

Transcription vs Metilation

Lucas Michel Todó

October 12, 2017

Contents

1	Generalitats	2
2	Heatmaps Percentatge de Coverage	3
2.1	TSS+Gene+TTS	3
3	Heatmaps Coverage	4
3.1	Coverage Gene Body + 5'	4
3.2	Diferència de Coverage, filtrat per diferència de transcripció . . .	5
3.3	Diferència de Coverage, filtrat per diferència de metilació	6
4	Coverage a pics diferencials	7
4.1	Coverage a pics diferencials	7
4.2	Diferència de coverage a pics diferencials	8
5	Resta de gràfics	9
6	Percentatge de metilació	9
6.1	Gene-body	9
6.2	TSS	10
6.3	Gene + TSS	11
6.4	TTS	12
7	Coverage	13
7.1	Coverage Gene Body	13
7.2	Coverage 5'	14
7.3	Coverage 3'	15
8	Diferència de coverage	16
8.1	Diferència de Coverage a 5', filtrat per diferència de transcripció	16
8.2	Diferència de Coverage a genebody, filtrat per diferència de transcripció	17
8.3	Diferència de Coverage 5'genebody, filtrat per diferència de transcripció	18
8.4	Diferència de Coverage a 3', filtrat per diferència de transcripció	19

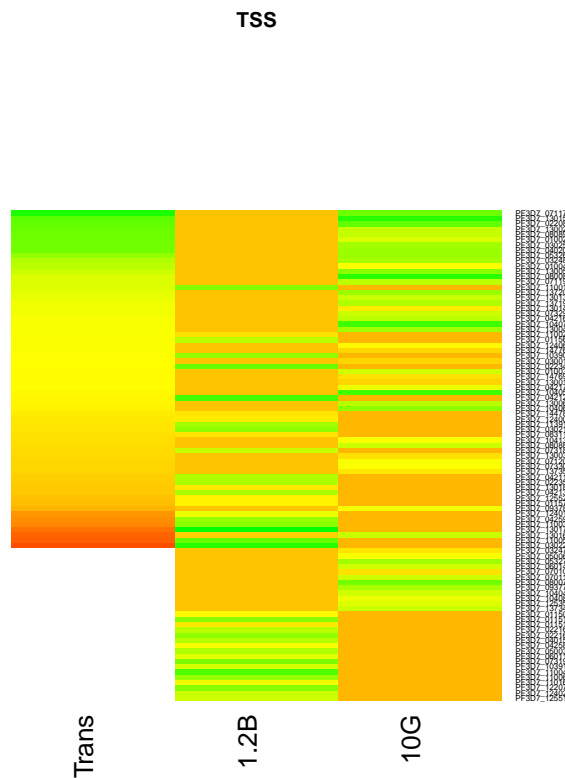
1 Generalitats

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. Per a cada tipus de gràfic se n'han fet diversos tenint en compte la metilació a tres zones diferents: TSS, gene-body i TTS. Per a cada tipus de gràfic he posat el més representatiu a tall d'exemple. Al final del document hi ha tota la resta de gràfics.

2 Heatmaps Percentatge de Coverage

En aquest gràfic els valors corresponents a les columnes 1.2B i 10G corresponen al percentatge del gen cobert en pics diferencials. Per a obtenir aquests valors s'han unificat les dues llistes de pics diferencials anotats. Tant per a 1.2B com a 10G els gens que corresponen a "pics de l'altra llista" tenen valors de 0.

