

# Transcription vs Metilation

Lucas Michel Todó

October 12, 2017

## Contents

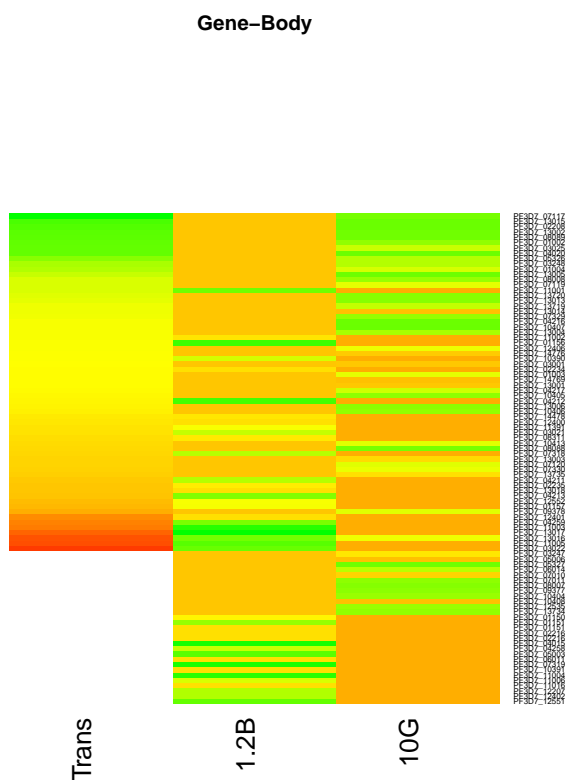
<b>1</b>	<b>Generalitats</b>	<b>2</b>
<b>2</b>	<b>Heatmaps Percentatge de Coverage</b>	<b>2</b>
2.1	Gene-body . . . . .	2
2.2	TSS . . . . .	3
2.3	Gene + TSS . . . . .	4
2.4	TTS . . . . .	5
2.5	TSS+Gene+TTS . . . . .	6
<b>3</b>	<b>Heatmaps Coverage</b>	<b>7</b>
3.1	Coverage Gene Body . . . . .	7
3.2	Coverage 5' . . . . .	8
3.3	Coverage Gene Body + 5' . . . . .	9
3.4	Coverage 3' . . . . .	10
3.5	Diferència de Coverage, filtrat per diferència de transcripció . . .	11
3.6	Diferència de Coverage a 5', filtrat per diferència de transcripció	12
3.7	Diferència de Coverage a genebody, filtrat per diferència de transcripció . . . . .	13
3.8	Diferència de Coverage 5'genebody, filtrat per diferència de transcripció . . . . .	14
3.9	Diferència de Coverage a 3', filtrat per diferència de transcripció	15
3.10	Diferència de Coverage, filtrat per diferència de metilació . . . .	16
<b>4</b>	<b>Coverage a pics diferencials</b>	<b>17</b>
4.1	Heatmaps . . . . .	17
4.2	Diferència de Metilació . . . . .	18
<b>5</b>	<b>Multiple-regression Model</b>	<b>19</b>

