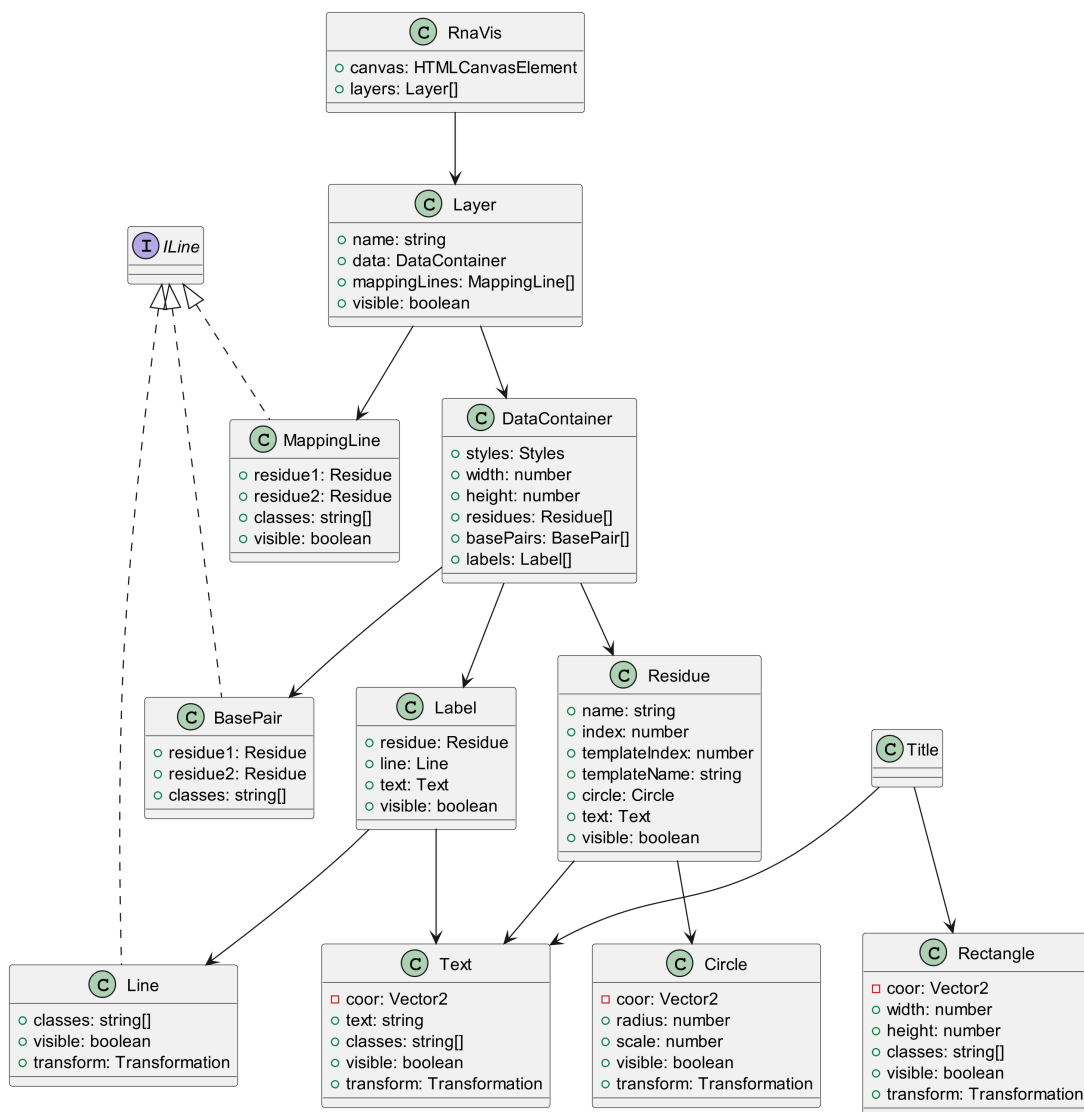
3.2.1 Obecný pohled na třídy

Srdcem celé knihovny je třída `RnaVis`, která vykresluje struktury na canvas a nastavuje se přes ní zoom/panning. Kromě toho má v sobě také uložené vrstvy realizované třídou `Layer`, představující jednotlivé struktury.

