Analyses bio-infos Laurent Duvermy

Bilan au 26-06-20

Analyse des données de MNase-seq (Toselli et al.) avec DANPOS2

* Files dedup = w/o duplicats PCR
* Recherche des NDRs en appliquant les critères de Soriano et al
* Déterminer les distances aux plus proches TSS et TTS avec HAWK
  + La comparaison NDR vs NDR suggère un possible patterning des NDRs le long du génome. A revisiter. IMPORTANT
  + Produire un graphe indiquant les distances NDRs-TSS et NDRs-TTS et leurs fréquences respectives

Analyse des données de ChIP-seq condensine

* En partant des travaux de Kakui et al.
* Erreur commise avec inversion des Totaux et IP. Recommencer l’analyse dans le bon sens
* Inclure dans l’analyse comparative MNase vs condensin ChIP-seq les données de Sutani et al.
* Inclure dans l’analyse comparative les données Pol II de Sutani et al. (et non de LaRochelle)

**Sutani et al. (cf tableau ci-dessous)**

Cellules bloquées en mitose et traitées pour une ChIP Condensine anti Cut14-PK9 avec anticorps anti Pk, et une ChIP anti RNA Pol II avec anticorps 8WG16. Deux types de contrôles sont disponibles.

ChIP condensine (Cut14-Pk)

Pour la ChIP Cut14-PK, il y a deux contrôles. L’un est la souche non-tagguée (ie sans tag Pk9). L’autre est la souche NLS-GFP-Pk. Ce dernier contrôle consiste en une ChIP anti-Pk réalisée sur des cellules exprimant une protéine de fusion GFP-Pk9 nucléaire qui flotte dans le nucléoplasme. Ce contrôle permet d’identifier les sites chromatiniens collant où n’importe quelle protéine nucléaire pourrait se lier aspécifiquement.

Les vrais signaux ChIP Cut14-PK sont donc identifiés en comparant [IP Cut14-Pk/Input Cut14-Pk] avec [IP no-tag /Input no-tag] et aussi avec [IP NLS-GFP-Pk/Input NLS-GFP-Pk]. Seuls les pics présents dans l’IP Cut14-Pk et absents dans les deux autres ChIPs contrôles sont validés.

Je souhaite donc avoir les quatre listes de pics détectés par MACS2

Pics Cut14-PK9 réplicats 1 et 2, Pics Notag et Pics NLS-GFP

Pour la comparaison Pics Condensine vs NDRs, il s’agira de prendre la population de pics communs aux deux réplicats Cut14-Pk9 et absents des deux contrôles (no tag et NLS-GFP-PK).

ChIP RNA Pol II

Ici, il n’y a pas de contrôle no-tag car l’anticorps utilisé (8WG16) reconnait la protéine native Pol II. Il s’agira d’identifier les pics par comparaison IP/Input

Data sets Sutani et al.

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Data sets | Lien | Type | INPUT ou IP | Séquençage |
| **Data set 1** | [**SRX691442**](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/SRX691442%5baccn%5d)**: S\_pombe\_NLS-GFP-PK\_ChIP\_input\_mitosis** | Control de spécificité (CHIP contre une protéine GFP-Pk nucléaire nucléosoluble. Control de spécificité pour les CHIP condensin-Pk | Input | Illumina |
| [**SRX691441**](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/SRX691441%5baccn%5d)**: S\_pombe\_NLS-GFP-PK\_ChIP\_mitosis** | Control de spécificité (CHIP contre une protéine nucléaire nucléosoluble) | IP | Illumina |
| **Data set 2** | [**SRX687805**](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/SRX687805%5baccn%5d)**: no\_tag\_ strain\_ChIP\_input\_mitosis** | Control de bruit de fond pour les ChIP anti-PK. Une ChIP avec un anti-PK est réalisée sur de la chromatine dépourvue de tag Pk9 | Input | AB SOLiD 3 Plus System |
| [**SRX685977**](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/SRX685977%5baccn%5d)**: no\_tag\_strain\_ChIP\_mitosis** | Control de bruit de fond pour les ChIP anti-PK | IP | AB SOLiD 3 Plus System |
| **Data set 3** | [**SRX691444**](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/SRX691444%5baccn%5d)**: S\_pombe\_RNApol2\_ChIP\_input\_mitosis** | ChIP RNA Pol II | Input | AB SOLiD 3 Plus System |
| [**SRX691443**](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/SRX691443%5baccn%5d)**: S\_pombe\_ RNApol2\_ChIP\_mitosis** | ChIP RNA Pol II | IP | AB SOLiD 3 Plus System |
| **Data set 4** | [**SRX674032**](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/SRX674032%5baccn%5d)**: S\_pombe\_Cut14-PK\_ChIP\_mitosis\_1** | ChIP condensin (Cut14-PK) IP anti-PK | IP replicat 1 | AB SOLiD 3 Plus System |
| [**SRX674033**](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/SRX674033%5baccn%5d)**: S\_pombe\_Cut14-PK\_ChIP\_input\_mitosis\_1** | ChIP condensin (Cut14-PK) IP anti-PK | Input replicat 1 | AB SOLiD 3 Plus System |
| **Data set 5** | [**SRX674035**](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/SRX674035%5baccn%5d)**: S\_pombe\_Cut14-PK\_ChIP\_mitosis\_2** | ChIP condensin (Cut14-PK) IP anti-PK | IP replicat 2 | AB SOLiD 3 Plus System |
| [**SRX674037**](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/SRX674037%5baccn%5d)**: S\_pombe\_Cut14-PK\_ChIP\_input\_mitosis\_2** | ChIP condensin (Cut14-PK) IP anti-PK | Input replicat 2 | AB SOLiD 3 Plus System |

**Analyses HAWK à réaliser**

1. Condensin peaks vs NDRs [Kakui+Sutani vs Toselli]
2. Condensin peaks vs Pol II peaks in wt [Kakui+Sutani vs Sutani Pol II]
3. NDRs vs Pol II in wt [Toselli vs Sutani Pol II]
4. Déterminer les distances séparant les NDRs des plus proches TSS et TTS

**rDNA**

Analyser les nucléosomes, Condensine et Pol II de la même façon aux répétition du rDNA.

Deux gff3 construits correspondant aux extrémités séquencés gauche et droite du Chr3 portant les rDNA.

Un schémas explicatif au format ppt