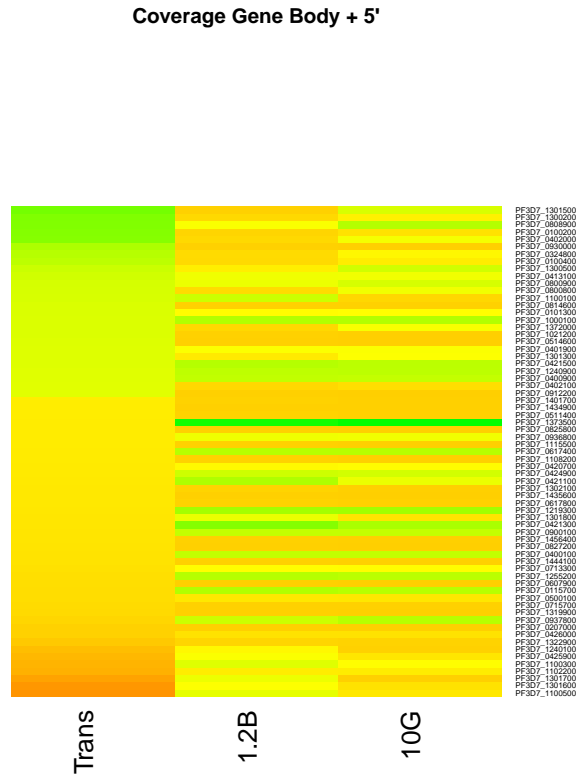
2.1 TSS+Gene+TTS



3 Heatmaps Coverage

En aquests gràfics el valors de les columnes 1.2B i 10G corresponen al valor de coverage de cada gen. El coverage s'ha calculat per a tots els gens i s'ha "normalitzat" tant per nombre de reads (per a compensar el fet que els alineaments amb més reads tenen més coverage en general) com pel tamany del gen (per compensar el fet que els gens més llargs tenen més reads). Els gens que es mostren al gràfic estan filtrats: només apareixen aquells que tenen una diferència de transcripció (primera columna) major a 0.7 (en valor absolut).

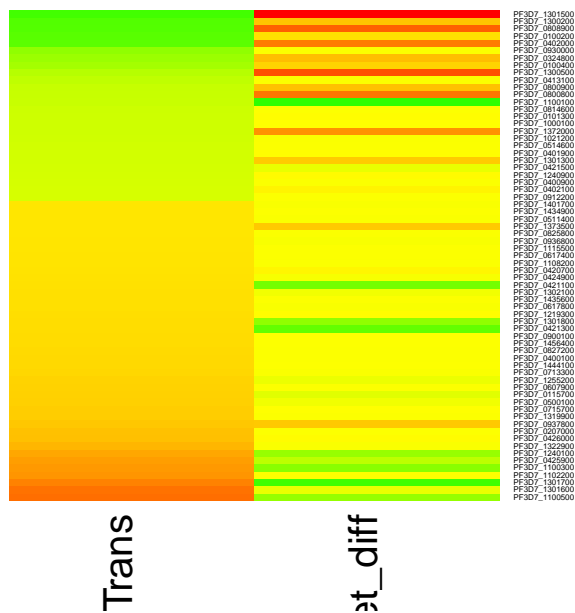
3.1 Coverage Gene Body + 5'



3.2 Diferència de Coverage, filtrat per diferència de transcripció

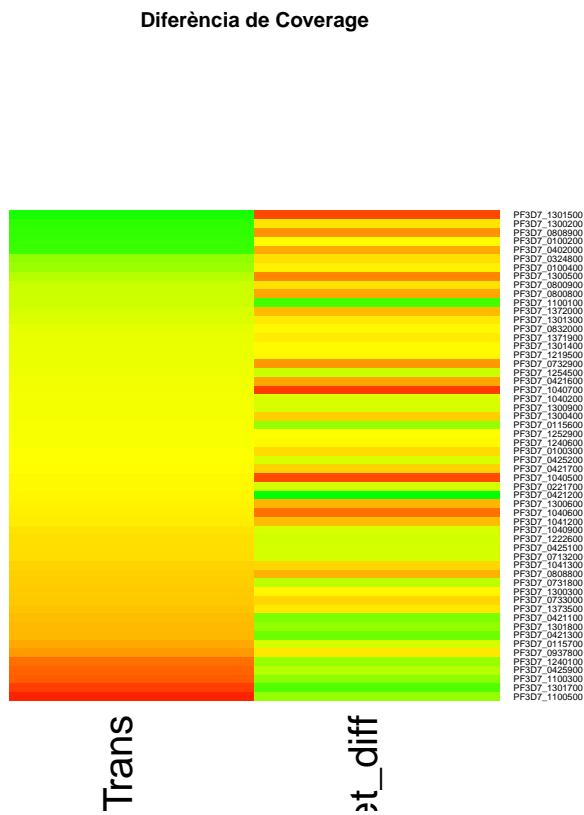
En aquests gràfics hi ha una sola columna corresponent a metilació que correspon a diferència de coverage. Aquesta diferència és simplement la resta (1.2B - 10G) dels valors obtinguts en l'apartat anterior.

