

Réunion de projet

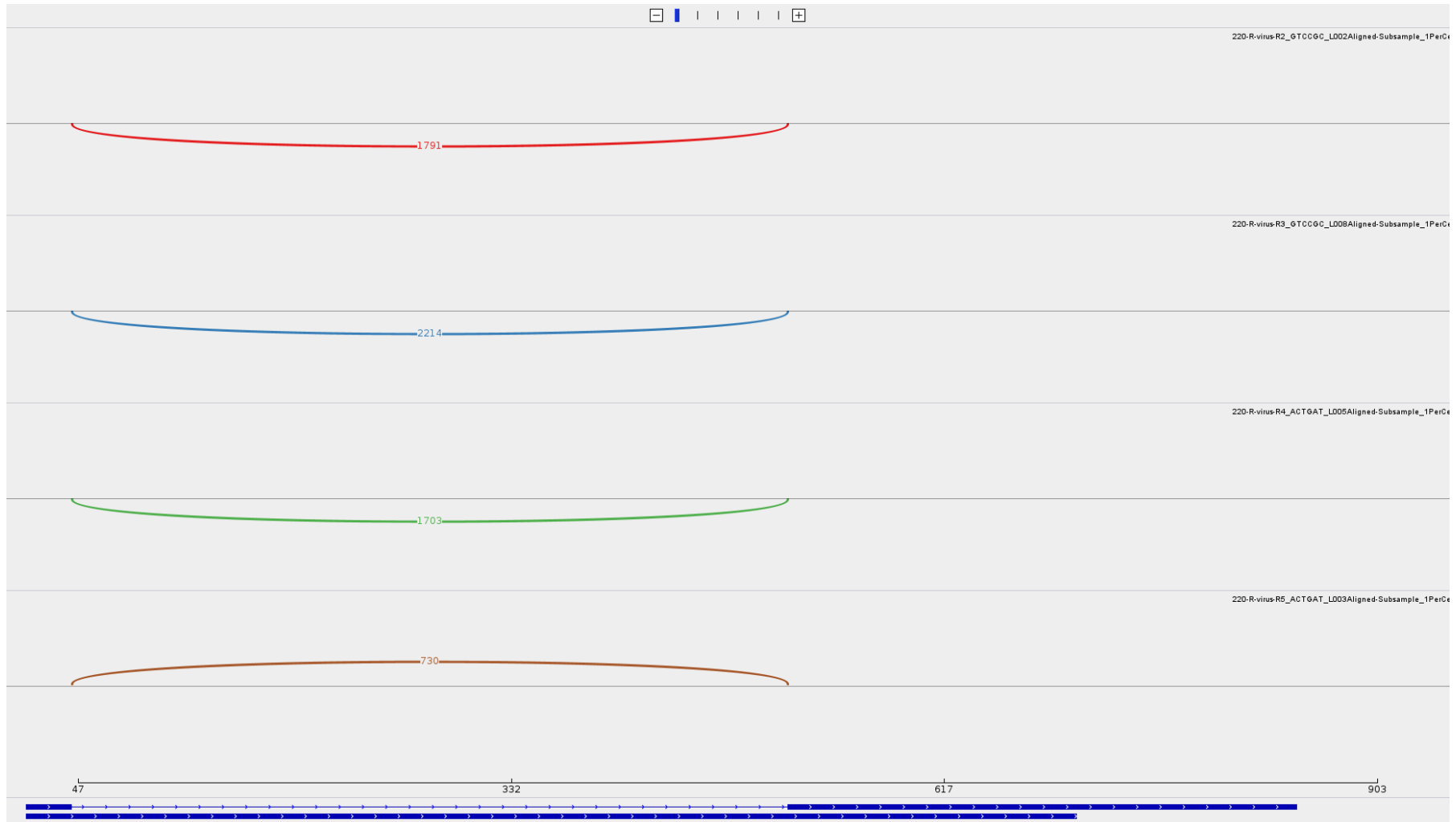
Mise en place d'un pipeline d'annotation des introns
dans les génomes viraux à partir de données RNAseq :
application au virus de la grippe

