

V tejto práci ďalej rozvíjame algoritmus homológnej predikcie terciárnej štruktúry RNA, ktorý bol navrhnutý a naimplementovaný v rámci mojej 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 použitia viacerých template štruktúr, čo by malo viesť k zmenšeniu prehľadávaného priestoru pri predikcii nekonzervovaných úsekov predikovanej štruktúry, a tým zvýšiť celkovú presnosť predikcie.