## 1 Generalitats

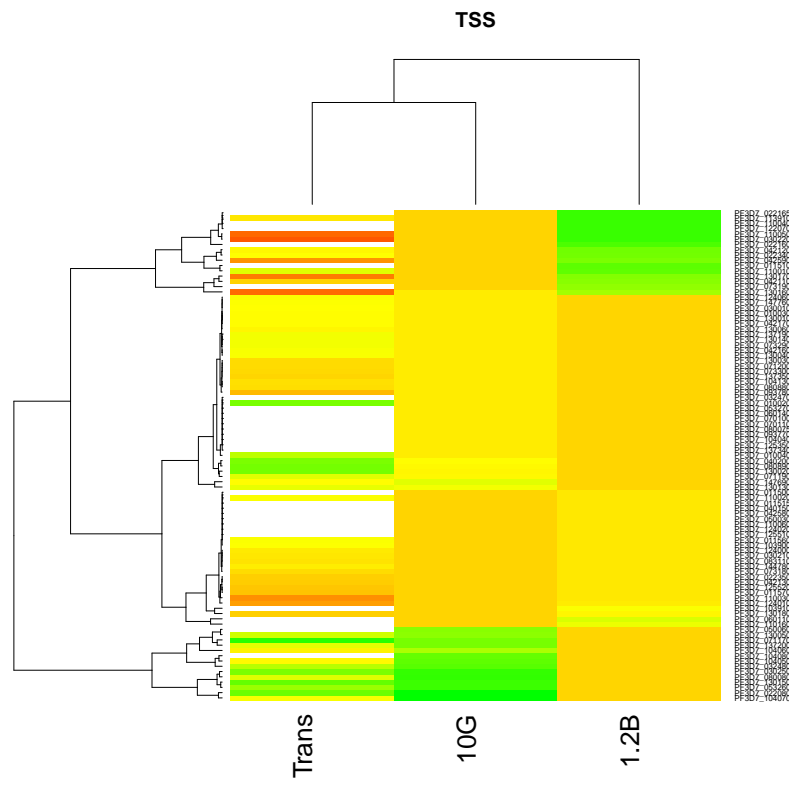
En tots els gràfics la columna de més a l'esquerra correspon als valors de diferència de transcripció (1.2B - 10G). Les columnes següents corresponen a algun paràmetre relacionat amb la metilació (percentatge del gen metilat, coverage mitjà...). En alguns casos hi ha valor de metilació per a 1.2B i per a 10G i en altres una sola columna que correspon a la diferència de metilació.

