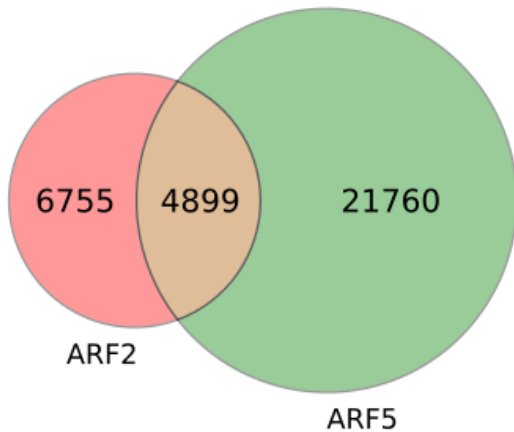
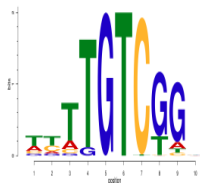


ARF2 and ARF5 DapSeq regions

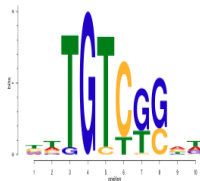


How to predict ARFs binding sites ?

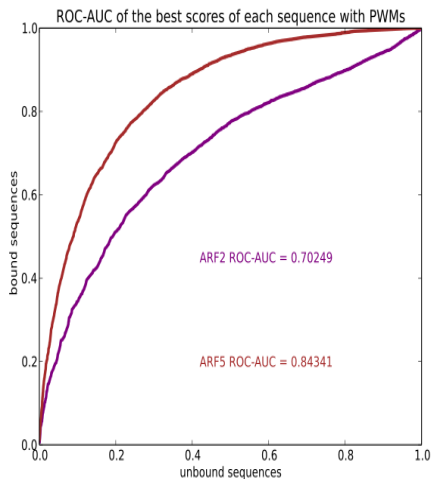
ROC best score on all the regions (OMalley monomer matrices)



