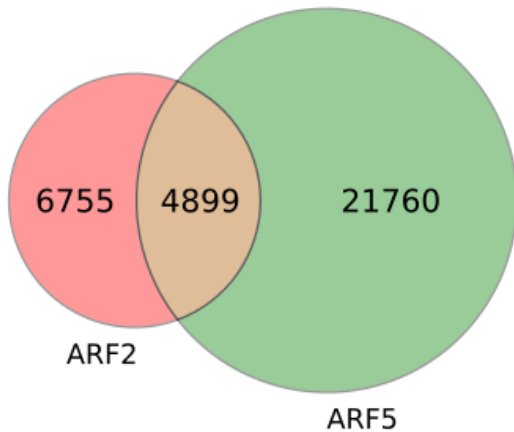
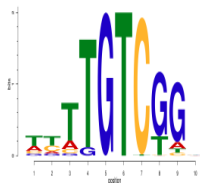


## ARF2 and ARF5 DapSeq regions

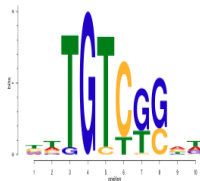


How to predict ARFs binding sites ?

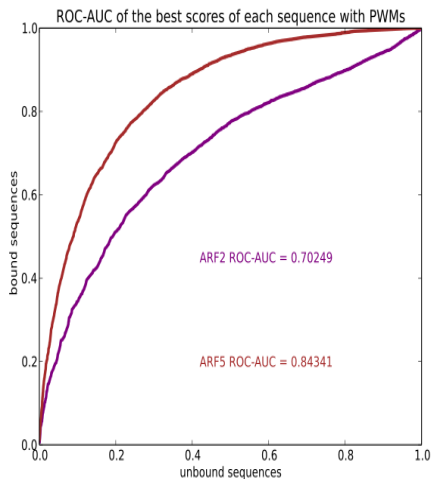
# ROC best score on all the regions (OMalley monomer matrices)



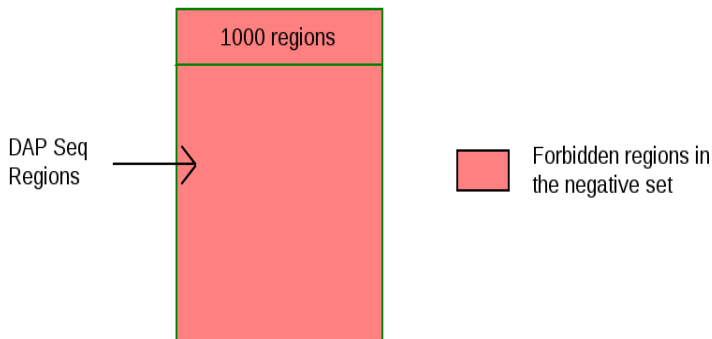
ARF 5



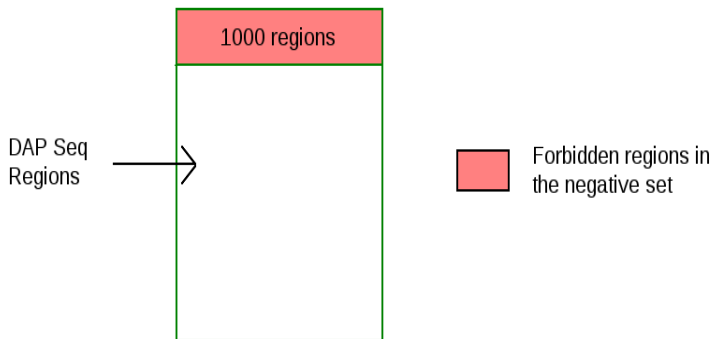
ARF 2



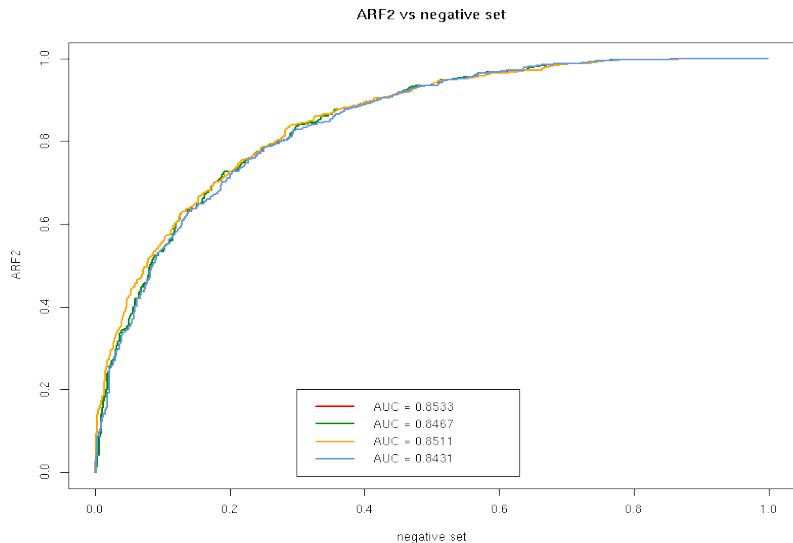
# How negative sets are built for 1000 regions