Diferència de Coverage



Aquest gràfic és el mateix que l'anterior però en comptes de filtrar per valors de transcripció els gens que hi apareixen estan filtrats per valors de metil·lació. Els gens que apareixen al gràfic són aquells en què la diferència de metil·lació (segona columna) és superior a 20 (en valor absolut).

3.3 Diferència de Coverage, filtrat per diferència de metil·lació

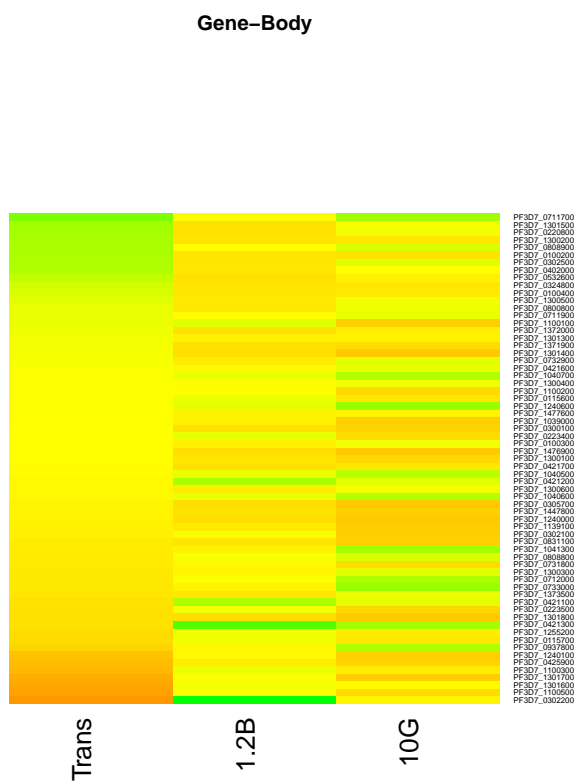


4 Coverage a pics diferencials

En aquests gràfics s'ha calculat el coverage mitjà de la mateixa manera que en els anteriors, però l'anàlisi s'ha restringit a aquells gens que apareixen a qualsevol de les dues llistes de pics diferencials (pics diferencials a 1.2B i a 10G).

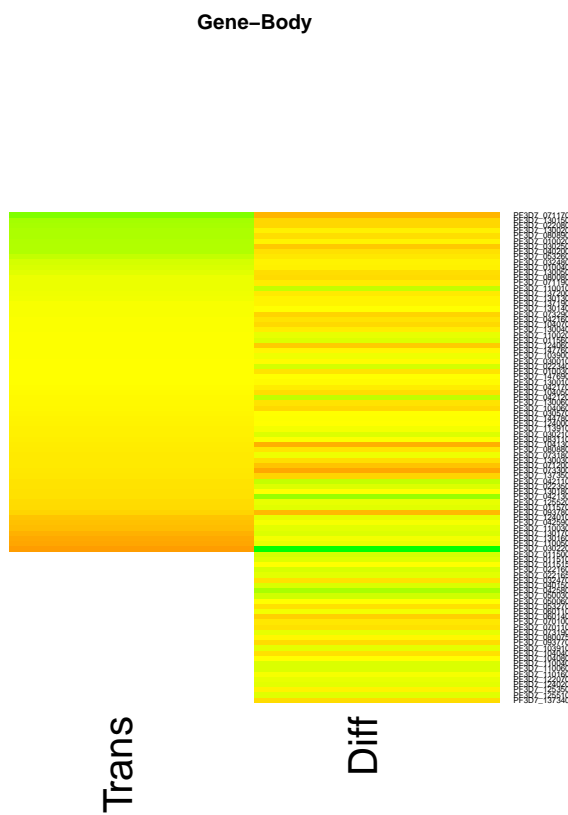
4.1 Coverage a pics diferencials

En aquests gràfics els valors de les columnes 1.2B i 10G corresponen al coverage mitjà de cada gen.