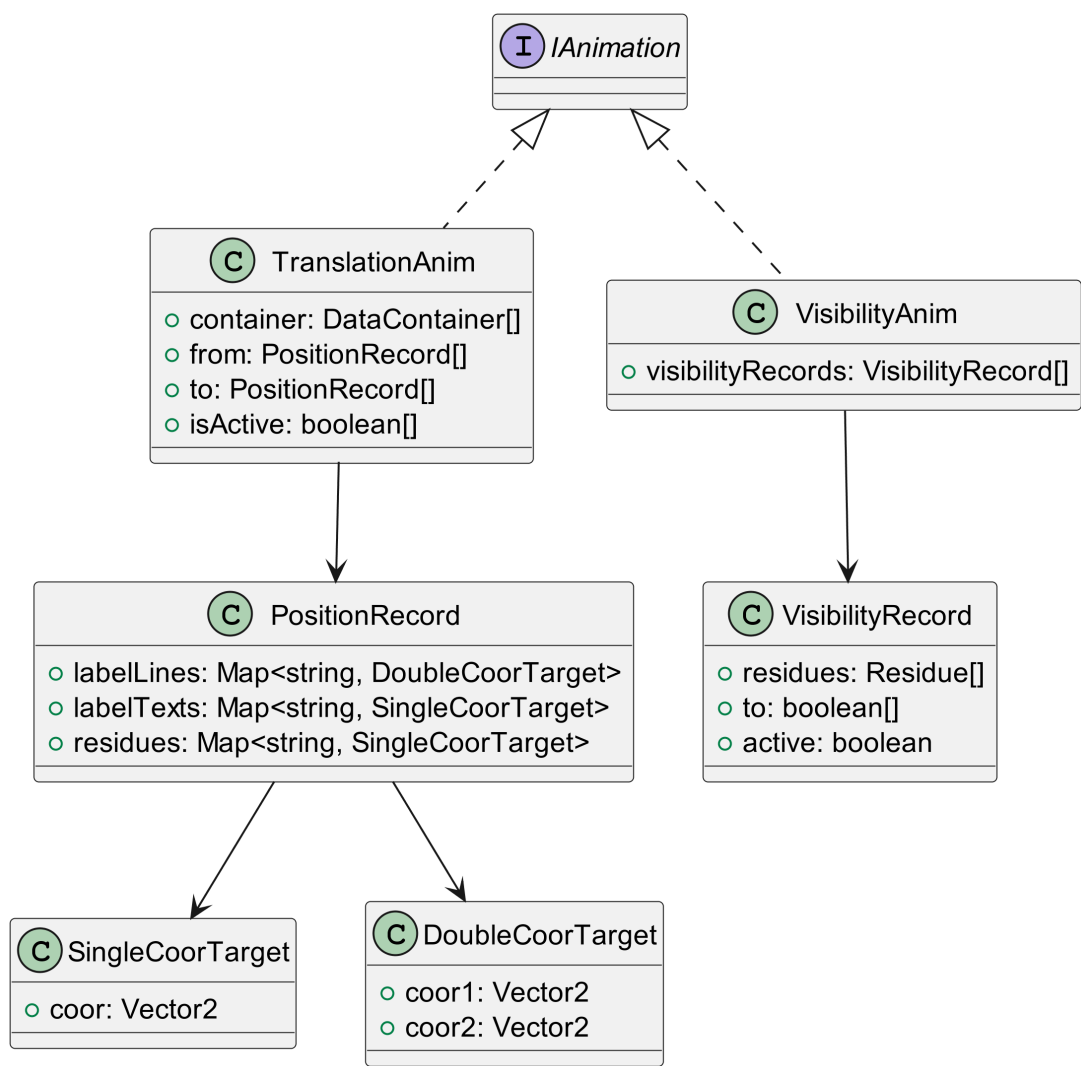
Pro určení vykreslovacích parametrů (např. font, barva, velikost) objektů máme třídu `Styles`. Před každým vykreslením se zeptáme této třídy na vykreslovací parametry pro daný objekt.

Poslední důležitou velkou částí jsou animace. Tuto funkcionalitu zpřístupňují dvě hlavní třídy - `TranslationAnim`, `VisibilityAnim`. Obě implementují interface `IAnimation`.