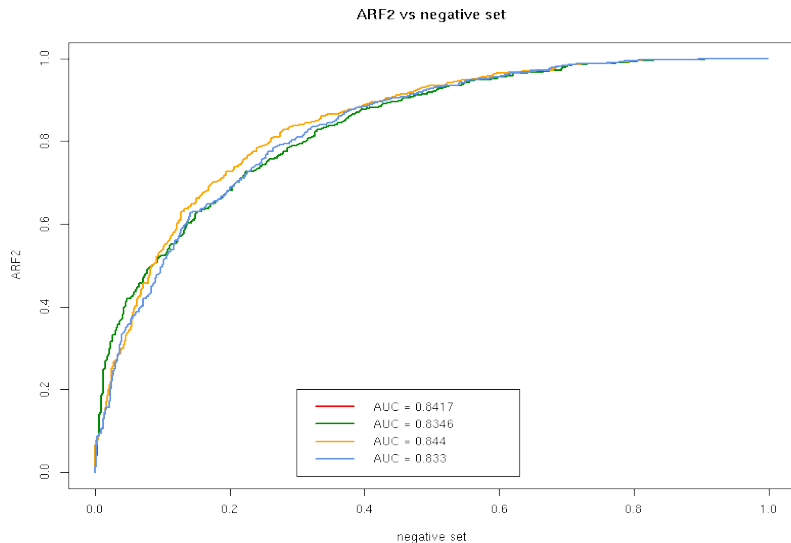
Let suppose the 1000 first regions are the true one bound



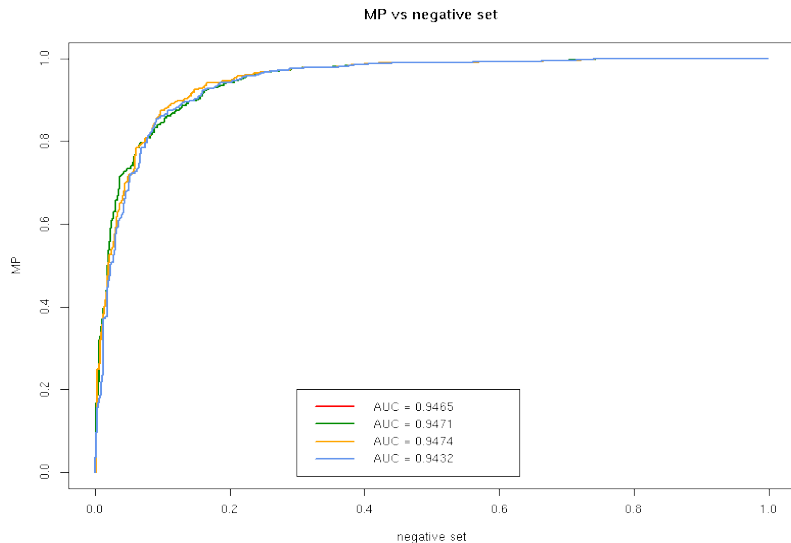
# 1000 first regions of the DAPSeq - ARF2 (first method)