4.2 Diferència de coverage a pics diferencials

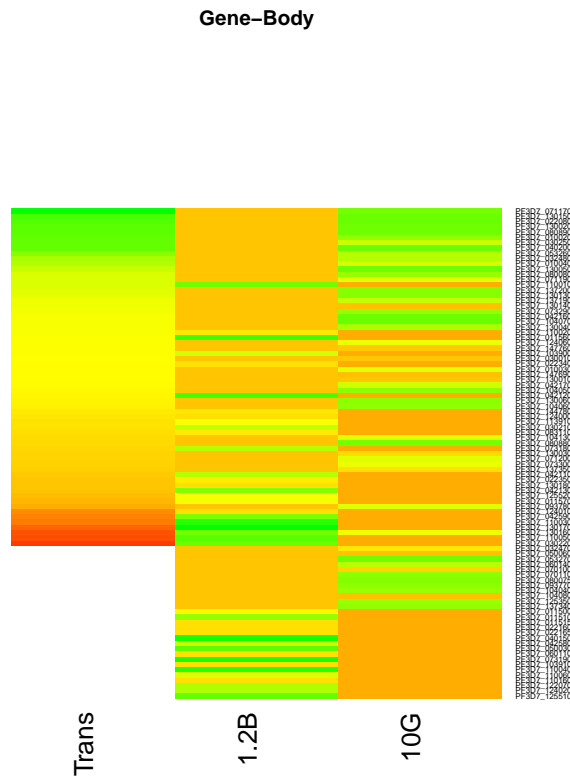
En aquests gràfics tenim una sola columna a la dreta que correspon a la diferència de coverage entre 1.2B i 10G.