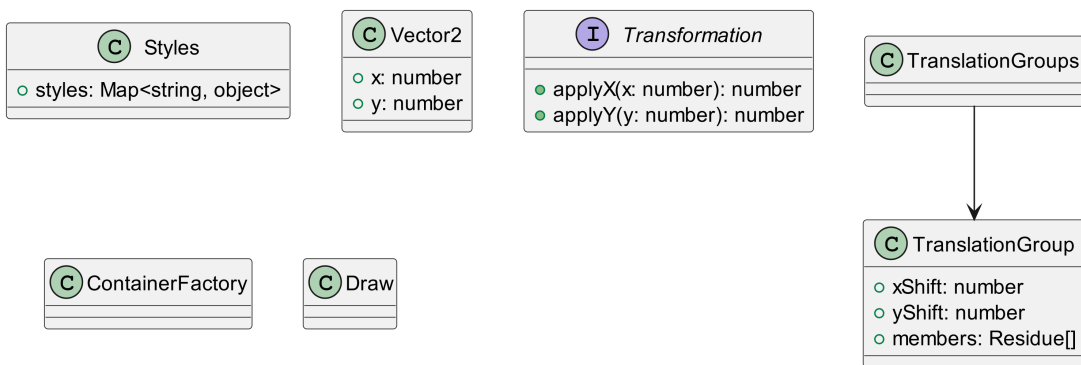
Níže jsou tři diagramy tříd, které dohromady obsahují každou třídu. Diagrama se snažíme vyjádřit obecnou strukturu, tím pádem pro přehlednost neobsahují všechny informace - všechny metody, některé privátní vlastnosti a některé závislosti.



Obrázek 3.3: Diagram tříd



Obrázek 3.4: Diagram tříd



Obrázek 3.5: Diagram tříd

3.3 Uživatelská dokumentace

3.3.1 Instalace

3.3.2 Rozhraní: IAnimation

Rozhraní pro definici animace.

Implementováno

- TranslationAnim
- VisibilityAnim

Metody

animate

`animate(rna, duration, after): void`

Provede animaci.

Parametry

Název	Typ	Popis
rna	RnaVis	Objekt RnaVis, na kterém se má animace provést
duration	number	Délka animace
after	AfterFn	Funkce, která se má zavolat po dokončení animace

3.3.3 Příklady

Vykreslení struktur

Transformace

3.4 Vývojová dokumentace

3.4.1 Volba technologií

Programovací jazyk

Volba programovacího jazyka byla poměrně přímočará. Chtěli jsme napsat knihovnu, která se bude používat na webu. Javascript² je v tomto případě jasnou volbou, protože to je v podstatě to jediné, co se používá. Přesto Javascript není jazyk, ve kterém je naše knihovna psaná, protože se jedná o dynamicky typovaný jazyk, což s sebou nese určité výhody pro jednoduché a rychlé psaní kódu, ale u větších projektů se to stává nevýhodou. Naše knihovna je napsaná v Typescriptu³, což je nadmnožina Javascriptu, snažící se řešit jeho slabiny a navíc ho

²<https://developer.mozilla.org/en-US/docs/Web/JavaScript>

³<https://www.typescriptlang.org/>

lze snadno přeložit do Javascriptu a v této formě distribuovat. Při tomto překladu je možné zachovat i informaci o konkrétních typech, tím pádem projekty, využívající naši knihovnu, psané v Typescriptu nejsou ochuzené o typovou kontrolu, kterou typescript nabízí.

3.4.2 Verzování

Chtěli jsme mít možnost se vracet ke starším verzím projektu v případě, že něco rozbijeme, nebo by nás pouze zajímali implementace, které už nepoužíváme. Pro verzování používáme Git⁴, který lze jednoduše používat s GitHubem⁵. Díky kterému, je náš projekt přístupný odkukoliv.

Jediným důvodem pro tato rozhodnutí je, že obě technologie známe, nemáme s nimi problém a neviděli jsme tedy důvod hledat jiné možnosti.

Knihovna D3.js

D3.js⁶ je knihovna v jazyce Javascript pomáhající přivést data k životu využívající především SVG⁷ formát, se kterým se dá v HTML⁸ pohodlně pracovat. Její důraz na webové standardy dává uživateli možnost využívat moderní prohlížeče naplno bez dalších frameworků. S knihovnou není nejjednodušší se naučit pracovat, ale její velkou předností je rychlost.

SVG nebo canvas

V počátcích jsme chtěli k zobrazování používat SVG. Jedná se o webový standard, který lze skvěle kombinovat s ostatními standardy jako je CSS⁹, DOM¹⁰, Javascript. V kombinaci s D3.js knihovnou je pak dělán animací nebo aktualizaci stavu SVG objektů jednoduché.

Nebyl důvod SVG nevyužívat, ale později jsme na vlastní kůži pocítili slabinu SVG. SVG se při vykreslování tisícovek objektů stává velmi pomalé. Takového počtu objektů můžeme dosáhnout pouze s jednou sekundární RNA strukturou, my navíc chceme zobrazit více takových struktur a ještě s nimi dynamicky pracovat.

Tím se pro nás stalo SVG nepoužitelné. Další možností bylo využití canvasu¹¹, který slibuje výrazně lepší výkon a lze ho stále jednoduše používat.

Některé pro nás klíčové funkce D3.js knihovny lze využít i pro práci s canvasem. Konkrétně se jedná o zoom, panning a animace.

