

# Bioinformatik Übung 6

14.6.2022 Mari Lena Leistner  
5562003

1.  $\frac{5+1}{n+2} = \frac{7+1}{7+2} = \frac{8}{9}$

2. Motive GATAC GATAc  
GATCA GATCA  
ATTGA a tTg A  
GCTCG GCTCg (Score = 1 + 2 + 0 + 2 + 2 = 7)

					<u>pseudocounts</u>					
A: 1 2 0 1 2	}	count	A: $\frac{1}{4}$	$\frac{1}{2}$	0	$\frac{1}{4}$	$\frac{1}{2}$	}	profil	A: 2 3 1 2 3
C: 0 1 0 2 1			C: 0	$\frac{1}{4}$	0	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{4}$			C: 1 2 1 3 2
G: 3 0 0 1 1			G: $\frac{3}{4}$	0	0	$\frac{1}{4}$	$\frac{1}{4}$			G: 4 1 1 2 2
T: 0 1 4 0 0			T: 0	$\frac{1}{4}$	1	0	0			T: 1 2 5 1 1

Es gibt keine 0%ige und keine 100%ige Sicherheit mehr, dass ein Ereignis eintritt oder nicht, → keine absoluten Wahrscheinlichkeiten mehr

Realistischer, da man infolge einer (wieder) 4-stelligen Messreihe keine absoluten Aussagen treffen.

A: $\frac{1}{4}$ $\frac{3}{8}$ $\frac{1}{8}$ $\frac{1}{4}$ $\frac{3}{8}$
C: $\frac{1}{8}$ $\frac{1}{4}$ $\frac{1}{8}$ $\frac{3}{8}$ $\frac{1}{4}$
G: $\frac{1}{2}$ $\frac{1}{8}$ $\frac{1}{8}$ $\frac{1}{4}$ $\frac{1}{4}$
T: $\frac{1}{8}$ $\frac{1}{4}$ $\frac{5}{8}$ $\frac{1}{8}$ $\frac{1}{8}$

3.

A	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{4}$	0	1
C	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{4}$	0	0
T	0	$\frac{1}{4}$	$\frac{1}{2}$	0
G	0	$\frac{1}{4}$	$\frac{1}{2}$	0

$P(AC TA) = \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{4} \cdot \frac{1}{2} \cdot 1 = \frac{1}{16}$

$p(AC TG) = \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{4} \cdot \frac{1}{2} \cdot 0 = 0$

$p(CCTAA)$ : 2 Varianten

$p(CCTA) = \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{4} \cdot \frac{1}{2} \cdot 1 = \frac{1}{16}$  ←

$p(CTAA) = \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{4} \cdot 0 \cdot 1 = 0$

→ fünfte Stelle kann alles sein:

$p(CCTAA) = \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{4} \cdot \frac{1}{2} \cdot 1 \cdot 1 = \frac{1}{16}$

letzte Stelle kann alles sein

4. • Die Positionen 0-2 sind hochkonserviert (ATG ist Startcodon)  
↳ essentiell für Genfunktionen deshalb keine bis wenig  
(Position 0) Variabilität  
⇒ wichtig für ~~Transkription~~ Translation  
um Position -10 herum ~~Ribosome binding site~~
- Binding site für  $\sigma$ -Faktor bei RNA-Synthese =  
⇒ wichtig für Transkription  
weniger konserviert als Startcodon, da längere Sequenz  
→ es ist nicht so schlimm, wenn mal eine Base ausgetauscht  
ist, Bindung (wenn auch schwächer) trotzdem möglich  
→ immer mal eine andere mutiert → deshalb  
auch in geringem Maße andere Basen möglich