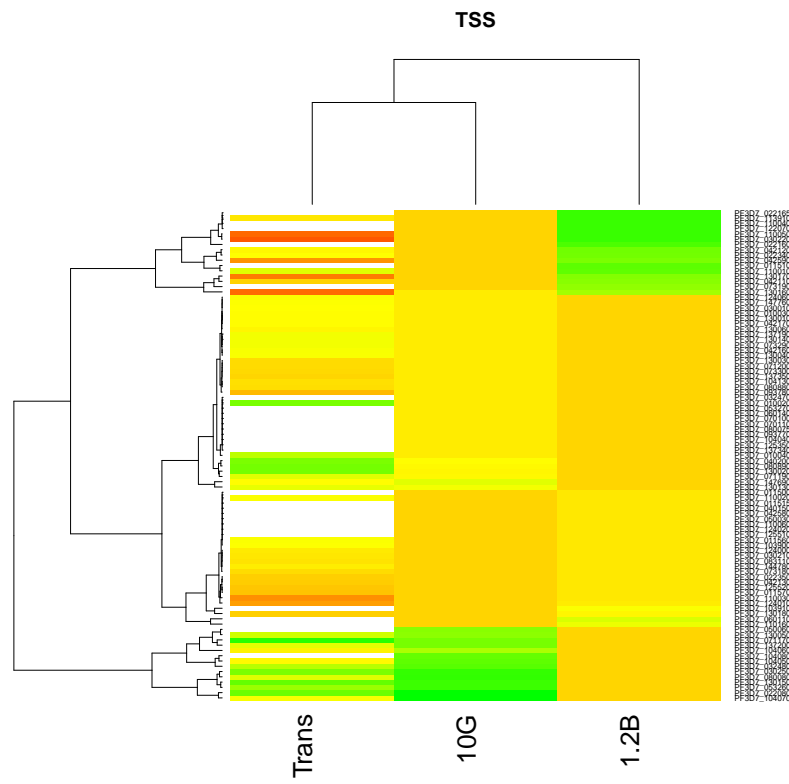
5 Resta de gràfics

6 Percentatge de metilació

6.1 Gene-body

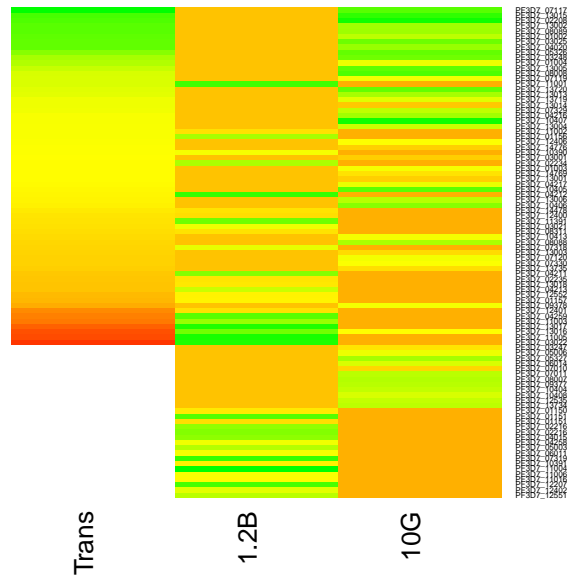


6.2 TSS

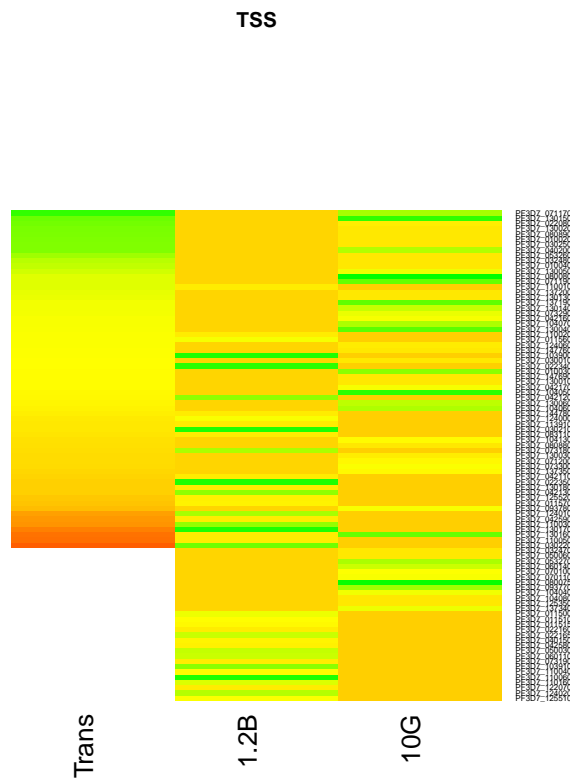


6.3 Gene + TSS

Gene-Body + TSS



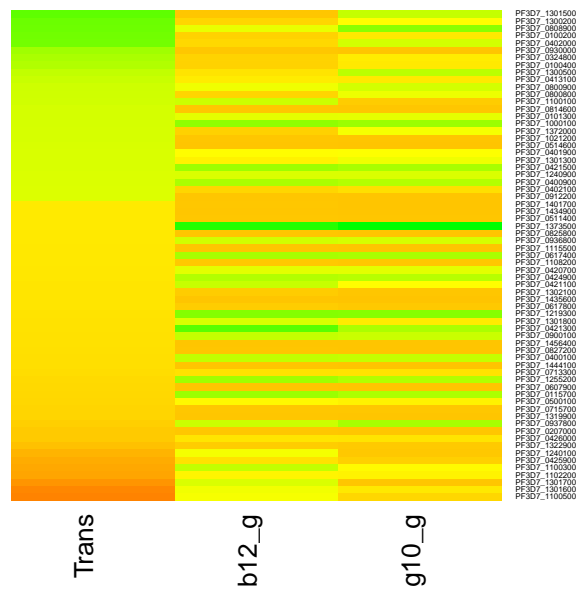
