

Fraction of G4FS in the genomic feature

Genomic feature	G4H1	G4H1.2	G4H1.5	G4H1.75	G4H2	QP37	QP312	QP27	Global Background
Prom	2,76	3,50	4,66	5,62	6,49	6,80	6,16	2,81	1,24
CDS	2,42	2,57	2,40	2,09	1,72	2,03	2,76	2,63	1,21
UTR5p	1,02	1,27	1,53	1,65	1,73	1,98	2,04	1,06	0,35
UTR3p	1,57	1,81	2,08	2,21	2,22	2,24	2,29	1,44	1,09
Intron_unique	1,70	1,81	1,92	1,99	2,02	1,99	2,00	1,70	1,41
Intron_1	16,21	16,86	17,80	18,37	18,58	18,52	18,40	16,57	14,31
Intron_last	5,89	5,99	6,10	6,07	5,88	6,04	6,13	6,01	5,48
Intron_other	28,10	28,21	28,38	28,32	27,89	28,17	28,30	28,63	27,64
Exon_unique	0,22	0,25	0,26	0,26	0,25	0,30	0,32	0,24	0,13
Exon_1	1,18	1,47	1,78	1,90	1,93	2,27	2,40	1,28	0,39
Exon_last	2,08	2,36	2,62	2,69	2,65	2,77	2,95	2,02	1,42
Exon_other	1,74	1,79	1,60	1,35	1,08	1,20	1,72	1,83	0,92
Intron_unique_j_ei	0,05	0,06	0,09	0,11	0,12	0,14	0,13	0,05	0,01
Intron_1_j_ei	0,48	0,65	0,89	1,05	1,12	1,40	1,37	0,48	0,12
Intron_last_j_ei	0,26	0,32	0,40	0,44	0,44	0,53	0,53	0,25	0,10
Intron_other_j_ei	1,23	1,49	1,82	1,99	2,00	2,48	2,49	1,14	0,52
Intron_unique_j_ie	0,03	0,04	0,04	0,04	0,05	0,04	0,05	0,03	0,01
Intron_1_j_ie	0,27	0,32	0,36	0,38	0,36	0,40	0,45	0,24	0,12
Intron_last_j_ie	0,24	0,28	0,33	0,33	0,33	0,34	0,39	0,21	0,10
Intron_other_j_ie	1,15	1,35	1,54	1,58	1,46	1,68	1,92	1,01	0,52
intergennoP	50,48	48,87	46,73	45,57	45,43	44,35	44,46	49,18	54,96
intergen	51,80	50,56	49,06	48,47	48,89	47,92	47,57	50,53	55,54

Enrichment vs global background

Genomic feature	G4H1	G4H1.2	G4H1.5	G4H1.75	G4H2	QP37	QP312	QP27
Prom	2,2	2,8	3,8	4,5	5,2	5,5	5,0	2,3
CDS	2,0	2,1	2,0	1,7	1,4	1,7	2,3	2,2
UTR5p	2,9	3,6	4,4	4,7	5,0	5,7	5,9	3,1
UTR3p	1,4	1,7	1,9	2,0	2,0	2,0	2,1	1,3
Intron_unique	1,2	1,3	1,4	1,4	1,4	1,4	1,4	1,2
Intron_1	1,1	1,2	1,2	1,3	1,3	1,3	1,3	1,2
Intron_last	1,1	1,1	1,1	1,1	1,1	1,1	1,1	1,1
Intron_other	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0
Exon_unique	1,7	1,9	2,0	2,0	1,9	2,3	2,5	1,9
Exon_1	3,0	3,8	4,5	4,8	4,9	5,8	6,1	3,3
Exon_last	1,5	1,7	1,8	1,9	1,9	2,0	2,1	1,4
Exon_other	1,9	2,0	1,7	1,5	1,2	1,3	1,9	2,0
Intron_unique_j_ei	4,1	5,4	7,4	9,0	9,7	12,0	10,8	4,1
Intron_1_j_ei	4,1	5,5	7,6	8,9	9,6	11,9	11,7	4,1
Intron_last_j_ei	2,5	3,1	3,8	4,2	4,2	5,0	5,1	2,3
Intron_other_j_ei	2,4	2,9	3,5	3,8	3,8	4,8	4,8	2,2
Intron_unique_j_ie	2,6	3,2	3,4	3,7	4,0	3,9	4,3	2,4
Intron_1_j_ie	2,4	2,8	3,2	3,3	3,2	3,4	3,9	2,1
Intron_last_j_ie	2,4	2,8	3,3	3,3	3,3	3,4	3,9	2,1
Intron_other_j_ie	2,2	2,6	3,0	3,0	2,8	3,2	3,7	1,9
intergennoP	0,9	0,9	0,9	0,8	0,8	0,8	0,8	0,9
intergen	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9