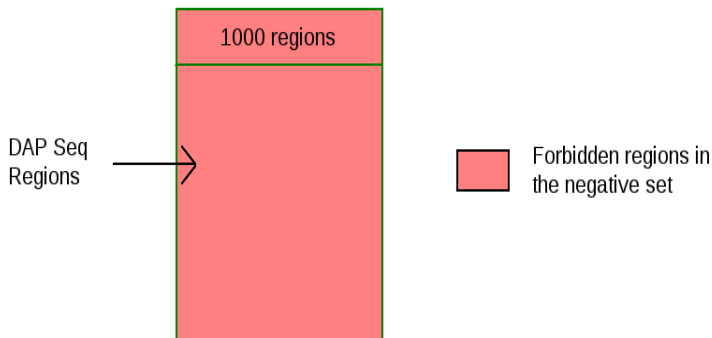
ARF 5



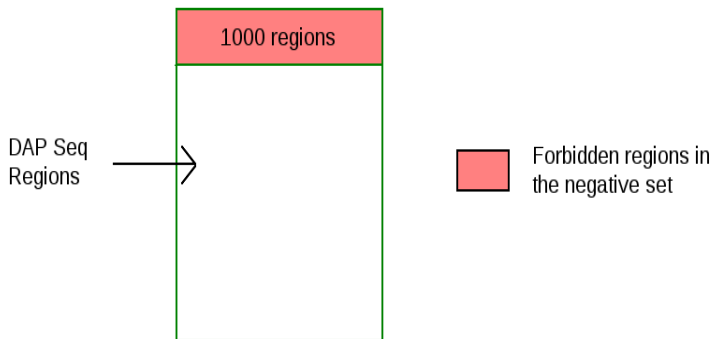
ARF 2



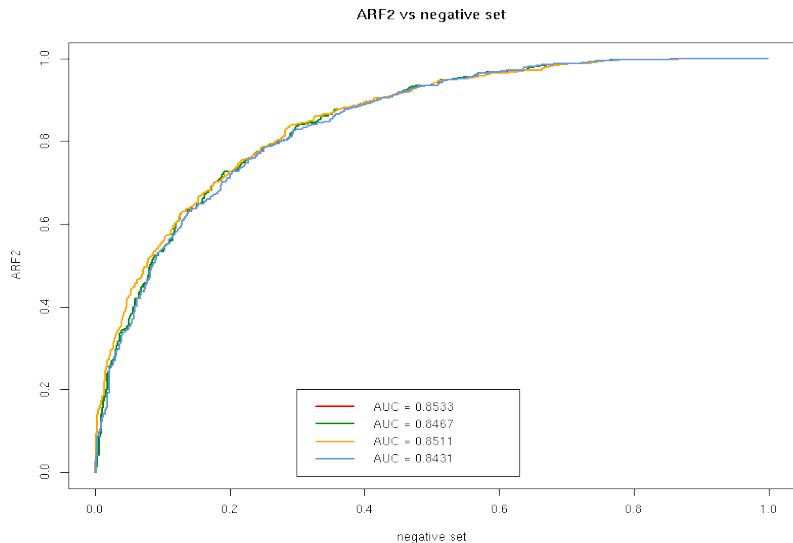
How negative sets are built for 1000 regions



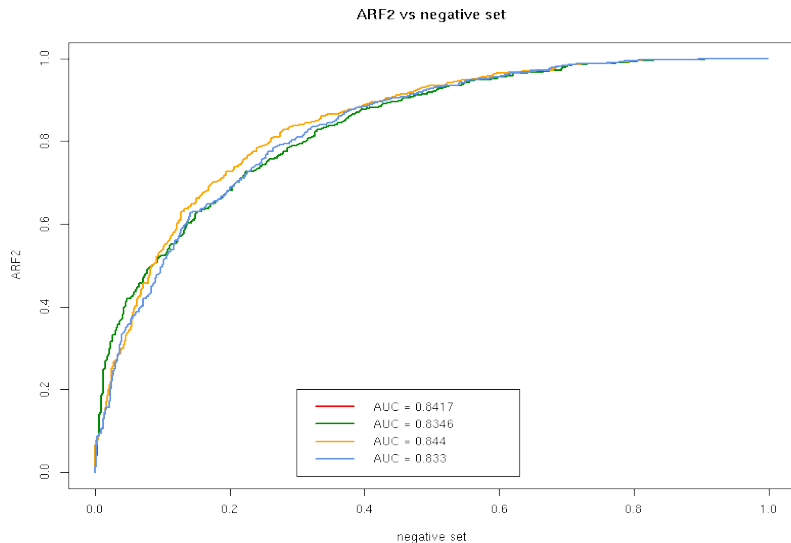
Let suppose the 1000 first regions are the true one bound



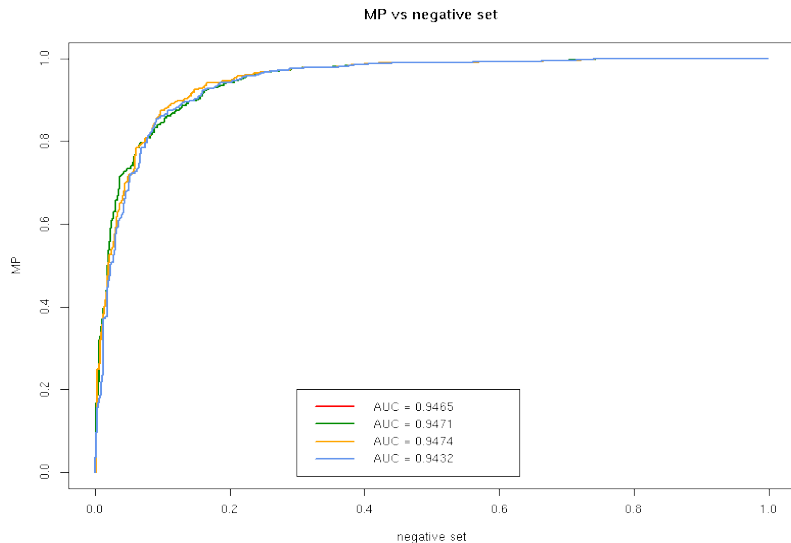
1000 first regions of the DAPSeq - ARF2 (first method)