6.4 TTS



7 Coverage

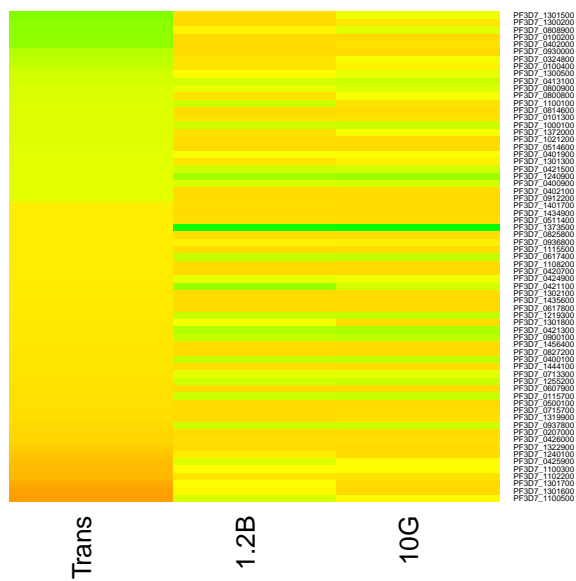
7.1 Coverage Gene Body

Gene Coverage



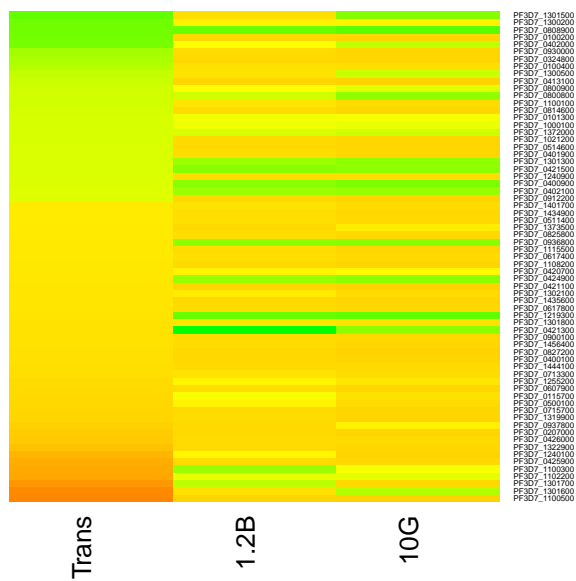
7.2 Coverage 5'

Coverage 5'



7.3 Coverage 3'

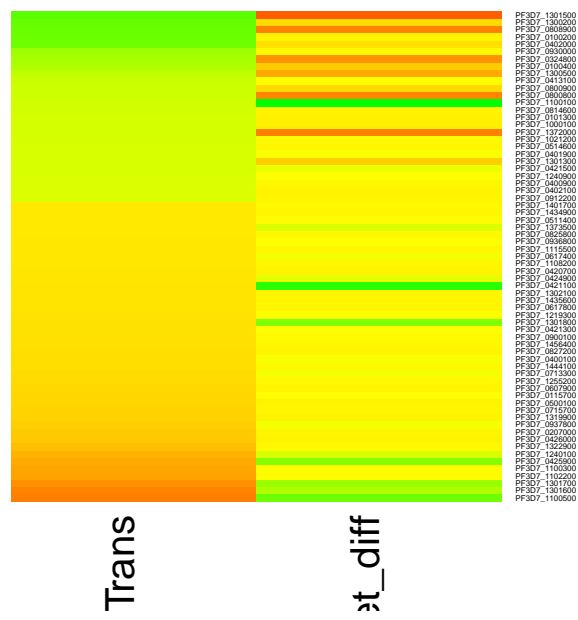
Coverage 3'



