

Tablas proteómica y ChIPseq

Jueves, Julio 13, 2023 12:28 CEST



Claudia crodriguez@cbm.csic.es

Para

Inés García Ortiz

Cc

Claudio Toma jose lucas Miriam Martínez

Hola Inés,

Te paso:

- Tabla proteómica: habría que categorizar según la columna R isDifferential_(MUT_vs_WT) en DATA y establecer los siguientes grupos para hacer el GO analysis:

- HIGHER_IN_WT
- HIGHER_IN_MUT
- NOT_SIGNIFICANT+NOT_DIFFERENTIAL
- Todos (salvo NOT_INTERACTOR)

Te añado una columna (S) marcando genes de citoesqueleto y ribosoma (1) que se podrían quitar, ya que pueden ser falsos positivos por el tipo de experimento. Quizás se puede hacer un análisis con todos los genes, y otro quitando estos a ver si sale más limpio.

- Tabla ChIPseq: 3 hojas:

- Pausing_index: lista de los genes pausados en el modelo animal (columna R=FC_mean). Como primera aproximación cogería los filtros FC_mean>1000 (los top pausados) y/o opposite=0 (cuando el pausing index va en el mismo sentido en los dos experimentos independientes que se han hecho), o el cut-off que veas más conveniente para tener suficientes genes.
- Ser2P_gene: lista de los genes con déficit de elongación de la polimerasa en el modelo animal (columna D=FC_SER2P_GENE). También se pueden hacer sublistas de los top pausados, por ejemplo he visto el mayor solapamiento con esclerosis múltiple aplicando el método hipergeométrico para los genes con FC_SER2P_GENE<0.7.
- Oligodendrocyte_markers: las listas más generales son las columnas A y M; en las columnas D, G y J hay subpoblaciones de oligodendrocitos. El FC adyacente a cada lista te permite filtrar por los top de la categoría si fuera necesario, aunque a priori probaría con las listas completas más generales.

Cualquier cosa me vas diciendo, o por mail o me acerco a vuestro despacho.

Muchas gracias!!

Claudia