Mean for 1000 resampling

Genomic feature	G4H1	G4H1.2	G4H1.5	G4H1.75	G4H2	QP37	QP312	QP27
Prom	1,4	1,4	1,5	1,5	1,5	1,5	1,5	1,4
CDS	1,6	1,6	1,6	1,6	1,6	1,6	1,7	1,5
UTR5p	0,45	0,46	0,47	0,47	0,47	0,47	0,49	0,43
UTR3p	1,2	1,2	1,2	1,3	1,3	1,3	1,3	1,2
Intron_unique	1,4	1,5	1,5	1,5	1,5	1,5	1,5	1,5
Intron_1	15	15	15	15	15	15	15	15
Intron_last	5,6	5,7	5,7	5,7	5,7	5,7	5,8	5,7
Intron_other	28	28	28	28	28	28	28	28
Exon_unique	0,14	0,14	0,14	0,14	0,14	0,14	0,15	0,14
Exon_1	0,47	0,47	0,48	0,49	0,49	0,49	0,5	0,46
Exon_last	1,6	1,6	1,6	1,6	1,6	1,7	1,7	1,6
Exon_other	1,2	1,2	1,3	1,3	1,3	1,2	1,3	1,2
Intron_unique_j_ei	0,017	0,018	0,018	0,018	0,018	0,018	0,019	0,016
Intron_1_j_ei	0,17	0,17	0,18	0,18	0,18	0,17	0,19	0,16
Intron_last_j_ei	0,15	0,16	0,16	0,16	0,16	0,16	0,17	0,14
Intron_other_j_ei	0,75	0,76	0,77	0,77	0,77	0,76	0,81	0,7
Intron_unique_j_ie	0,016	0,017	0,017	0,017	0,017	0,017	0,018	0,015
Intron_1_j_ie	0,17	0,17	0,17	0,17	0,17	0,17	0,18	0,16
Intron_last_j_ie	0,15	0,15	0,15	0,15	0,15	0,15	0,16	0,14
Intron_other_j_ie	0,75	0,76	0,77	0,78	0,77	0,76	0,81	0,7
intergennoP	54	54	54	54	54	53	53	54
intergen	55	54	54	54	54	54	54	54

sd for 1000 resampling

	G4H1	G4H1.2	G4H1.5	G4H1.75	G4H2	QP37	QP312	QP27
Prom	0,0043	0,0063	0,0099	0,014	0,021	0,021	0,014	0,0041
CDS	0,0048	0,0067	0,011	0,015	0,022	0,021	0,015	0,0041
UTR5p	0,0025	0,0035	0,0056	0,0082	0,012	0,011	0,0083	0,0022
UTR3p	0,0041	0,0056	0,009	0,013	0,019	0,019	0,014	0,0037
Intron_unique	0,0046	0,0061	0,01	0,015	0,021	0,02	0,014	0,0038
Intron_1	0,013	0,019	0,03	0,044	0,063	0,061	0,042	0,012
Intron_last	0,0084	0,012	0,018	0,027	0,04	0,04	0,027	0,0079
Intron_other	0,017	0,023	0,038	0,053	0,081	0,077	0,054	0,016
Exon_unique	0,0014	0,002	0,0032	0,0045	0,0065	0,0063	0,0045	0,0013
Exon_1	0,0026	0,0035	0,0057	0,0085	0,012	0,012	0,0088	0,0023
Exon_last	0,0046	0,0066	0,01	0,014	0,022	0,021	0,015	0,0042
Exon_other	0,0041	0,006	0,0092	0,013	0,019	0,018	0,013	0,0036
Intron_unique_j_ei	0,0005	0,00071	0,0011	0,0016	0,0023	0,0022	0,0016	0,00044
Intron_1_j_ei	0,0016	0,0022	0,0036	0,0049	0,0072	0,0069	0,0052	0,0013
Intron_last_j_ei	0,0014	0,002	0,0034	0,0048	0,0069	0,0066	0,0048	0,0013
Intron_other_j_ei	0,0031	0,0047	0,0072	0,011	0,015	0,015	0,011	0,0028
Intron_unique_j_ie	0,00048	0,00069	0,001	0,0015	0,0022	0,0021	0,0016	0,00042
Intron_1_j_ie	0,0016	0,0022	0,0035	0,005	0,0069	0,0071	0,005	0,0013
Intron_last_j_ie	0,0014	0,0021	0,0032	0,0047	0,0067	0,0064	0,0049	0,0013
Intron_other_j_ie	0,0032	0,0045	0,0072	0,01	0,016	0,014	0,011	0,0029
intergennoP	0,019	0,026	0,041	0,059	0,089	0,086	0,059	0,017
intergen	0,019	0,026	0,041	0,059	0,089	0,086	0,058	0,017