8 Diferència de coverage

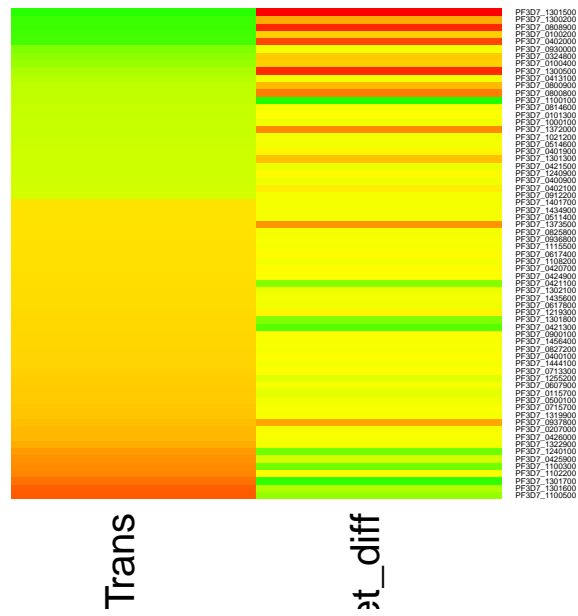
8.1 Diferència de Coverage a 5', filtrat per diferència de transcripció

Diferència de Coverage a 5'



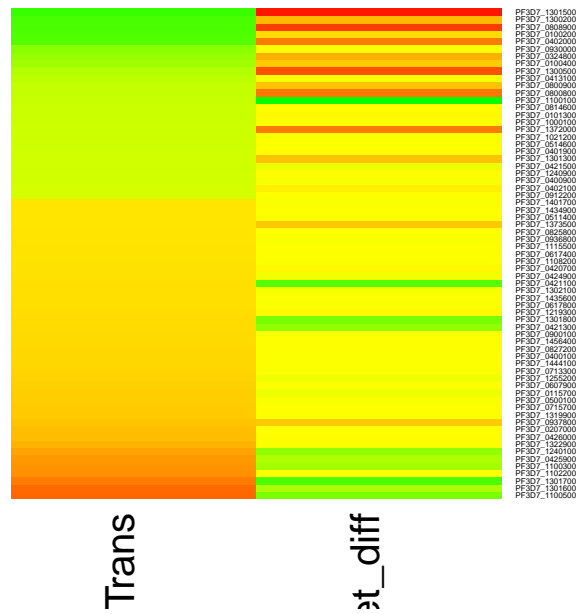
8.2 Diferència de Coverage a genebody, filtrat per diferència de transcripció

Diferència de Coverage a gene-body



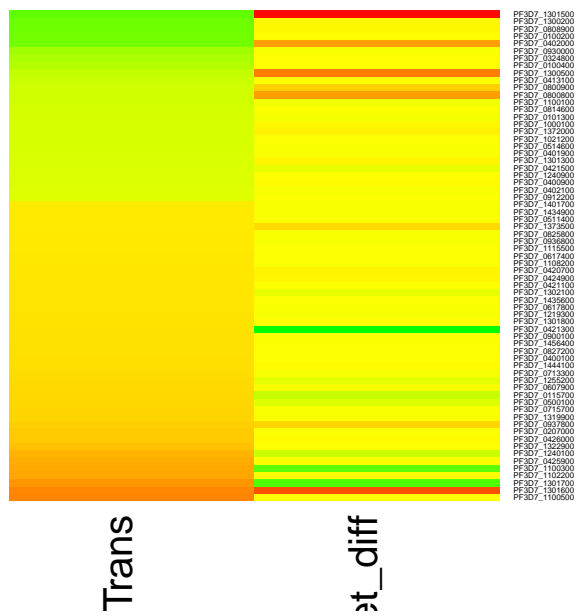
8.3 Diferència de Coverage 5'genebody, filtrat per diferència de transcripció

Diferència de Coverage 5'+Gene_body



8.4 Diferència de Coverage a 3', filtrat per diferència de transcripció

Diferència de Coverage a 3'



9 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
```