

Analyse von RAD-Seq-Daten unter Berücksichtigung von Sequenzierfehlerraten und Heterozygotiewahrscheinlichkeiten

Antonie Vietor

16. Februar 2021

Technische Universität Dortmund
Fakultät für Informatik
Lehrstuhl 11
Bioinformatics for High-Throughput Technologies
<http://ls11-www.cs.tu-dortmund.de/>

In Kooperation mit:
Universität Duisburg-Essen
Genome Informatics
<http://genomeinformatics.uni-due.de/>

Aufbau und Struktur von DNA und RNA

Aufbau der DNA

- besteht aus Nukleotiden
- jedes **Nukleotid** besteht aus einem Zuckermolekül (Desoxyribose), einem Phosphatrest und einer Base
- **Basen**: A (Adenin), T (Thymin), G (Guanin), C (Cytosin)
- dient vor allem der **Informationsspeicherung** (Erbinformation)

Unterschiede im Aufbau der RNA

- **Nukleotide**: das Zuckermolekül ist Ribose
- **Basen**: Uracil (U) statt Thymin
- viele Funktionen, dient unter anderem der **Informationsübertragung** bei der Proteinbiosynthese

Struktur der DNA

- **Doppelhelixstruktur**
- **Komplementarität:** A und T sind komplementär zu einander, ebenso G und C
- **Antiparallelität:** in der Doppelhelix sind die beiden DNA-Stränge gegenläufig zu einander

Struktur der RNA

- meist **einzelsträngig**, kurze doppelsträngige Abschnitte können vorkommen

Proteinbiosynthese



Genetischer Code



text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text

text