## 2 Heatmaps Percentatge de Coverge

### 2.1 Gene-body

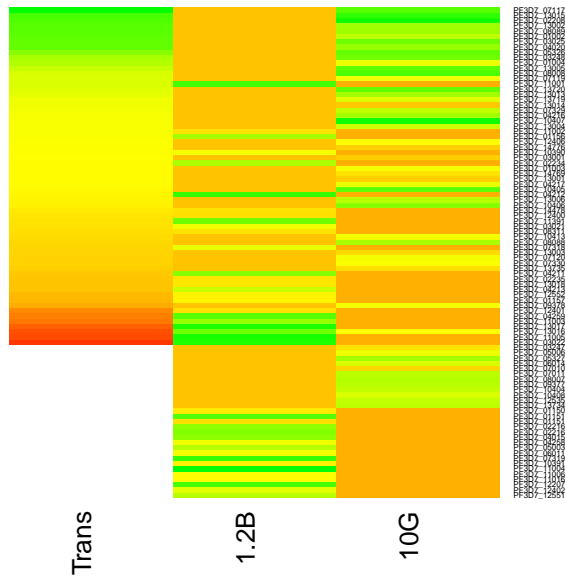


## 2.2 TSS



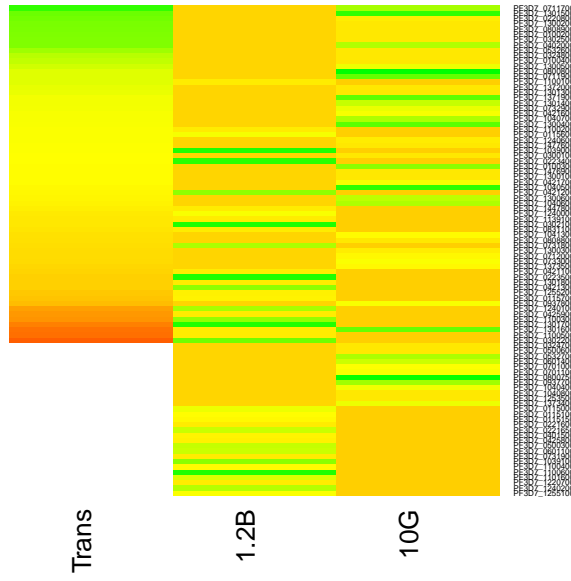
## 2.3 Gene + TSS

Gene-Body + TSS

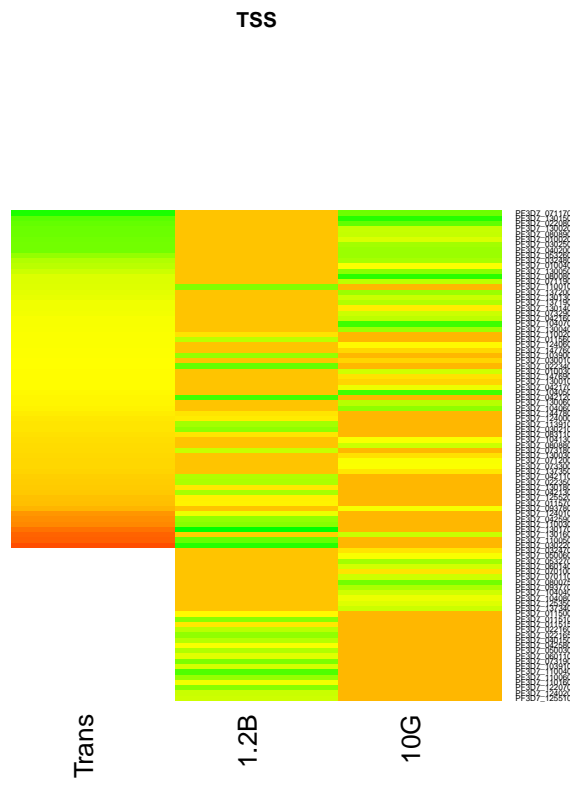


## 2.4 TTS

TSS



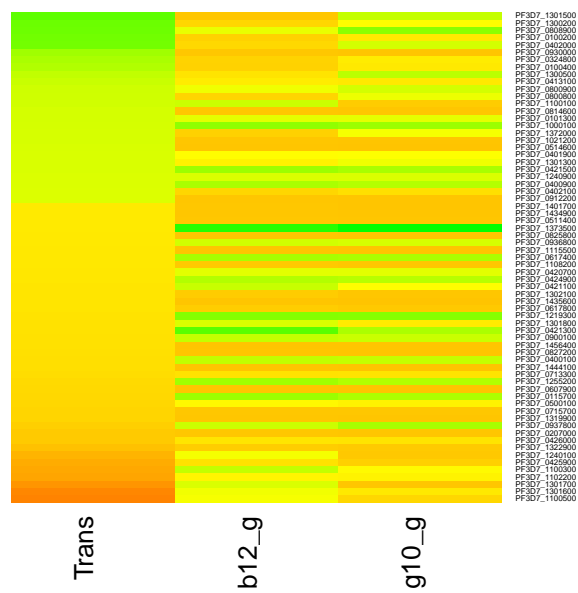
## 2.5 TSS+Gene+TTS



## 3 Heatmaps Coverage

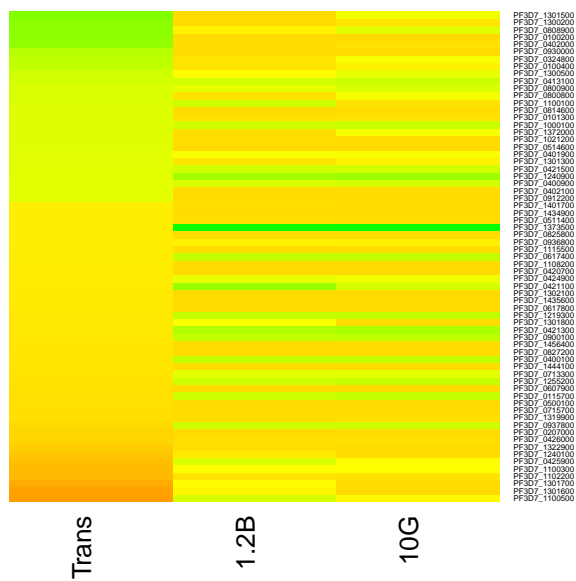