11 décembre 2017

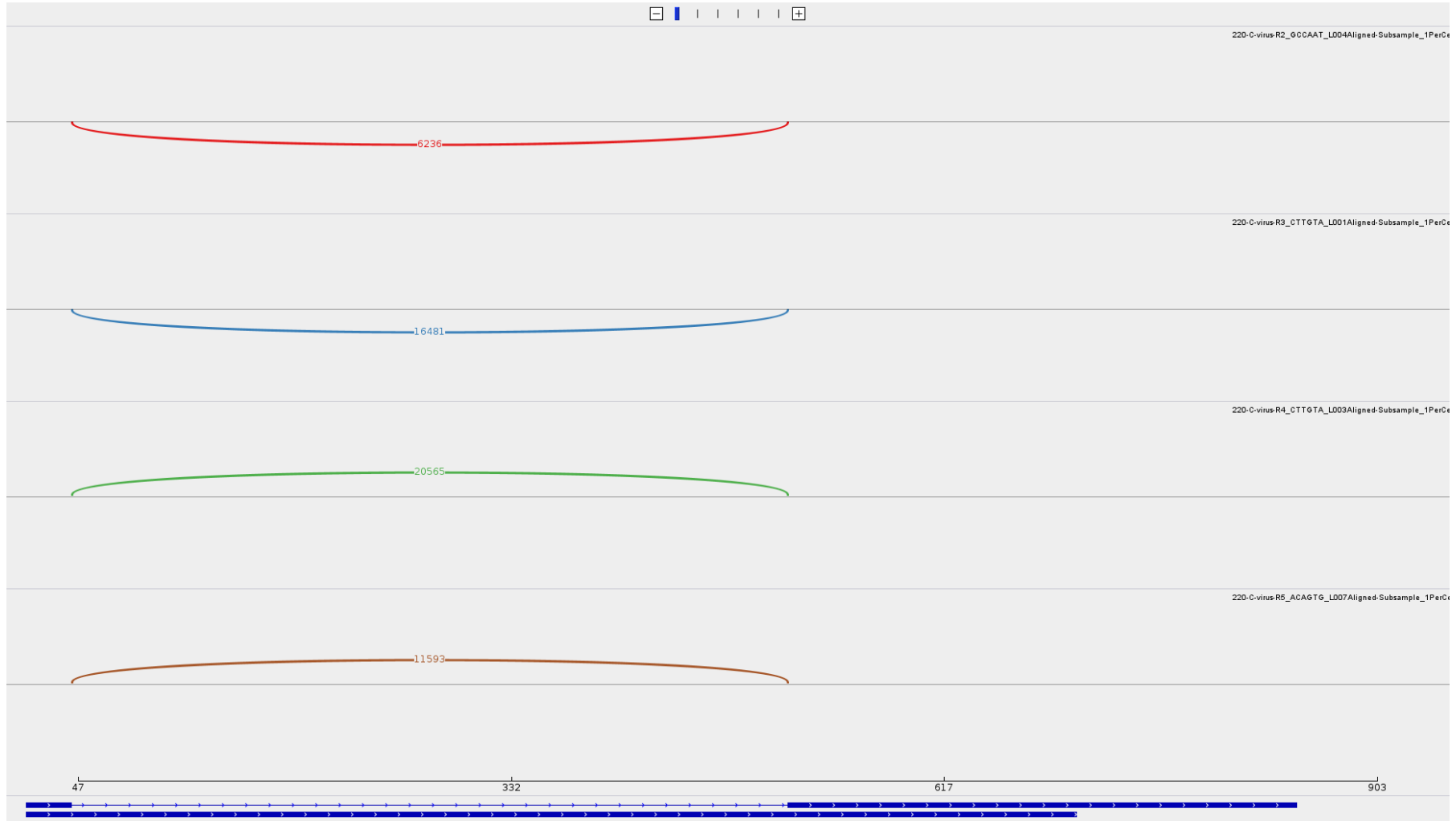
Informations

- Sachimi plot
 - NS1 et NS2
 - Pour chaque réplicat (4 par conditions)
 - Uniquement sur les lignées infectées par le virus
 - Filtré à 50 reads minimum pour les jonctions (éviter les artefacts)