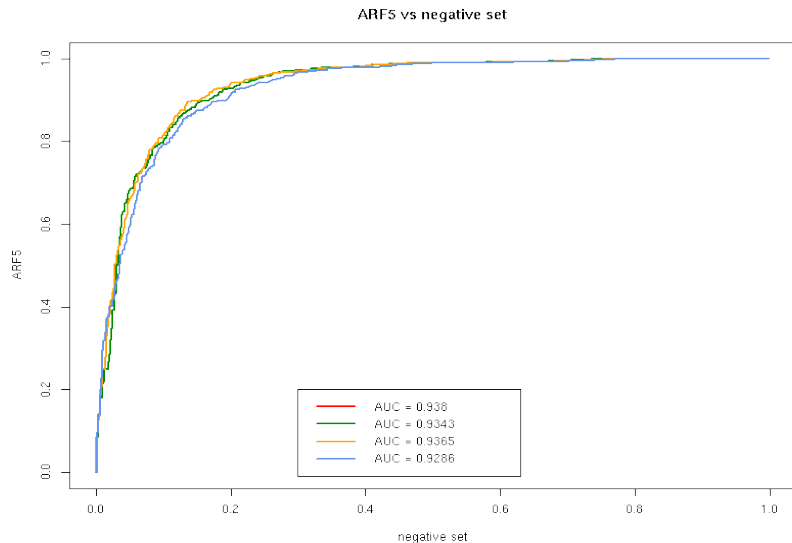
1000 first regions of the DAPSeq - ARF2 (second method)



1000 first regions of the DAPSeq - ARF5 (first method)

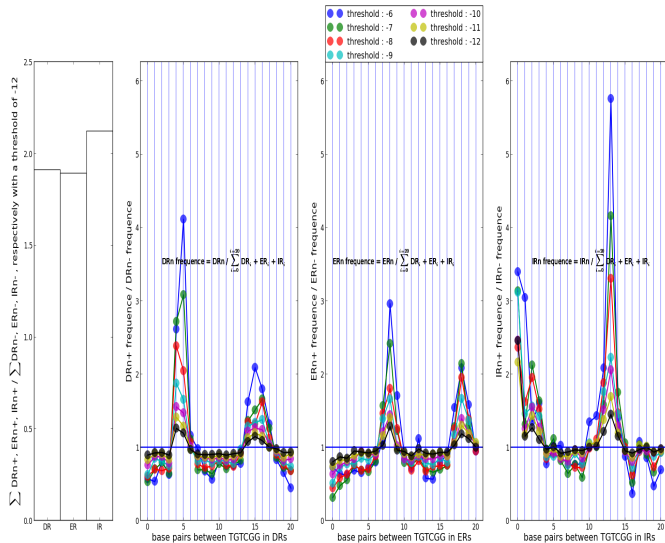


1000 first regions of the DAPSeq - ARF5 (second method)