### 3.1 Coverage Gene Body

Gene Coverage



### 3.2 Coverage 5'

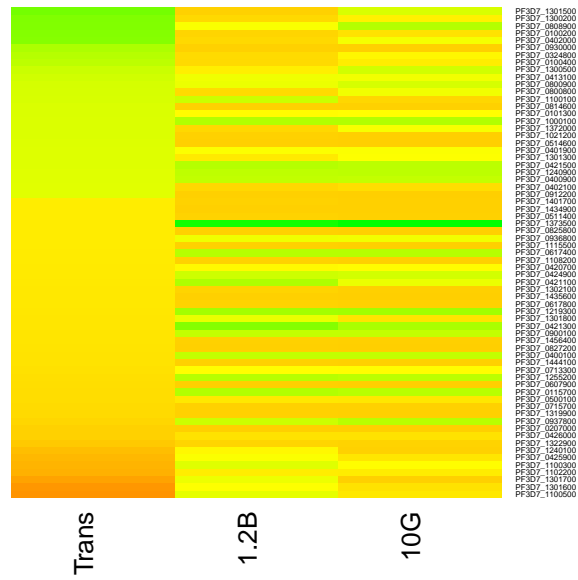
Coverage 5'





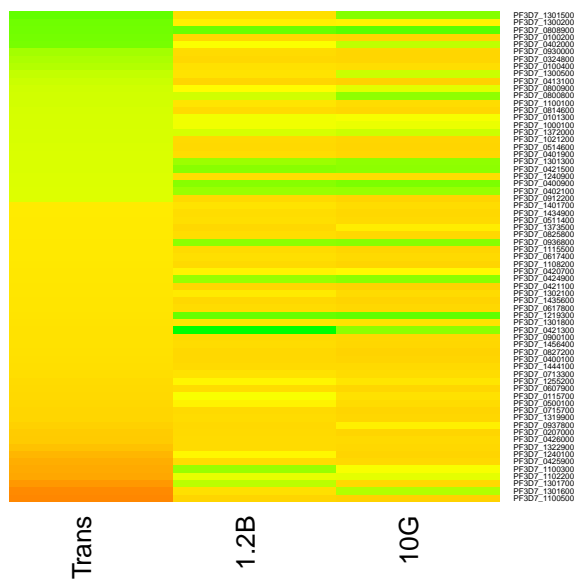
### 3.3 Coverage Gene Body + 5'

Coverage Gene Body + 5'



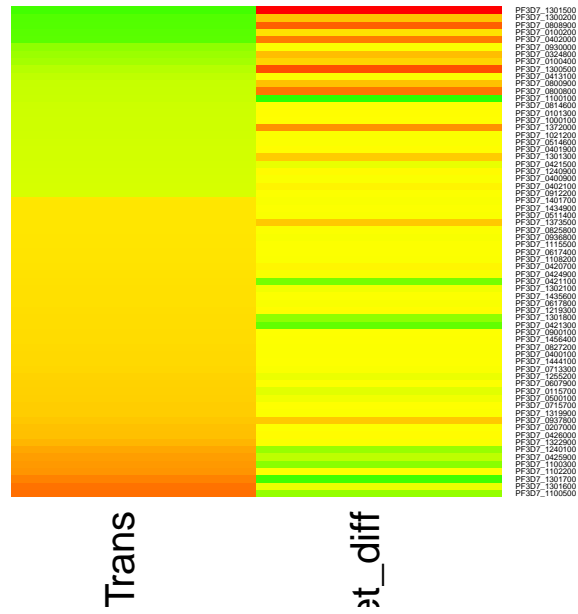
### 3.4 Coverage 3'

Coverage 3'



