

# Material Suplementario: Corroboración de picos y descubrimiento de motivos en *P. aeruginosa*

*Anastasia Hernández Koutoucheva y Alán Fernando Muñoz González*

El trabajo se basa en los datos de Chip-seq obtenidos en el artículo ChIP-seq reveals the global regulator AlgR mediating cyclic di-GMP synthesis in *Pseudomonas aeruginosa*.

## Detección de motivos

Se obtienen las secuencias en formato .txt de GEO Accesion GSE65356 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GSE65356>), se convierten al formato .bed requerido para el análisis, mediante:

En bash: `more secuencia_DirectaDeGeo.txt | grep -v "#" | cut -f 2,3,10 > seqid.bed`

Usando R:

```
table <- read.table("../Downloads/seqid.bed") Chrname <- rep("Chromosome",length(table[,1])) ntable <- data.frame(Chrname,table) write.table(ntable,"../Downloads/seqid_clean.bed", sep = "\t", row.names = F, col.names = F, quote = F)
```

En RSat, se cambia a la base de datos de procariotes; en sequence tools -> sequences from bed/gff/vcf y se elige el organismo *Pseudomonas aeruginosa* pao1.ASM676v1.30; la opción Mask repeats se deja en su forma predeterminada. Tras obtener los archivos en formato .fasta, se procede a usar la herramienta Peak motifs; con los parámetros default excepto en Compare discovered motifs with databases, en la que únicamente se elige a los procariotes en RegulonDB.

## Análisis de Peak Calling

Las secuencias tienen alrededor de 230 pb lo cual es un buen indicio para los picos de ChIP-seq ya que son números menores a los que se obtendrían con picos de histonas. La composición en las secuencias es mayor para nucleótidos G/C y menor para la de A/T; pero en cada una de las parejas se observa el mismo patrón (Figura 1). En la composición de dinucleótidos se observa el mismo patrón de aumento en G/C sobre A/T. Para la secuencia de control, se observan los mismos patrones de composición de nucleótidos.

Tabla 1: Resultados de peak calling con los datos de picos obtenidos directamente del artículo original.

Peak name	Mean Length	Composition	Discovered Motifs	Bold motif (s) sequence (asmb)	Major significance
2588	230 pdb	>G/C <A/T =2	10	<b>gtgagagagag</b> g	14
algr	192 pdb	>G/C <A/T =2	10	<b>agagagagag</b> gagag	28
exsa	309 pdb	>G/C <A/T =2	5	-	2
gaca	208 pdb	>G/C <A/T =2	10 10	<b>agagagagag</b> agagagag	20 77
mext	380 pdb	>G/C <A/T	10	-	3
mvfr	227 pdb	>G/C <A/T =2	10	-	10
rpon	208 pdb	>G/C <A/T =2	10	<b>atgagagagag</b>	19
savr	286 pdb	>G/C <A/T =2	10	-	5
vfr	218 pdb	>G/C <A/T =2	10	-	8
wspr	1000 pdb	=G/C A/T	6	-	1

Tabla 2: Resultados de peak calling con los picos obtenidos con MACS2.

42	306 pdb	>G/C <A/T =2	10	<b>ttgagagagag</b>	22
43	323 pdb	>G/C <A/T =2	10	<b>ttgagagagag</b>	76
44	334 pdb	>G/C <A/T =2	10	<b>atgagagagag</b>	89
45	342 pdb	>G/C <A/T =2	10	<b>ttgagagagag</b>	77
46	343 pdb	>G/C <A/T =2	10	<b>ttgagagagag</b>	72
47	337 pdb	>G/C <A/T =2	10	<b>ttgagagagag</b>	83
48	332 pdb	>G/C <A/T =2	10	<b>ttgagagagag</b>	63
49	331 pdb	>G/C <A/T =2	10	<b>atgagagagag</b> a	72
60	340 pdb	>G/C <A/T =2	10	<b>agagagagag</b>	70
51	330 pdb	>G/C <A/T =2	10	<b>agagagagag</b> a	67

Como nota, la secuencia usada para el análisis con los datos procesados manualmente es la número 50; debido a que toda la secuencia es completamente igual a la obtenida en el artículo. Cabe resaltar la similitud con otras como la 51, en la que obtenemos la secuencia misma y además, más información. Después las matrices con los resultados generados son guardadas en un formato .transfac

## Uso de herramientas de clustering para corroborar los resultados

Para realizar este paso, se cambia al servidor Fungi para aumentar la velocidad del proceso. Matrix tools -> Matrix-clustering, todos los parámetros se quedan en su forma predeterminada, con excepción de Motif

comparison with compare-matrices-quick (100 times faster). Only for Ncor and Cor, el cual se activa.

