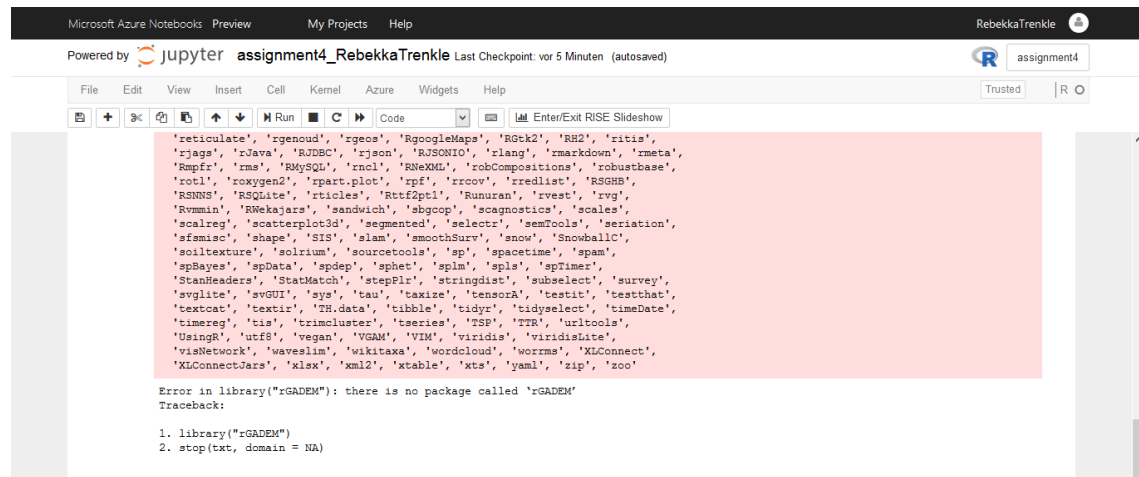


Aufgabe 2:

Bei Ausführung des Codes erhalte ich eine Fehlermeldung: Das Package "rGADEM" kann nicht installiert werden. Ich weiß nicht warum, und habe es auch nicht herausfinden können.



The screenshot shows a Jupyter Notebook interface. The top bar indicates it's powered by Jupyter and is named 'assignment4_RebekkaTrenkle'. The notebook contains a code cell with a long list of installed R packages, including 'rGADEM'. Below the list, an error message is displayed: 'Error in library("rGADEM"): there is no package called 'rGADEM''. The traceback shows the error occurred when trying to load the library.

```
library('rGADEM')
stop(txt, domain = NA)
```

Error in library("rGADEM"): there is no package called 'rGADEM'
Traceback:
1. library("rGADEM")
2. stop(txt, domain = NA)

Falls es funktionieren würde, sollte es eine Liste von DNA Sequenzen laden, eine de novo Motifsuche starten und das so ermittelte Konsensusmotiv als Sequenzlogo ausgeben.

Aufgabe 3:

Das Ergebnis auf der Seite wurde mittels MEME-ChIP ermittelt. Dabei werden die Ergebnisse von ChIP-seq (Chromatin-immunoprecipitation sequencing) analysiert, um Motive in großen DNA (oder RNA) Datensätzen zu ermitteln. Es handelt sich dabei um ein Web-tool.

In der Datei müssen Sequenzen enthalten sein, von der jeder ein bestimmtes Motif enthält (sonst kann man schwer ein Konsensusmotiv ermitteln). Des Weiteren darf es sich dabei nur um DNA Sequenzen handeln, die natürliche Basen enthalten (nur die Buchstaben C,A,T,G sind erlaubt).