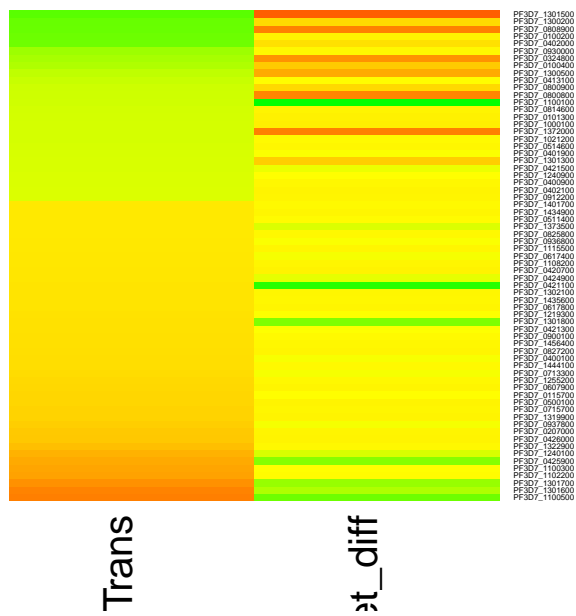
### 3.5 Diferència de Coverage, filtrat per diferència de transcripció

Diferència de Coverage



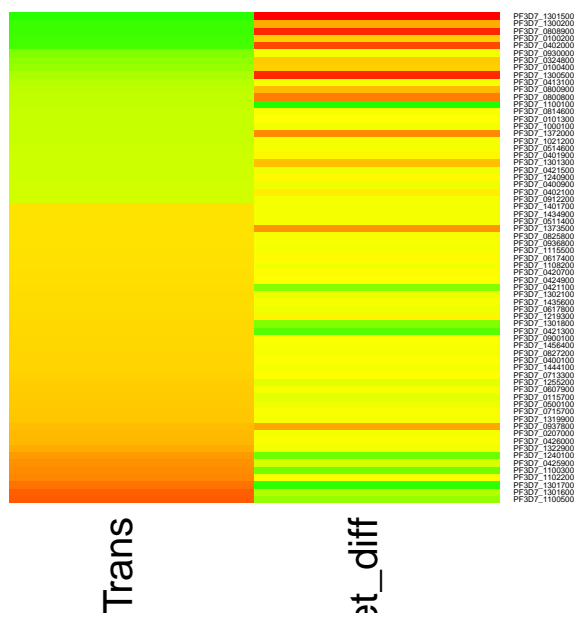
### 3.6 Diferència de Coverage a 5', filtrat per diferència de transcripció

Diferència de Coverage a 5'



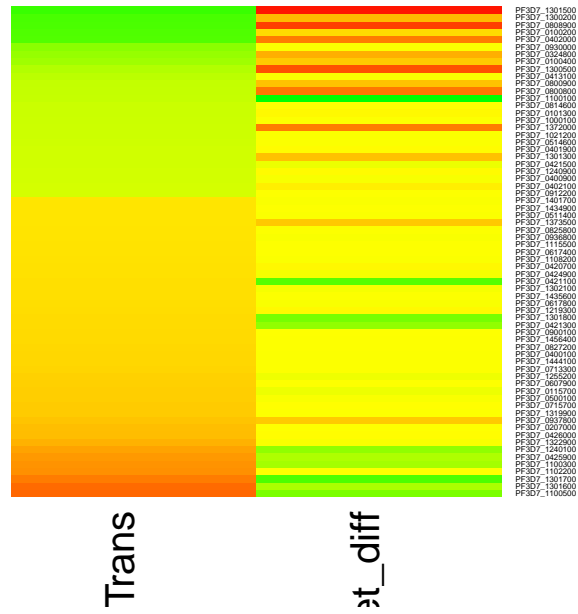
### 3.7 Diferència de Coverage a genebody, filtrat per diferència de transcripció

