Máme 5 zarovnaných sekvencií o dĺžke 5 nukleotidov(NTs).

Vieme, že pravdepodobnosť výskytu jednotlivých NTs pre tento prípad A = T = C = G = 0.25

- 1. Τ G C Т 2. Т Т G С Т 3. Т Т Α С G G С 4. G Т Α С Т G 5.
- 1. Vypočítam profilovú tabuľku, t.j. spočítam percentuálne zastúpenie jednotlivých NT na pozícii.

| Α | 0.4 | 0 | 0.4 | 0 | 0 |
|---|-----|-----|-----|-----|-----|
| С | 0 | 0 | 0 | 0 | 1.0 |
| G | 0.2 | 0 | 0 | 1.0 | 0 |
| Т | 0.4 | 1.0 | 0.6 | 0 | 0 |

e.g. Stĺpec pre prvú pozíciu: Adenín(A) sa na prvej pozícii nachádza 2 razy z piatich -> 2/5 = 0.4, Cytosín (C) sa nevyskytol v našich zarovnaných seq, Guanín mám raz -> 1/5 = 0.2, zostáva Tyrosín 0.4. Rovnako sa pokračuje v ďaľších stĺpcoch.

2. Z profilovej tabuľky spočítam maticu LLW (Log Likelihood Weight matrix). Za nulové hodnoty dosadím mínus nekonečno, sú nedosiahnuteľné, a nenulové hodnoty postupne prejdem vzťahom $log_2(Pp/Pv)$, kde Pp je percentuálne zastúpenie nukleotidu na pozícii (jednoducho políčko v profilovej tabulke) a Pv je pravdepodobnosť výskytu nukleotidu (definovaná na začiatku, všeobecne sa môže líšiť, nemusí byť vždy 25% pre všetky)

| Α | 0.678 | -inf | 0.678 | -inf | -inf |
|---|-------|------|-------|------|------|
| С | -inf | -inf | -inf | -inf | 2.0 |
| G | -0.32 | -inf | -inf | 2.0 | -inf |
| Т | 0.678 | 2.0 | 1.263 | -inf | -inf |

e.g. Stĺpec pre prvú pozíciu: Pre A: $log_2(0.4/0.25) = 0.678$,

pre C -inf,

pre G: $log_2(0.2/0.25) = -0.32$,

pre T: $log_2(0.4/0.25) = 0.678$, obdobne pokračujem ďalšími stĺpcami

3. Spočítam **relatívnu entropiu** pozícií, mám 5 pozícií, takže:

| 0.478 2 | 1.029 | 2 | 2 |
|---------|-------|---|---|
|---------|-------|---|---|

Výpočet pre 1. stĺpec (pre prvú pozíciu):

0.678 * 0.4 + -0.32 * 0.2 + 0.678 * 0.4 = 0.478, proste násobím odpovedajúce hodnoty v tabuľkách a v rámci stĺpcu tieto súčiny posčítam.

Výpočet pre 2. stĺpec (pre prvú pozíciu): 2*1 = 2

Výpočet pre 3. stĺpec (pre prvú pozíciu): 0.678 * 0.4 + 1.263 * 0.6 = 1.029

Máme všetky informácie na nakreslenie DNA sekvenčného loga, a) hodnoty v relatívnej entropii mi určia výšku do ktorej budu siahať vyobrazenie stĺpca. Pre DNA je celková výška loga vždy 2. (Pri proteinoch 4,3 + pri proteínoch treba aj LLW tabulku robiť pomocu vzorca $log_{4,3}(Pp/Pv)$)



b) proporčne, podľa % zastúpenia v profilovej tabulky nakreslím do vymedzenej výšky príslušné NT.