**Bioinformatica**

* CpG eilanden voorspellen in 10kb rond een gen door cpgplot via jupyter.
* Via UCSC kunnen instellen: alle genen van chr 3 met 2 exonen + voorbeelden geven. Ook alle genen van chr 3 met 2,3 of 4 exonen. en een HeidiSQL querry schrijven om de namen van deze genen te krijgen.
* map ‘examen’ maken in Bitvise.
* Positie van een exon kunnen zien door syco en tcode in jupyter
* Python script schrijven (functie!) om de smelttemperatuur van DNA te berekenen

je krijgt een formule voor de smelttemperatuur. het zag er ongeveer zo uit: getal + (getal \* (A+C - getal)/(A+C+T+G) en de letters staan voor het aantal A’s,G’s,...

* 3’UTR van een gen downloaden, fuzznuc en shuffleseq toepassen in bash
* SOX9 gen opzoeken, hoeveel exonen zijn er ? hoeveel coderen hiervan? wat is de moleculaire functie en de biologische functie?
* schrijf een python script dat als je een dna sequentie ingeeft de A’s veranderen in T’s en de C’s in G’s.
* voorspel genen met behulp van geneid, maak een custom track op UCSC en vergelijk deze met refseq genes en genecode.
* zoek PSEN2 gen en zoek dan heoveel niet coderende en coderende exonen. geeft een voorbeeld van een biologisch proces van het eiwit gecodeerd door PSEN2. geef ook de moleculaire functie van dat eiwit.
* Fuzzpro uitvoeren, dus pattern opzoeken op Prosite. Daarna de aminozuursequentie van dit pattern geven.
* Pythonscript schrijven dat de GC content berekent mbv Biopython