Diferència de Coverage a gene-body



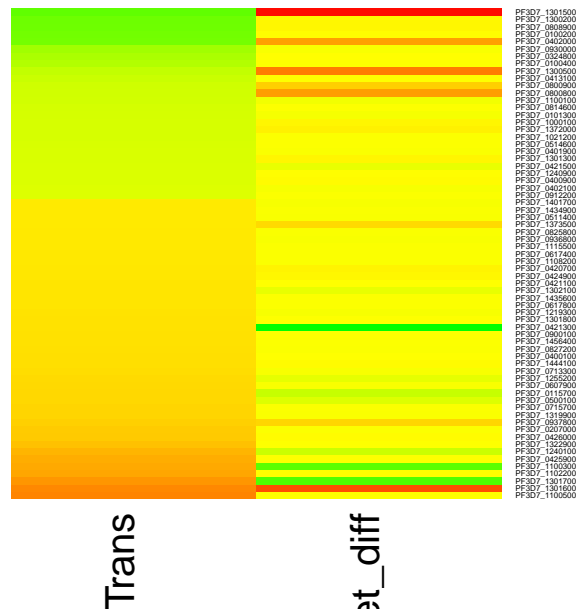
### 3.8 Diferència de Coverage 5'genebody, filtrat per diferència de transcripció

Diferència de Coverage 5'+Gene\_body

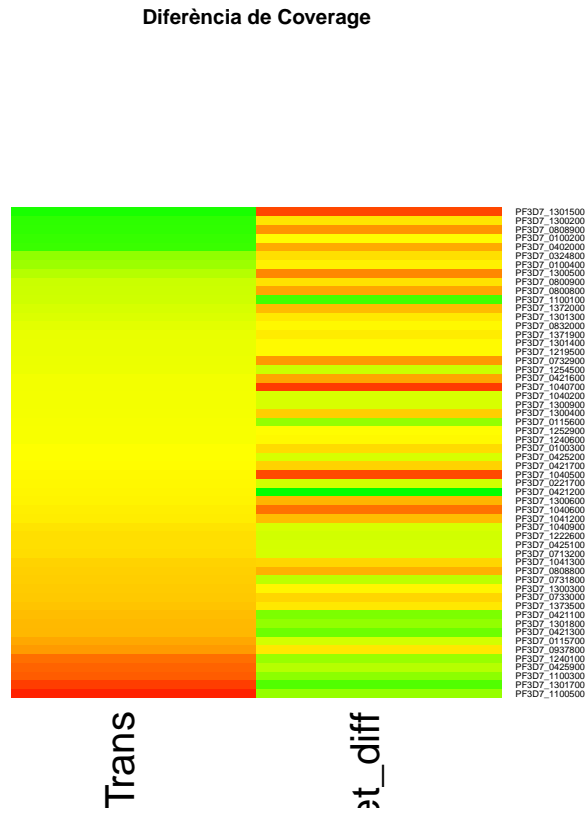


### 3.9 Diferència de Coverage a 3', filtrat per diferència de transcripció

Diferència de Coverage a 3'



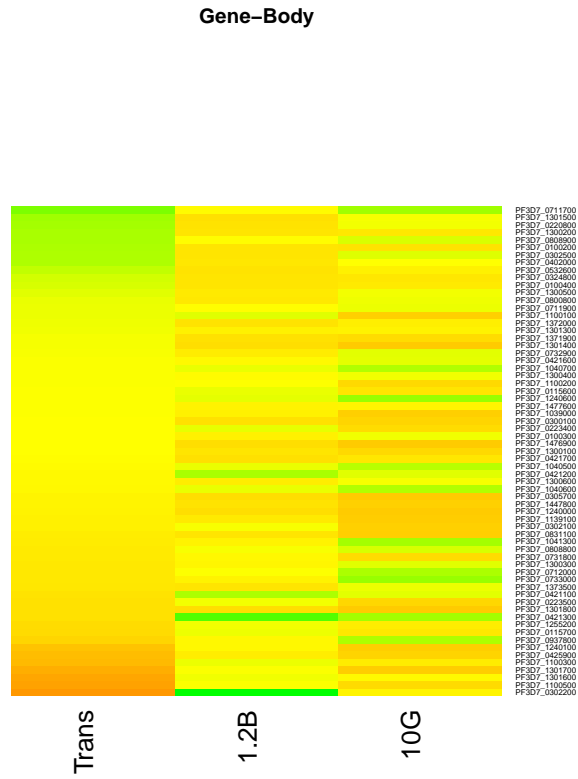
### 3.10 Diferència de Coverage, filtrat per diferència de metil·lació