Table 3: Resultados de matrix-clustering para ambos casos.

Peak Name	Input motifs	Clusters found	Thresholds
2588 42	10 10	2 (8,2) 4(2,5,2,1)	Noor = 0.4 oor = 0.6
slgr 43	10 10	5(6,1,1,1,1) 6(4,2,1,1,1,1)	Noor = 0.4 oor = 0.6
exsa 44	5 10	2(4,1) 8(2,2,1,1,1,1,1,1)	Noor = 0.4 oor = 0.6
gaca 45	10 10	3(4,4,2) 5(2,2,3,2,1)	Noor = 0.4 oor = 0.6
mext 46	10 10	6(2,3,1,1,2,1) 8(2,2,1,1,1,1,1,1)	Noor = 0.4 oor = 0.6
mvtr 47	10 10	4(6,2,1,1) 7(2,2,2,1,1,1,1)	Noor = 0.4 oor = 0.6
ipon 48	10 10	4(4,3,2,1) 4(4,3,1,1,1)	Noor = 0.4 oor = 0.6
sour 49	10 10	5(2,2,4,1,1) 6(2,2,2,2,1,1)	Noor = 0.4 oor = 0.6
vtr 50	10 10	5(4,2,2,1,1) 5(4,2,2,1,1)	Noor = 0.4 oor = 0.6
wspr 51	6 10	5(2,1,1,1,1) 5(3,3,2,1,1)	Noor = 0.4 oor = 0.6

## Control Negativo

Regresas al servidor RSat de Procariotes. Se usa NGS-ChIP-seq-> random genome fragments para buscar falsos positivos en los resultados. Para esto, se utiliza el mismo organismo que en el análisis de peak calling (*Pseudomonas aeruginosa* pao1.ASM676v1.30) y dejas todas las opciones de forma predeterminada, con excepción de Mask repeats. Después, se usa la opción Peak-motifs en RSat de Fungi; con los mismos parámetros que en el análisis de Peak calling.

Tabla 4: Resultados de control negativo para ambos casos.

Peak name	Mean Length	Composition	Discovered Motifs	Major significance	Clusters found
2588 42	230 pab 307 pab	>G/C <A/T ≈2	10 10	5 21	3 (7,2,1) 6(4,2,1,1,1,1)
elgr 43	192 pab 323 pab	>G/C <A/T ≈2	10 10	7 40	2(8,4) 8(2,2,1,1,1,1,1,1)
exsa 44	309 pab 334 pab	>G/C <A/T ≈2	10 10	6 45	3(3,6,1) 8(2,2,1,1,1,1,1,1)
geca 45	208 pab 342 pab	>G/C <A/T ≈2	10 10	7 48	6(2,2,3,1,1,1) 7(2,2,2,1,1,1,1)
mexi 46	350 pab 343 pab	>G/C <A/T ≈2	10 10	2 72	7(2,3,1,1,1,1,1) 7(2,1,1,3,1,1,1)
mytr 47	227 pab 337 pab	>G/C <A/T ≈2	10 10	4 67	5(2,3,2,2,1) 6(3,2,2,1,1,1)
rpon 48 49	208 pab 332 pab 331 pab	>G/C <A/T ≈2	10 10 10	22 62 58	3(2,4,4) 6(3,3,1,1,1,1) 5(3,2,3,1,1)
savr	266 pab	>G/C <A/T ≈2	10	2	6(2,2,3,1,1,1)
vtr 50	218 pab 340 pab	>G/C <A/T ≈2	10 10	10 57	6(2,2,2,2,1,1) 6(2,3,2,1,1,1)
wspr 51	1000 pab 330 pab	≈G/C A/T >G/C <A/T ≈2	5 10	1 64	5(2,1,1,1) 7(2,2,2,1,1,1,1)

Como nota, todos los análisis de peak-motifs se realizaron con oligos, esto fue porque se intentaron usar otros enfoques (el análisis de diadas no fue usado en este punto) como el de tomar únicamente el parámetro de posición, el cual (generalmente) regresó menos motivos (con menor significancia) con las secuencias prueba. Y, en el control negativo disminuyeron aún más los motivos encontrados (pero, la significancia se mantuvo). Por ejemplo, para el caso de la secuencia 2588 la secuencia regresó 4 motivos con significancia menor a 1 y el control negativo en este experimento retornó 1 motivo con significancia de 1. Además, únicamente con este enfoque, podría usarse la secuencia completa del organismo como control.

