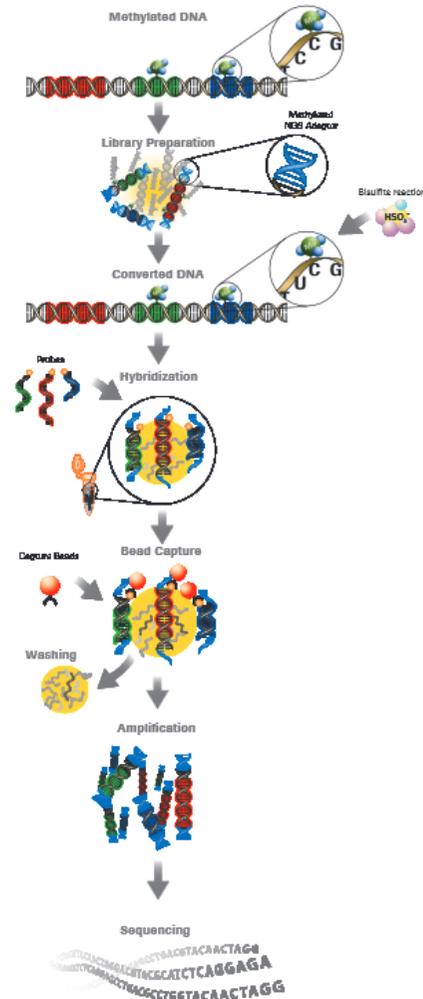


SeqCap Epi System (Roche Nimblegen)



Design comparison

Platform	Customizable	Target Size	DNA Input	Strand Coverage
SeqCap Epi CpGiant	No	80.5 Mb	1 µg	Both
SeqCap Epi Choice	Yes	up to 90 Mb	1 µg	Both
SeqCap Epi Developer	Yes	up to 210 Mb	1 µg	Both

Target : 10 Mb, 2000 gènes sur Medicago, 441 régions génomiques

3 stades de dvpt nodulaires (N) ou racinaires (R), 3 repet bio

WGBS à ~10X n'a pas permis de détecter de différences de méthylation (1 seule repet)

Library	nb of mapped read-pairs	nb of read-pairs mapped in a captured region	% read-pairs mapped in a captured region	average coverage for captured regions
N6R1	14 023 449	7 324 770	52.20%	204.6
N14R1	10 023 228	5 456 781	54.44%	152.4
R6R1	12 413 040	7 771 149	62.60%	217.1
N6R2	15 291 276	13 225 652	86.49%	369.5
N6R3	11 062 634	8 781 082	79.30%	245
R6R2	14 493 883	11 289 811	77.89%	315.4
R4R3	15 805 974	11 562 541	73.15%	323
R14R1	12 220 215	6 321 704	51.73%	176.6
NTB	5 735 591	2 912 892	50.00%	81.3
N4R3	5 216 898	3 684 988	70.64%	103

Des milliers de différences de méthylations observées (CpG, CHG et CHH), dont ~900 à proximité des gènes d'intérêt identifiés par capture laser/RNAseq

Analyses de méthylations sur PacBio

Objet de l'étude : étudier des différences de méthylation sur des souches évoluées de *Ralstonia solanacearum* à partir de séquençage PacBio

2 souches : souche ancestrale + souche évoluée

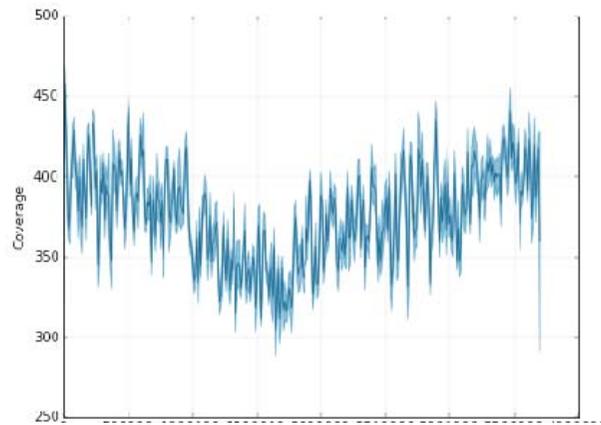
3 SMRTcells/souche

Type de méthylations détectable « en direct » sur PacBio :

- ✓ 6mA @50X
- ✓ 4mC @50X
- ✓ 5mC @500X

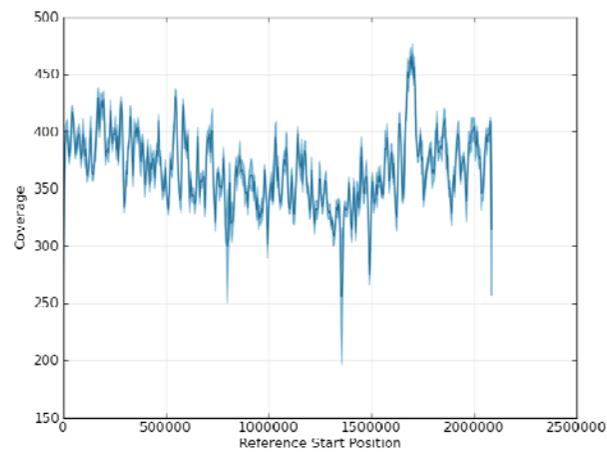
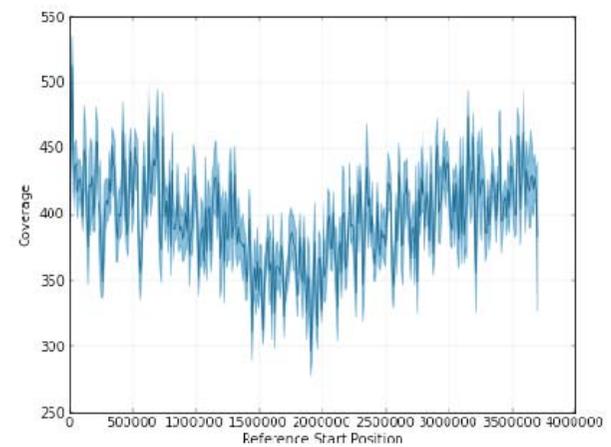
Couverture

