

Tato práce se zabývá modernizací webového pluginu MolArt, který slouží ke znázornění závislosti mezi anotovanou proteinovou sekvencí a experimentální nebo predikovanou 3D strukturou proteinu. Nový MolArt (MolArt 2.0) se skládá ze dvou komponent. První zajišťuje vizualizaci proteinové sekvence pomocí knihovny Nightingale. Druhá má na starosti vykreslení 3D struktury proteinu, k tomu je využita knihovna Mol*. Propojení těchto komponent spočívá v grafickém zvýraznění (i vícenásobném) odpovídajících si skupin aminokyselin v obou částech, což umožňuje snazší generování biologických hypotéz. Data jsou načítána z několika externích databází nebo je možné využít data poskytnutá uživatelem. MolArt 2.0 je implementován v jazyce TypeScript.