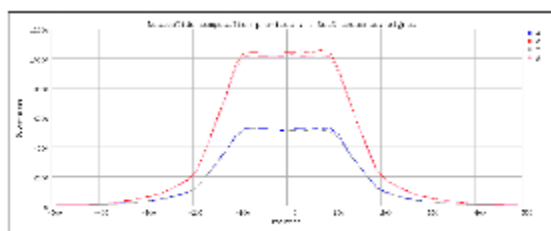


Figura 1: Porcentaje de bases obtenido en los motivos descubiertos.

## Motivos de Algr

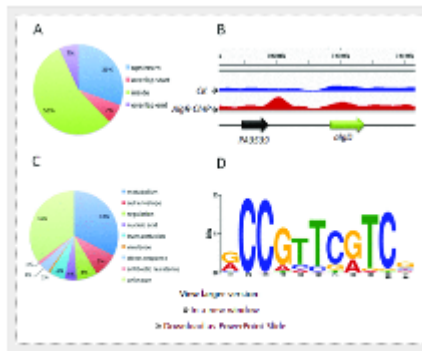


Figura 2: Descubrimiento de motivos de Algr con MEME [1].

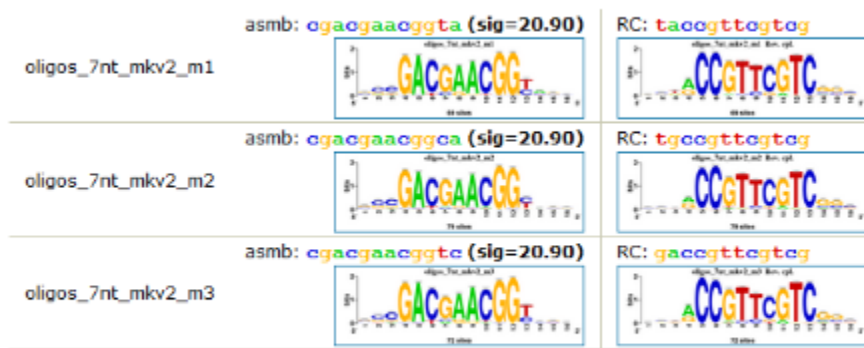


Figura 3: Descubrimiento de motivos con RSat con picos obtenidos del artículo original.

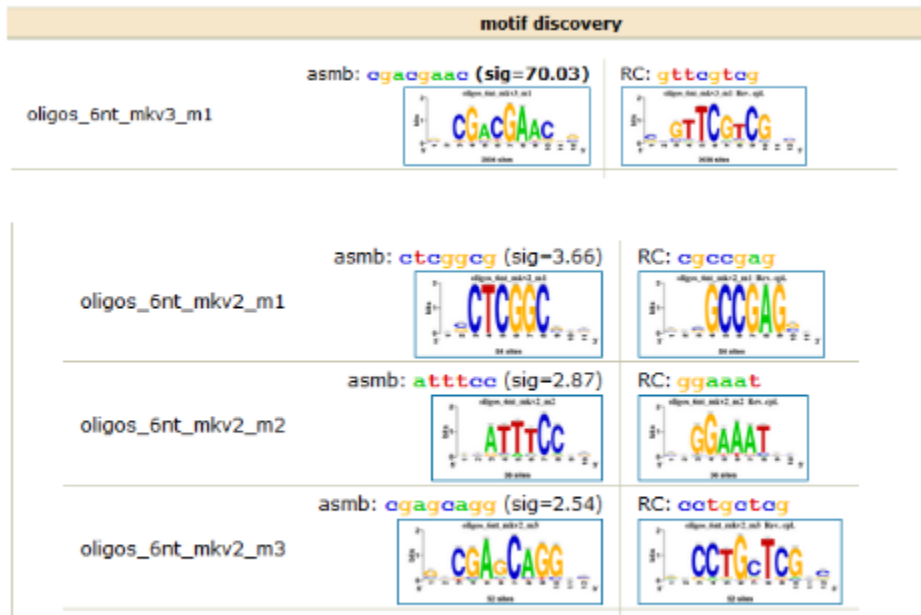


Figura 4: Descubrimiento de motivos con RSat con picos obtenidos manualmente con MACS2.

