

Důležitou úlohou v molekulární biologii je hledání nových proteinů a stanovení jejich funkce. Přestože experimentální výzkum proteinů je stále nenahraditelný, výpočetní techniky umožňují získávat nové poznatky mnohem rychleji. Proto se čím dál častěji k predikcím 3D struktur a biologických funkcí využívají počítačové metody.

V této práci jsou diskutovány různé metody predikce funkčních anotací, včetně moderních metod využívajících hluboké strojové učení. Zároveň je představen nový program GOLizard, určený k vizualizaci funkcí podobných proteinů, které jsou získány pomocí programů BLAST a FoldSeek. K vizualizaci využívá hierarchické uspořádání Gene Ontology termínů pomocí orientovaného grafu, který zobrazuje vztahy mezi jednotlivými termíny.