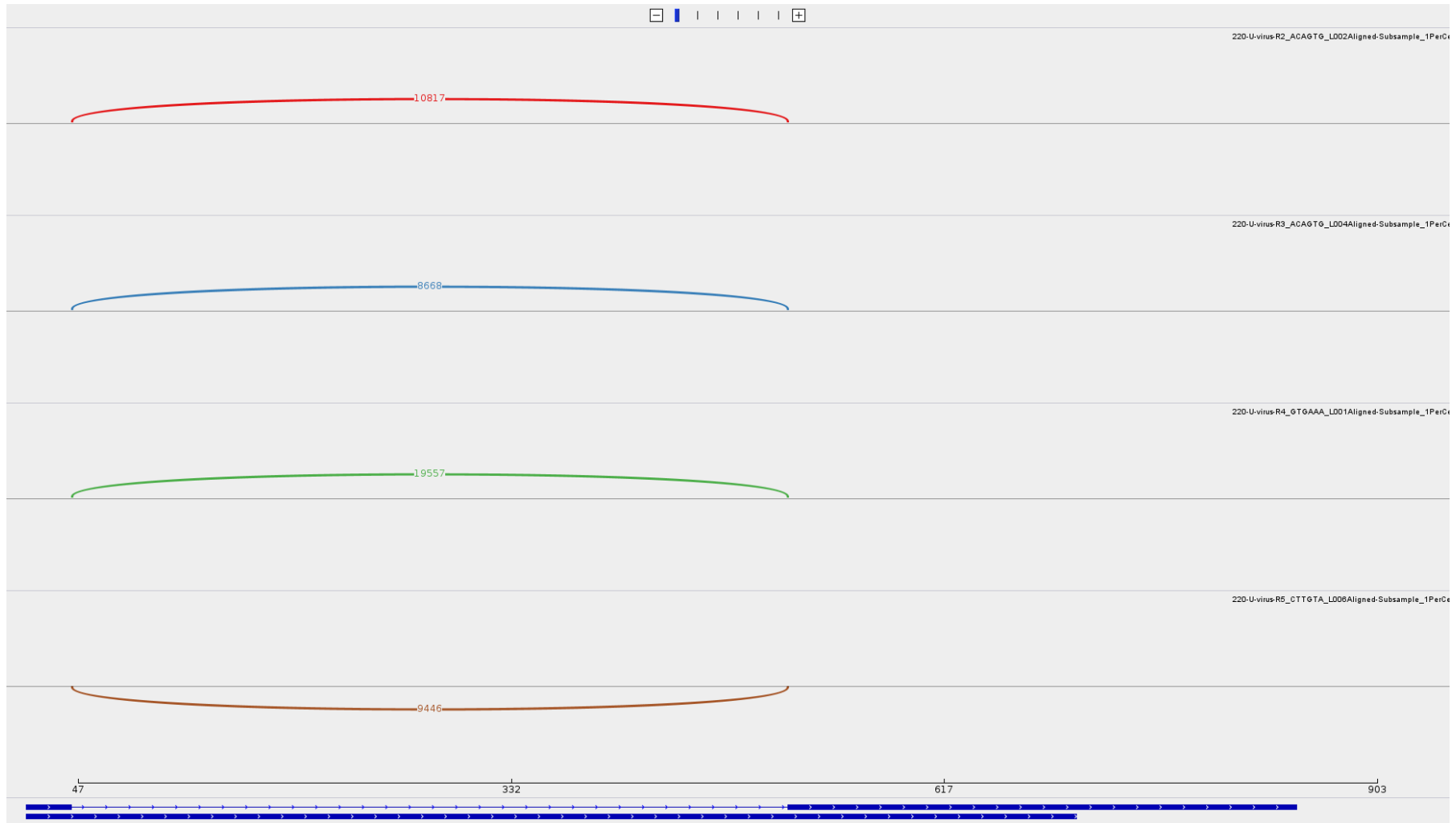
Condition R – siRNA RED-SMU



Condition C – siRNA contrôle



Condition U – contrôle négatif (sans siRNA)



Fixation du seuil de détection

- Procédure:
 - Sous échantillonnage au hasard des .bam pour avoir des « petits » .bam car IGV ne supporte pas les « gros ».
 - Seuil de référence : NS1 et NS2 car déjà annotés.
 - Seuils des autres introns à partir de NS1/NS2
 - Rapporter ces seuils aux .bam originaux
- Procédure à valider ?

A venir

- Filtrer les résultats de sjcount avec ces « nouveaux » seuils
- Récupérer les séquences autour -> MaxEntScan
- Récupérer les séquences des transcrits issus des épissages/des transcrits originaux
- Expressions différentielles entre les transcrits épissés/non épissés selon les 3 conditions -> kissDE
- Optionnel : Séquences logos – analyse protéomique (effet de l'épissage sur la protéine, blast contre base de données protéique)