## Análisis de diadas

El análisis de diadas se realizó con la herramienta dyad-analysis de RSat, en el servidor de procariotes. Para esto, se usó el archivo en formato fasta del pico de AlgR y *P. aeruginosa* como organismo para modelo de Background, el resto de los parámetros se quedaron en su forma predeterminada.

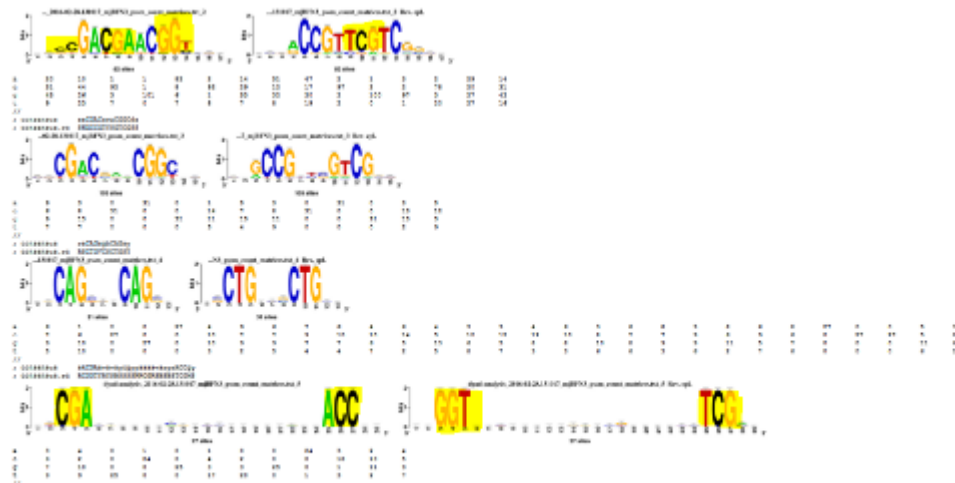


Figura 5: Análisis de diadas para AlgR

## Workflow para nuestros peaks

Descargar Secuencias de lecturas cortas <http://www.ebi.ac.uk/ena/data/view/SRP052880>

Mapear con genoma de referencia en bowtie2 Index de genoma de *Pseudomonas aeruginosa* a bowtie2 [http://support.illumina.com/sequencing/sequencing\\_software/igenome.html](http://support.illumina.com/sequencing/sequencing_software/igenome.html) bowtie2 build [Genome\_fasta] PAO1

Mapear Lecturas de Illumina con genoma de referencia bowtie2 PAO1 seq\_name.fastq -S seq\_name.sam -N 1 bowtie2 PAO1 seq\_name.fastq -S seq\_name.sam -very-sensitive

El cambio daba ~1% de más secuencias, por lo que decidimos usar en RSAT los mapeos de la línea inicial *Pseudomonas aeruginosa* strain PAO1 NCBI 2000-09-13