U canvasu jsme nakonec i zůstali, přestože při práci s desítkama velkých struktur vykreslování není plynulé.

3.4.3 Rozbor implementace

⁴<https://git-scm.com/>

⁵<https://github.com/>

⁶<https://d3js.org/>

⁷<https://developer.mozilla.org/en-US/docs/Web/SVG>

⁸https://developer.mozilla.org/en-US/docs/Learn/Getting_started_with_the_web/HTML_basics

⁹<https://developer.mozilla.org/en-US/docs/Web/CSS>

¹⁰https://developer.mozilla.org/en-US/docs/Web/API/Document_Object_Model

¹¹https://developer.mozilla.org/en-US/docs/Web/API/Canvas_API

Závěr

Seznam použité literatury

- [1] CHENNEY, S., HEITSCH, C., MIZE, C., SWENSON, S., SCHMIDT, M. D., KIRKPATRICK, A. a YOON, I. (2019). Rnastructviz. URL <https://github.com/gtDMMB/RNAStructViz/wiki>. Accessed on March 29, 2023.
- [2] DARTY, K., DENISE, A. a PONTY, Y. (2009). VARNA: Interactive drawing and editing of the RNA secondary structure. *Bioinformatics*, **25**(15), 1974–1975.
- [3] ELIAS, R. a HOKSZA, D. (2017). Traveler: a tool for template-based rna secondary structure visualization. *BMC Bioinformatics*, **18**(1), 487. ISSN 1471-2105. doi: 10.1186/s12859-017-1885-4. URL <https://doi.org/10.1186/s12859-017-1885-4>.
- [4] KERPEDJIEV, P., HAMMER, S. a HOFACKER, I. L. (2015). Forna (force-directed RNA): Simple and effective online RNA secondary structure diagrams. *Bioinformatics*, **31**(20), 3377–3379. ISSN 1367-4803. doi: 10.1093/bioinformatics/btv372. URL <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btv372>.
- [5] LAI, D., PROCTOR, J. R., ZHU, J. Y. A. a MEYER, I. M. (2012). R-chie: a web server and R package for visualizing RNA secondary structures. *Nucleic Acids Research*, **40**(12), e95–e95. ISSN 0305-1048. doi: 10.1093/nar/gks241. URL <https://doi.org/10.1093/nar/gks241>.
- [6] SWEENEY, B. A., HOKSZA, D., NAWROCKI, E. P., RIBAS, C. E., MADEIRA, F., CANNONE, J. J., GUTELL, R., MADDALA, A., MEADE, C. D., WILLIAMS, L. D., PETROV, A. S., CHAN, P. P., LOWE, T. M., FINN, R. D. a PETROV, A. I. (2021). R2dt is a framework for predicting and visualising rna secondary structure using templates. *Nature Communications*, **12**(1), 3494. ISSN 2041-1723. doi: 10.1038/s41467-021-23555-5. URL <https://doi.org/10.1038/s41467-021-23555-5>.

Seznam obrázků

1.1	Ukázka arc diagramu	4
1.2	Ukázka circular diagramu	5
1.3	Ukázka radiate diagramu	6
1.4	Snimek nástroje Varna. Zobrazená struktura je d.5.b.A.madurae. .	7
1.5	Snimek nástroje rnaStructViz, zobrazující tři struktury RNA. . .	8
1.6	Snimek nástroje Forna. Nalevo odvozená sekundární RNA struktura URS00000B9D9D_471852 od struktury d.5.b.A.madurae napravo.	8
1.7	Výsledný arc diagram nástroje R-chie, zobrazující dvě struktury. První struktura je nad horizontální čarou a druhá pod ní.	9
2.1	Struktury vedle sebe.	11
2.2	Struktury přeložené přes sebe.	12
2.3	Struktury přeložené přes sebe a zarovnané.	13
2.4	Struktury přeložené přes sebe, zarovnané a s průhledností.	13
2.5	Vzorová a odvozená struktura přeložené přes sebe před transformací (A) a po transformaci (B).	14
2.6	Vzorová a odvozená struktura přeložené přes sebe s mapovacími čárami.	15
2.7	Výřez z mnoha struktur přeložených přes sebe s mapovacími čárami. Každá struktura má vlastní barvu mapovacích čar.	16
3.1	Interface pro vstupní data	18
3.2	A) Odvozená sekundární RNA struktura URS00000B9D9D_471852, B) Vzorová sekundární RNA struktura d.5.b.A.madurae	19
3.3	Diagram tříd	20
3.4	Diagram tříd	21
3.5	Diagram tříd	21

Seznam tabulek

Seznam použitých zkratek

A. Přílohy

A.1 První příloha