Examenvragen Bioinformatica 2016 - 2017

* Gene ID → exonen voorspellen met een CDS van JUND waar je upstream en downstream 100 000 bp hebt genomen
* EMBOSS: syco en tcode: ligging van de CDS bepalen.
* Python: iets doen met het commando replace, maar dat is niet gezien in de les.
* Genen downloaden die betrokken zijn bij bep. proces , hiervan drosophila homologen zoeken en dan hiervan terug de GO enrichment doen
* Lengte van 3’UTR en 5’UTR berekenen

13 juni NM

Vraag 1

* Zoek het gen APOE op. Hoeveel exonen heeft het? Hoeveel exonen coderen?
* Download het gen met flankerend 1Mb, upstream en downstream. Voorspel genen met geneid. Upload je custom track op ucsc. Komen je genen overeen met ucsc?
* Geef een voorbeeld van een proces waarin APOE is betrokken. Met welke ziekten heeft APOE een verband?
* Bestaat er een ortholoog in de fruitvlieg? En in platypus?

Vraag 2

SELECT \*

FROM refGene

WITH chrom=’chr19’

AND exonCount=1

AND txStart<4000000

* Leg bovenstaande uit in je eigen woorden.
* Voer uit in jupyter.
* Hoeveel resultaten krijg je?
* Bereken de lengte van 5’UTR. Door cdsStart - txStart te doen.
* Maak een plot met 5’UTR en txStart.
* Kan je 5’UTR ook zo berekenen wanneer het gen uit meerdere exonen bestaat?