Enrichment vs resampled background

Genomic feature	G4H1	G4H1.2	G4H1.5	G4H1.75	G4H2	QP37	QP312	QP27
Prom	2,0	2,5	3,1	3,7	4,3	4,5	4,1	2,0
CDS	1,5	1,6	1,5	1,3	1,1	1,3	1,6	1,8
UTR5p	2,3	2,8	3,3	3,5	3,7	4,2	4,2	2,5
UTR3p	1,3	1,5	1,7	1,7	1,7	1,7	1,8	1,2
Intron_unique	1,2	1,2	1,3	1,3	1,3	1,3	1,3	1,1
Intron_1	1,1	1,1	1,2	1,2	1,2	1,2	1,2	1,1
Intron_last	1,1	1,1	1,1	1,1	1,0	1,1	1,1	1,1
Intron_other	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0
Exon_unique	1,6	1,8	1,9	1,8	1,8	2,1	2,2	1,7
Exon_1	2,5	3,1	3,7	3,9	3,9	4,6	4,8	2,8
Exon_last	1,3	1,5	1,6	1,7	1,7	1,6	1,7	1,3
Exon_other	1,5	1,5	1,2	1,0	0,8	1,0	1,3	1,5
Intron_unique_j_ei	2,9	3,6	4,9	5,9	6,4	7,9	6,8	3,0
Intron_1_j_ei	2,8	3,8	4,9	5,8	6,2	8,2	7,2	3,0
Intron_last_j_ei	1,8	2,0	2,5	2,7	2,7	3,3	3,1	1,8
Intron_other_j_ei	1,6	2,0	2,4	2,6	2,6	3,3	3,1	1,6
Intron_unique_j_ie	1,9	2,1	2,3	2,4	2,7	2,6	2,7	1,8
Intron_1_j_ie	1,6	1,9	2,1	2,2	2,1	2,3	2,5	1,5
Intron_last_j_ie	1,6	1,9	2,2	2,2	2,2	2,3	2,4	1,5
Intron_other_j_ie	1,5	1,8	2,0	2,0	1,9	2,2	2,4	1,4
intergennoP	0,9	0,9	0,9	0,8	0,8	0,8	0,8	0,9
intergen	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9

p-value by resampling

* means <1/1000

Genomic feature	G4H1	G4H1.2	G4H1.5	G4H1.75	G4H2	QP37	QP312	QP27
Prom	*	*	*	*	*	*	*	*
CDS	*	*	*	*	*	*	*	*
UTR5p	*	*	*	*	*	*	*	*
UTR3p	*	*	*	*	*	*	*	*
Intron_unique	*	*	*	*	*	*	*	*
Intron_1	*	*	*	*	*	*	*	*
Intron_last	*	*	*	*	*	*	*	*
Intron_other	1	0,944	0,041	0,319	1	0,92	0,934	*
Exon_unique	*	*	*	*	*	*	*	*
Exon_1	*	*	*	*	*	*	*	*
Exon_last	*	*	*	*	*	*	*	*
Exon_other	*	*	*	*	1	0,981	*	*
Intron_unique_j_ei	*	*	*	*	*	*	*	*
Intron_1_j_ei	*	*	*	*	*	*	*	*
Intron_last_j_ei	*	*	*	*	*	*	*	*
Intron_other_j_ei	*	*	*	*	*	*	*	*
Intron_unique_j_ie	*	*	*	*	*	*	*	*
Intron_1_j_ie	*	*	*	*	*	*	*	*
Intron_last_j_ie	*	*	*	*	*	*	*	*
Intron_other_j_ie	*	*	*	*	*	*	*	*
intergennoP	1	1	1	1	1	1	1	1
intergen	1	1	1	1	1	1	1	1