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

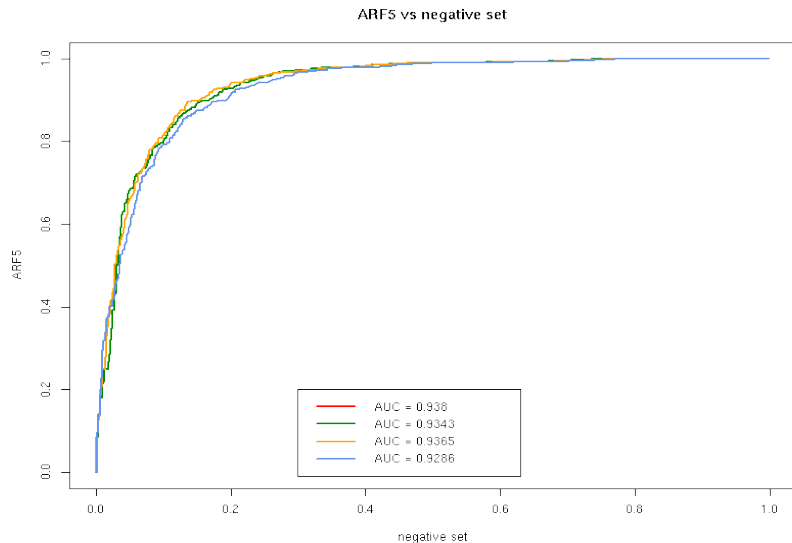


# 1000 first regions of the DAPSeq - ARF5 (first method)



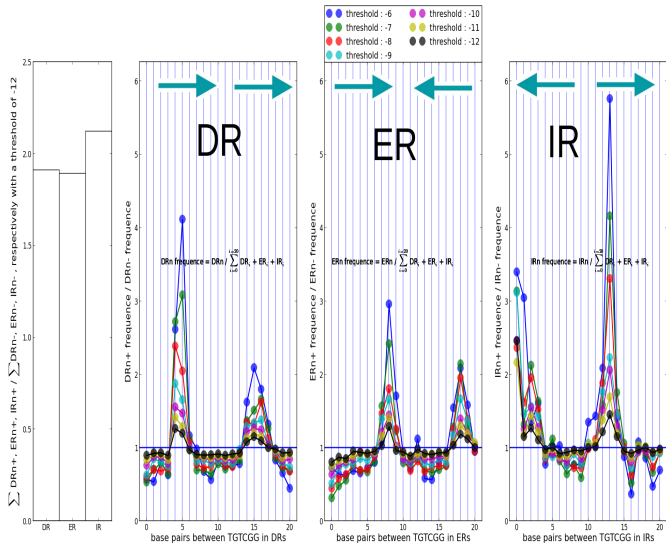


# 1000 first regions of the DAPSeq - ARF5 (second method)



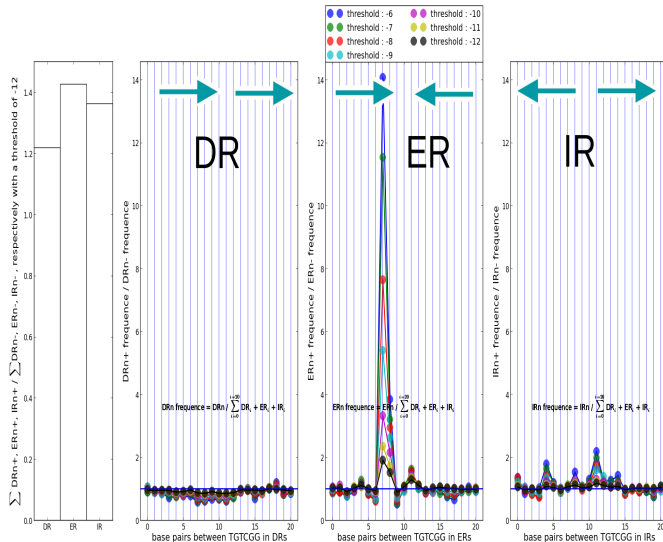
# Predictions vs wet lab

# Comparisons EMSAS DAPSeq - ARF5



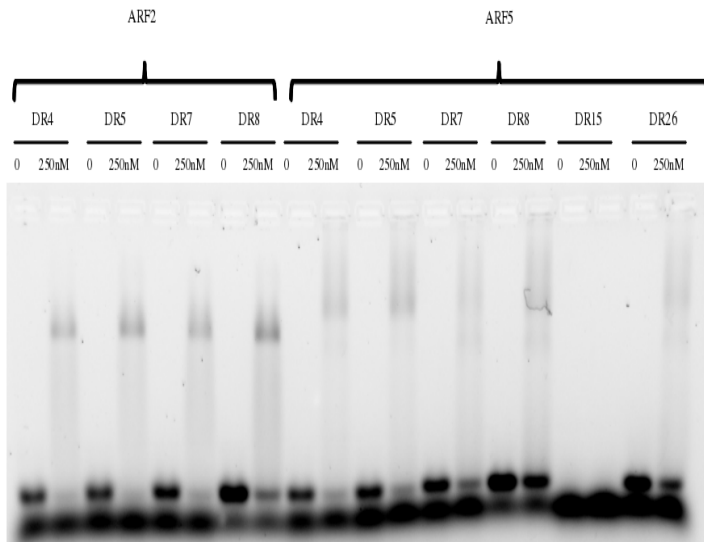
[get\_intendances.py, 'fac', 'ARF5', '-pc', '0.001', '-maxInter', '20', '-th', '-6', '-7', '-8', '-9', '-10', '-11', '-12', '-neg', './sequences/ARF5\_neg1.fas', './sequences/ARF5\_neg2.fas', './sequences/ARF5\_neg3.fas', './sequences/ARF5\_neg4.fas', '-points', 'True', '-sequence\_number', '26659']