*Pseudomonas aeruginosa* strain PAO1 NCBI 2000-09-13

SRR1776542	bowtie2 PAO1 Downloads/Fastq/SRR1776542.fastq -S SAM/SRR1776542.sam	4575282 reads; of these: 4575282 (100.00%) were unpaired; of these: 3165712 (69.19%) aligned 0 times 1380101 (30.16%) aligned exactly 1 time 29469 (0.64%) aligned >1 times <b>30.61% overall alignment rate</b>
SRR1776543	bowtie2 PAO1 Downloads/Fastq/SRR1776543.fastq -S SAM/SRR1776543.sam	5308832 reads; of these: 5308832 (100.00%) were unpaired; of these: 3284383 (61.87%) aligned 0 times 1983911 (37.37%) aligned exactly 1 time 40538 (0.76%) aligned >1 times <b>38.13% overall alignment rate</b>
SRR1776544	bowtie2 PAO1 Downloads/Fastq/SRR1776544.fastq -S SAM/SRR1776544.sam	5420068 reads; of these: 5420068 (100.00%) were unpaired; of these: 2913278 (53.75%) aligned 0 times 2459292 (45.37%) aligned exactly 1 time 47498 (0.88%) aligned >1 times <b>46.25% overall alignment rate</b>
SRR1776545	bowtie2 PAO1 Downloads/Fastq/SRR1776545.fastq -S SAM/SRR1776545.sam	6036968 reads; of these: 6036968 (100.00%) were unpaired; of these: 3514824 (58.22%) aligned 0 times 2474726 (40.99%) aligned exactly 1 time 47418 (0.79%) aligned >1 times <b>41.78% overall alignment rate</b>
SRR1776546	bowtie2 PAO1 Downloads/Fastq/SRR1776546.fastq -S SAM/SRR1776546.sam -D 20 -R 3 -N 0 -L 20 -i S,1,0.50	5161454 reads; of these: 5161454 (100.00%) were unpaired; of these: 2239403 (43.39%) aligned 0 times 2871495 (55.63%) aligned exactly 1 time 50556 (0.98%) aligned >1 times <b>56.61% overall alignment rate</b>
SRR1776547	bowtie2 PAO1 Downloads/Fastq/SRR1776547.fastq -S SAM/SRR1776547.sam -D 20 -R 3 -N 0 -L 20 -i S,1,0.50	4620331 reads; of these: 4620331 (100.00%) were unpaired; of these: 1898380 (41.09%) aligned 0 times

		2678292 (57.97%) aligned exactly 1 time 43659 (0.94%) aligned >1 times <b>58.91% overall alignment rate</b>
SRR1776548	bowtie2 PAO1 Downloads/Fastq/SRR1776548.fastq -S SAM/SRR1776548.sam -D 20 -R 3 -N 0 -L 20 -i S,1,0.50	5019633 reads; of these: 5019633 (100.00%) were unpaired; of these: 1142783 (22.77%) aligned 0 times 3808400 (75.87%) aligned exactly 1 time 68450 (1.36%) aligned >1 times <b>77.23% overall alignment rate</b>
SRR1776549	bowtie2 PAO1 Downloads/Fastq/SRR1776549.fastq -S SAM/SRR1776549.sam -D 20 -R 3 -N 0 -L 20 -i S,1,0.50	4838667 reads; of these: 4838667 (100.00%) were unpaired; of these: 823979 (17.03%) aligned 0 times 3944953 (81.53%) aligned exactly 1 time 69735 (1.44%) aligned >1 times <b>82.97% overall alignment rate</b>
SRR1776550	bowtie2 PAO1 Downloads/Fastq/SRR1776550.fastq -S SAM/SRR1776550.sam -D 20 -R 3 -N 0 -L 20 -i S,1,0.50	7908293 reads; of these: 7908293 (100.00%) were unpaired; of these: 2560348 (32.38%) aligned 0 times 5241027 (66.27%) aligned exactly 1 time 106918 (1.35%) aligned >1 times <b>67.62% overall alignment rate</b>
SRR1776551	bowtie2 PAO1 Downloads/Fastq/SRR1776551.fastq -S SAM/SRR1776551.sam -D 20 -R 3 -N 0 -L 20 -i S,1,0.50	4824339 reads; of these: 4824339 (100.00%) were unpaired; of these: 852513 (17.67%) aligned 0 times 3892440 (80.68%) aligned exactly 1 time 79386 (1.65%) aligned >1 times <b>82.33% overall alignment rate</b>

SRR1776542	bowtie2 PAO1 "JvH\ Práctica/Fastq/SRR1776542.fastq" -S "JvH\ Práctica/SAM2/SRR1776542.sam" --very-sensitive	4575282 reads; of these: 4575282 (100.00%) were unpaired; of these: 3135751 (68.54%) aligned 0 times 1406632 (30.74%) aligned exactly 1 time 32899 (0.72%) aligned >1 times 31.46% overall alignment rate
SRR1776543	bowtie2 PAO1 "JvH\ Práctica/Fastq/SRR1776543.fastq" -S "JvH\ Práctica/SAM2/SRR1776543.sam" --very-sensitive	5308832 reads; of these: 5308832 (100.00%) were unpaired; of these: 3243100 (61.09%) aligned 0 times 2020961 (38.06%) aligned exactly 1 time 45371 (0.85%) aligned >1 times 38.91% overall alignment rate
SRR1776544	bowtie2 PAO1 "JvH\ Práctica/Fastq/SRR1776544.fastq" -S "JvH\ Práctica/SAM2/SRR1776544.sam" --very-sensitive	5420068 reads; of these: 5420068 (100.00%) were unpaired; of these: 2862746 (52.82%) aligned 0 times 2504193 (46.20%) aligned exactly 1 time 53129 (0.98%) aligned >1 times 47.18% overall alignment rate
SRR1776545	bowtie2 PAO1 "JvH\ Práctica/Fastq/SRR1776545.fastq" -S "JvH\ Práctica/SAM2/SRR1776545.sam" --very-sensitive	6036968 reads; of these: 6036968 (100.00%) were unpaired; of these: 3464303 (57.38%) aligned 0 times 2519486 (41.73%) aligned exactly 1 time 53167 (0.88%) aligned >1 times 42.62% overall alignment rate