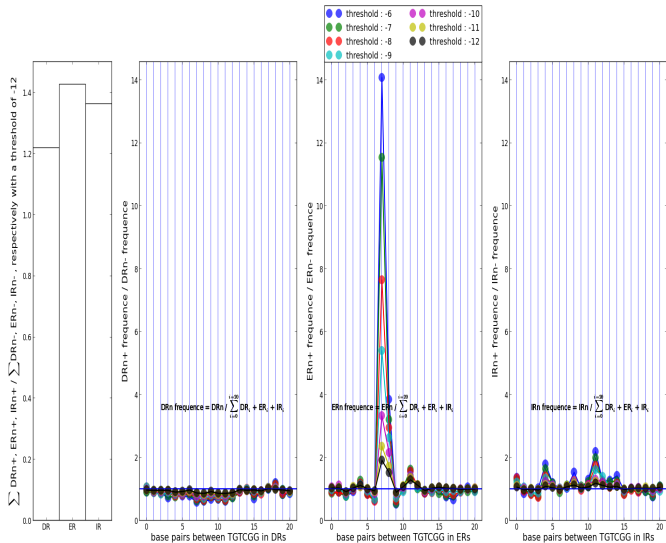
Predictions vs wet lab

Comparisons EMSAS DAPSeq - ARF5



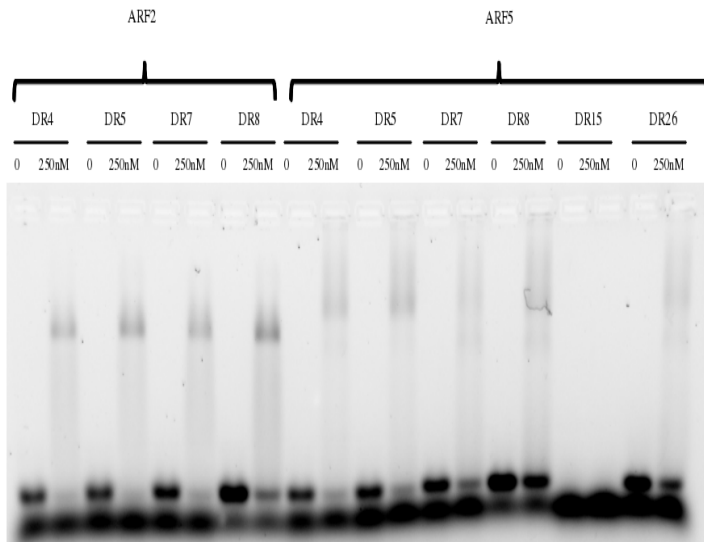
```
[ 'get_interdistances.py', '-fac', 'ARF5', '-pc', '0.001', '-maxInter', '20', '-th', '-6', '-7', '-8', '-9', '-10', '-11', '-12', '-neg', './sequences/ARF5_neg1.fas', './sequences/ARF5_neg2.fas', './sequences/ARF5_neg3.fas', './sequences/ARF5_neg4.fas', '-points', 'True', '-sequence_number', '26659']
```

Comparisons EMSAS DAPSeq - ARF2



['get_intdistances.py', '-fac', 'ARF2', '-pc', '0.001', '-maxInter', '20', '-th', '-6', '-7', '-8', '-9', '-10', '-11', '-12', '-neg', './sequences/ARF2_neg1.fas', './sequences/ARF2_neg2.fas', './sequences/ARF2_neg3.fas', './sequences/ARF2_neg4.fas', '-points', 'True', '-sequence_number', '11654']

