Criterios de Decisión

## Selección patrones A,B,C y D:

A partir de los *datos correlacionados* he hecho el cálculo de :

* La media de las expresiones del gen en las 30 líneas celulares
* nSup=El número de observaciones con metilación inferior a 0.5 y expresión superior a la media (si dividimos el scatter plot en 4 partes en función de la media de la expresión y del valor de metilación de 0.5, esta suma correspondería a las observaciones en el cuadrante superior izquierdo)
* nInf=El número de observaciones en el cuadrante inferior derecho (Metilación superior a 0.5 y expresión inferior a la media

**Criterio de selección:**

* nSup>3 y
* nInf>3 y
* que no cumplan patrones con observaciones en una banda , por lo tanto que :
  + el máximo de metilación > 0.25 o
  + la diferencia entre el máximo y el mínimo de la metilación sea superior a 0.4

## Selección patrones L:

A partir de los *datos no correlacionados* he hecho el cálculo de :

* La media de las expresiones del gen en las 30 líneas celulares
* nSup=El número de observaciones con metilación superior a 0.1 y expresión superior a la media (si dividimos el scatter plot en 4 partes en función de la media de la expresión y del valor de metilación de 0.1, esta suma correspondería a las observaciones en el cuadrante superior derecho)
* n10=El número de observaciones con metilación inferior a 0.1
* mas10= El número de observaciones con metilación superior a 0.1

**Criterio de selección:**

* nSup < 2
* n10>10 y
* mas10 > 10 y
* que no cumplan patrones con observaciones en una banda , por lo tanto que :
  + el máximo de metilación > 0.6 o
  + la diferencia entre el máximo y el mínimo de la metilación sea superior a 0.4