# 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

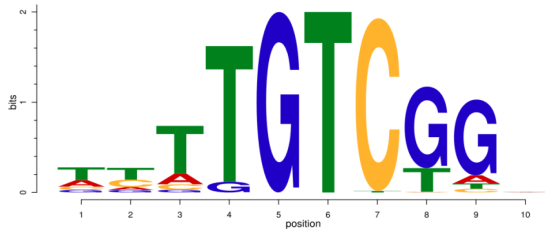
DR0	GTTTGTCTGCGCTGTCGGATTAATTAATTAATTAATTAATA
DR1	GTTTGTCTGCGGATGTCGGATTAATTAATTAATTAATTAAT
DR2	GTTTGTCTGCGGAATGTCGGATTAATTAATTAATTAATTAAT
DR3	GTTTGTCTGCGGAATTGTCGGATTAATTAATTAATTAATAT
DR4	GTTTGTCTGCGGAATTGTCGGATTAATTAATTAATTAATTAATA
DR5	GTTTGTCTGCGGAATTATGTCGGATTAATTAATTAATTAATTAAT
DR6	GTTTGTCTGCGGAATTAAATGTCGGATTAATTAATTAATTAATTAAT
DR7	GTTTGTCTGCGGATTAATTTGTCGGATTAATTAATTAATTAATAT
DR8	GTTTGTCTGCGGATTAATTTTGTCTGCGGATTAATTAATTAATTAATA
DR9	GTTTGTCTGCGGATTAATTAATGTCGGATTAATTAATTAATTAAT
DR10	GTTTGTCTGCGGATTAATTAATTTGTCGGATTAATTAATTAATTAAT
DR11	GTTTGTCTGCGGATTAATTAATTTGTCGGATTAATTAATTAATAT
DR12	GTTTGTCTGCGGATTAATTAATTTTGTCTGCGGATTAATTAATTAATA
DR13	GTTTGTCTGCGGATTAATTAATTAATGTCGGATTAATTAATTAAT
DR14	GTTTGTCTGCGGATTAATTAATTAATTTGTCGGATTAATTAATTAAT
DR15	GTTTGTCTGCGGATTAATTAATTAATTTGTCGGATTAATTAATAT
DR16	GTTTGTCTGCGGATTAATTAATTAATTTTGTCTGCGGATTAATTAATA
DR17	GTTTGTCTGCGGATTAATTAATTAATTAATGTCGGATTAATTAAT
DR18	GTTTGTCTGCGGATTAATTAATTAATTAATTTGTCGGATTAATTAAT
DR19	GTTTGTCTGCGGATTAATTAATTAATTAATTTGTCGGATAT
DR20	GTTTGTCTGCGGATTAATTAATTAATTAATTTTGTCTGCGGATA

# Looking for some DNA features

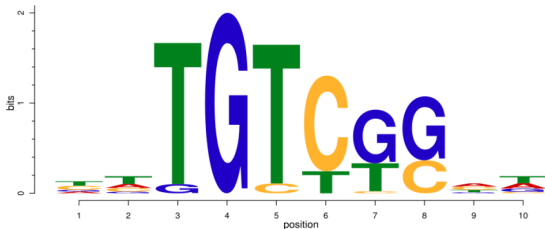
	pos	neg
A	14.1648	13.6238
AA	3.5699	3.4598
AAA	1.2182	1.1603
AAAA	0.45	0.4079
T	12.6375	13.7292
TT	3.2065	3.5429
TTT	1.0938	1.1673
TTTT	0.4076	0.4552
AT	3.6528	3.9219
TA	2.9816	3.3333
AAT	1.1697	1.2244
TTA	0.9269	1.093
ATT	1.1353	1.2566
TAA	0.9331	1.0623
AAAT	0.4467	0.4665
TTTA	0.3589	0.4005
AATT	0.3509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

# Methylation ?

ARF5



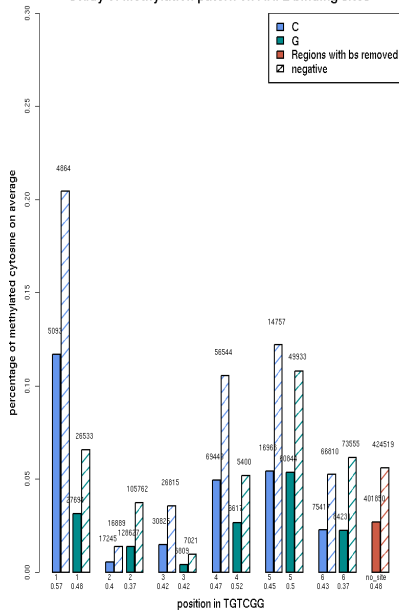
ARF2





# Methylation ?

Study of methylation pattern on ARF2 binding sites



Study of methylation pattern on ARF5 binding sites