Comparisons EMSAS DAPSeq - EMSAS DR



Looking for some DNA features

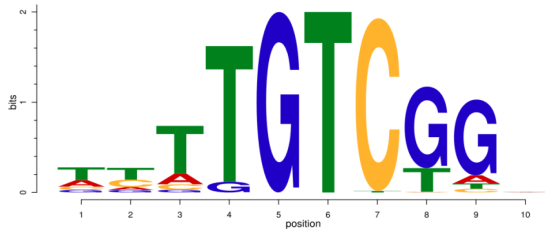
DR0	GTTTTGTCGCTGTCGGATTAATTAATTAATTAATTAATA
DR1	GTTTTGTCGGATGTCGGATTAATTAATTAATTAATTAAT
DR2	GTTTTGTCGGAATGTCGGATTAATTAATTAATTAATTAA
DR3	GTTTTGTCGGAATTGTCGGATTAATTAATTAATTAATAT
DR4	GTTTTGTCGGAATTTGTCGGATTAATTAATTAATTAATA
DR5	GTTTTGTCGGAATTATGTCGGATTAATTAATTAATTAAT
DR6	GTTTTGTCGGAATTAATGTCGGATTAATTAATTAATTAA
DR7	GTTTTGTCGGATTAATTTGTCGGATTAATTAATTAATAT
DR8	GTTTTGTCGGATTAATTTTGTCGGATTAATTAATTAATA
DR9	GTTTTGTCGGATTAATTAATGTCGGATTAATTAATTAAT
DR10	GTTTTGTCGGATTAATTAATTGTCGGATTAATTAATTAA
DR11	GTTTTGTCGGATTAATTAATTTGTCGGATTAATTAATAT
DR12	GTTTTGTCGGATTAATTAATTTTGTCGGATTAATTAATA
DR13	GTTTTGTCGGATTAATTAATTAATGTCGGATTAATTAAT
DR14	GTTTTGTCGGATTAATTAATTAATTGTCGGATTAATTAA
DR15	GTTTTGTCGGATTAATTAATTAATTTGTCGGATTAATAT
DR16	GTTTTGTCGGATTAATTAATTAATTTTGTCGGATTAATA
DR17	GTTTTGTCGGATTAATTAATTAATTAATGTCGGATTAAT
DR18	GTTTTGTCGGATTAATTAATTAATTAATTGTCGGATTAA
DR19	GTTTTGTCGGATTAATTAATTAATTAATTTGTCGGATAT
DR20	GTTTTGTCGGATTAATTAATTAATTAATTTTGTCGGATA

Looking for some DNA features

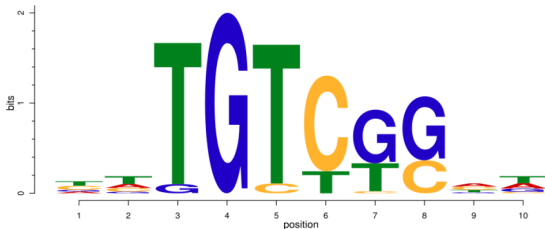
	pos	neg
A	14.1648	13.6238
AA	3.5699	3.4598
AAA	1.2182	1.1603
AAAA	0.45	0.4079
T	12.6375	13.7292
TT	3.2065	3.5429
TTT	1.0938	1.1673
TTTT	0.4076	0.4552
AT	3.6528	3.9219
TA	2.9816	3.3333
AAT	1.1697	1.2244
TTA	0.9269	1.093
ATT	1.1353	1.2566
TAA	0.9331	1.0623
AAAT	0.4467	0.4665
TTTA	0.3589	0.4005
AATT	0.3509	0.3895
TTAA	0.2804	0.3438
ATTT	0.4252	0.481
TAAA	0.3546	0.3836

Methylation ?

ARF5

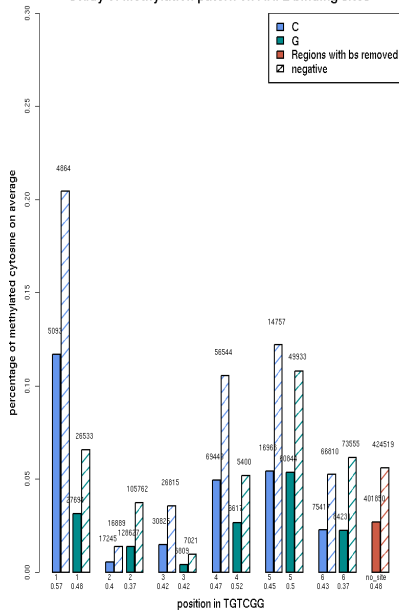


ARF2



Methylation ?

Study of methylation pattern on ARF2 binding sites



Study of methylation pattern on ARF5 binding sites

