

Sekvence RNA na rozdíl od DNA mohou vytvářet složité sekundární struktury. V předložené práci stanovujeme postupy pro automatické hledání podobností mezi sekvencemi RNA. Podobnosti chápeme nejen na základě sekvence bází tvořící RNA, ale též na základě jejich sekundárních struktur. Cílem práce je vymyslet a implementovat metody pro zkracování různorodých sekvencí, které jsou načteny z různých zdrojů. Definujeme pojmy strukturální alignment, strukturální profil a strukturální konsenzus, které jsou odpovídajícím rozšířením pojmů alignment sekvencí, profil sekvencí a konsenzus sekvencí. Součástí práce je aplikace RNAcut. Umí dávkově ořezat sekvence RNA na základě jejich primární a sekundární struktury a tím by měla usnadnit práci biologům. V aplikaci RNAcut implementujeme většinu algoritmů, které popisujeme v této práci.