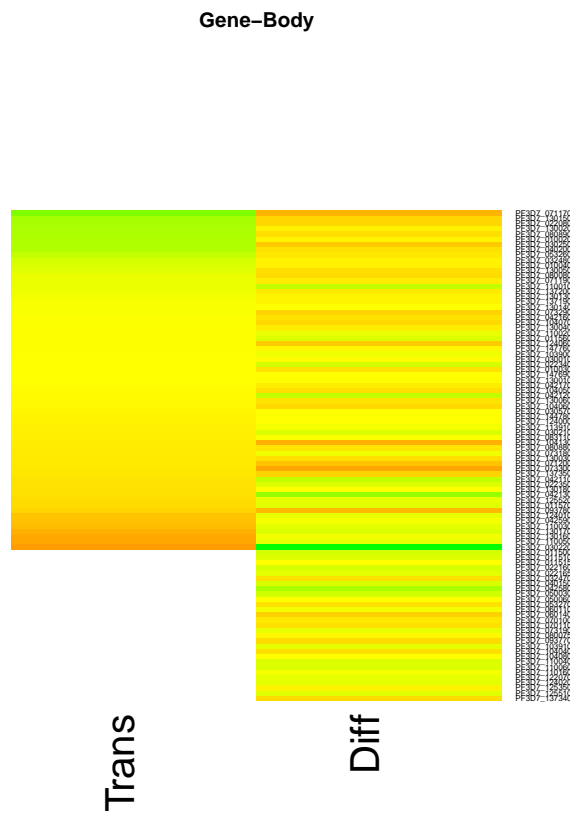


## 4 Coverage a pics diferenciais

### 4.1 Heatmaps



## 4.2 Diferència de Metilació



## 5 Multiple-regression Model

```
## Error in '[<-.data.frame'('*tmp*', "10G_cov", value = c(219.498997996,  
: replacement has 94 rows, data has 93  
## Error in '[<-.data.frame'('*tmp*', "1.2B_cov", value = c(95.9679358717,  
: replacement has 94 rows, data has 93  
## Error in model.frame.default(formula = met_cov_df$Trans ~ met_cov_df$'10G'  
+ : invalid type (NULL) for variable 'met_cov_df$'10G_cov''  
## Error in model.frame.default(formula = met_cov_df$Trans ~ met_cov_df$'10G'  
+ : invalid type (NULL) for variable 'met_cov_df$'10G_cov''  
## Error in model.frame.default(formula = met_cov_df$Trans ~ met_cov_df$'1.2B'  
+ : invalid type (NULL) for variable 'met_cov_df$'1.2B_cov''  
## Error in fitted(fit_all): object 'fit_all' not found  
## Error in fitted(fit_10G): object 'fit_10G' not found  
## Error in fitted(fit_12B): object 'fit_12B' not found  
## Error in plot(fit_all_df): object 'fit_all_df' not found  
## Error in plot(fit_10G_df): object 'fit_10G_df' not found  
## Error in plot(fit_12B_df): object 'fit_12B_df' not found  
## Error in rownames(fit_all_df) <- met_cov_df$id: object 'fit_all_df'  
not found  
## Error in as.matrix(fit_all_df): object 'fit_all_df' not found
```