Souche ancestrale

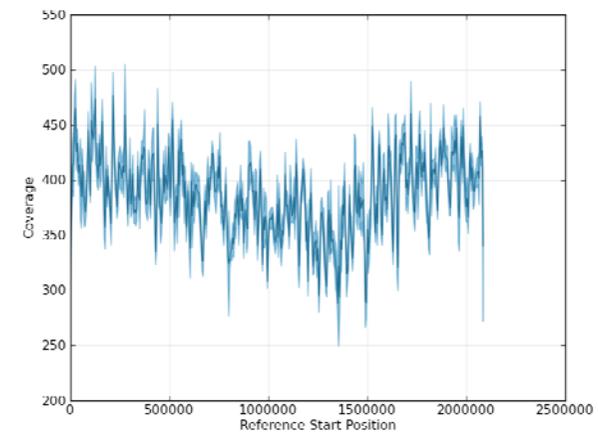


Chromosome

Souche évoluée



Plasmide

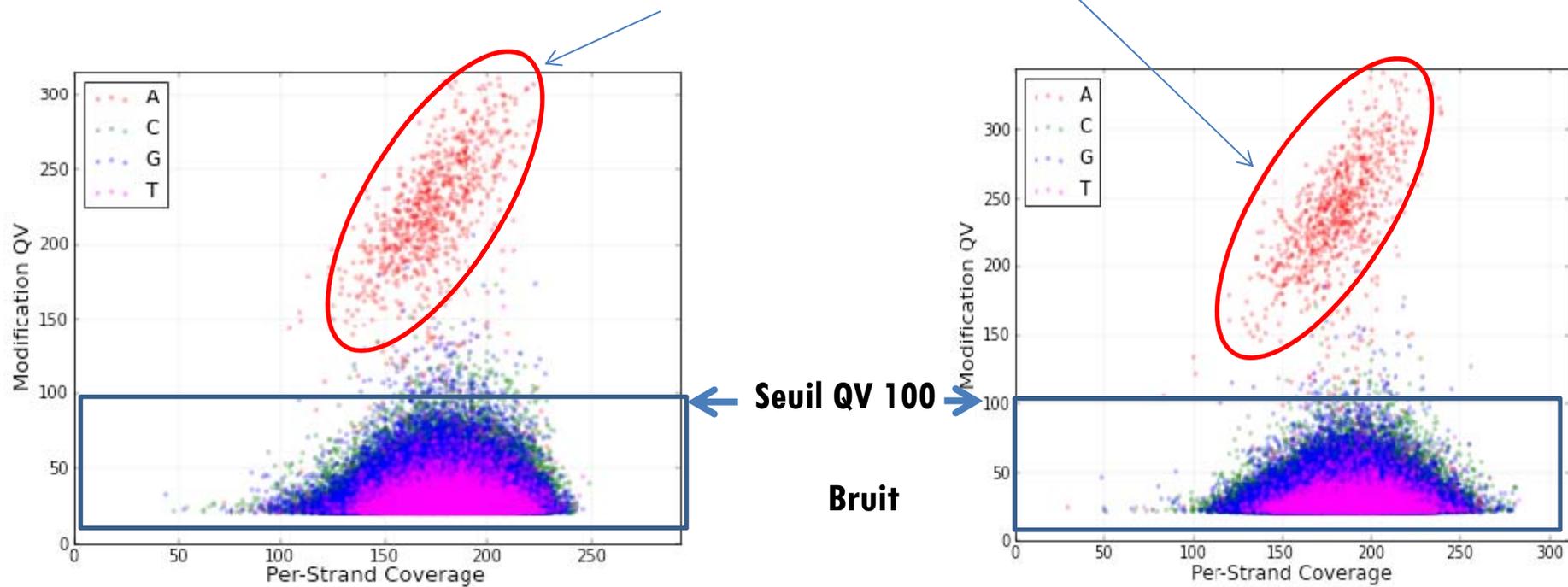


Modifications

Souche ancestrale

Souche évoluée

Signal méthylation m6A



Résultats préliminaires

Motif m6A : GTWWAC

784 motifs GTWWAC dans le génome

>98% des m6A avec une méthylation pour un QV de 100

>98% m6A -> classique pour les bactéries

L'analyse primaire révèle que :

- ✓ **Le motif GTWWAC est associé avec 99,2% de 6mA**
- ✓ **Le motif GCCGGC est associé avec 33.2% de 4mC**
- ✓ **5mC difficile à voir en PacBio**

~100 marques de méthylations différentes ont été identifiées entre le clone ancestral et le clone évolué, dans des gènes ou des régions intergéniques, incluant de nombreux gènes régulateurs