Bibliographie :

**Jaspar 2004** pour les normes de qualités de la base

Sandelin, A., Alkema, W., Engström, P., Wasserman, W. W., & Lenhard, B. (2004). JASPAR: an open‐access database for eukaryotic transcription factor binding profiles. *Nucleic acids research*, *32*(suppl 1), D91-D94.

**Jaspar 2014, Jaspar 2016** pour justifier que Anthony Mathelier a été le pricipal acteur das la construction de la base

Mathelier, A., Zhao, X., Zhang, A. W., Parcy, F., Worsley-Hunt, R., Arenillas, D. J., ... & Lim, J. (2013). JASPAR 2014: an extensively expanded and updated open-access database of transcription factor binding profiles. *Nucleic acids research*, gkt997.

Mathelier, A., Fornes, O., Arenillas, D. J., Chen, C. Y., Denay, G., Lee, J., ... & Zhang, A. W. (2016). JASPAR 2016: a major expansion and update of the open-access database of transcription factor binding profiles. *Nucleic acids research*, *44*(D1), D110-D115.

**Le papier qui intègre la shape aux modèles PWM de Mathelier**, pour justifier qu'il est l'inventeur de modèles innovants :

Mathelier, A., & Wasserman, W. W. (2013). The next generation of transcription factor binding site prediction. *PLoS Comput Biol*, *9*(9), e1003214.

**Omalley pour le DAPSeq**

O’Malley, R. C., Huang, S. S. C., Song, L., Lewsey, M. G., Bartlett, A., Nery, J. R., ... & Ecker, J. R. (2016). Cistrome and epicistrome features shape the regulatory DNA landscape. *Cell*, *165*(5), 1280-1292.

**La revue de Wassermann pour les PWM :**

Wasserman, W. W., & Sandelin, A. (2004). Applied bioinformatics for the identification of regulatory elements. *Nature Reviews Genetics*, *5*(4), 276-287.