	--very-sensitive	2450204 (30.98%) aligned 0 times 5338526 (67.51%) aligned exactly 1 time 119563 (1.51%) aligned >1 times 69.02% overall alignment rate
SRR1776551	bowtie2 PAO1 "JvH\ Práctica/Fastq/SRR1776551.fastq" -S "JvH\ Práctica/SAM2/SRR1776551.sam" --very-sensitive	4824339 reads; of these: 4824339 (100.00%) were unpaired; of these: 770139 (15.96%) aligned 0 times 395453 (82.20%) aligned exactly 1 time 88747 (1.84%) aligned >1 times 84.04% overall alignment rate

SRR1776546	bowtie2 PAO1 "JvH\ Práctica/Fastq/SRR1776546.fastq" -S "JvH\ Práctica/SAM2/SRR1776546.sam" --very-sensitive	5161454 reads; of these: 5161454 (100.00%) were unpaired; of these: 2179953 (42.24%) aligned 0 times 2924332 (56.66%) aligned exactly 1 time 57169 (1.11%) aligned >1 times 57.76% overall alignment rate
SRR1776547	bowtie2 PAO1 "JvH\ Práctica/Fastq/SRR1776547.fastq" -S "JvH\ Práctica/SAM2/SRR1776547.sam" --very-sensitive	4620331 reads; of these: 4620331 (100.00%) were unpaired; of these: 1843490 (39.90%) aligned 0 times 2727522 (59.03%) aligned exactly 1 time 49319 (1.07%) aligned >1 times 60.10% overall alignment rate
SRR1776548	bowtie2 PAO1 "JvH\ Práctica/Fastq/SRR1776548.fastq" -S "JvH\ Práctica/SAM2/SRR1776548.sam" --very-sensitive	5019633 reads; of these: 5019633 (100.00%) were unpaired; of these: 1066940 (21.26%) aligned 0 times 3875232 (77.20%) aligned exactly 1 time 77461 (1.54%) aligned >1 times 78.74% overall alignment rate
SRR1776549	bowtie2 PAO1 "JvH\ Práctica/Fastq/SRR1776549.fastq" -S "JvH\ Práctica/SAM2/SRR1776549.sam" --very-sensitive	4838667 reads; of these: 4838667 (100.00%) were unpaired; of these: 744936 (15.40%) aligned 0 times 4014732 (82.97%) aligned exactly 1 time 78999 (1.63%) aligned >1 times 84.60% overall alignment rate
SRR1776550	bowtie2 PAO1 "JvH\ Práctica/Fastq/SRR1776550.fastq" -S "JvH\ Práctica/SAM2/SRR1776550.sam"	7908293 reads; of these: 7908293 (100.00%) were unpaired; of these:

## MACS2 Peak Call

macs2 callpeak -t SAM/\$ bname.sam -f SAM -n peaks/\$bname -g 6.3e6 -q 0.01 --nomodel --shiftsize 100



## Comandos en el servidor:

Peak Calling: `$RSAT/perl-scripts/peak-motifs -v 1 -title '2688vsmacs2' -i $RSAT/public_html/tmp/apache/2016/02/20/peak-motifs.2016-02-20.195401_2016-02-20.195401_PP1XpT/peak-motifseq -max_seq_len 1000 -markov auto -disco oligos,positions -nmotifs 5 -minol 6 -maxol 7 -no_merge_lengths -2str -origin center -motif_db regulonDB_tf $RSAT/public_html/motif_databases/REGULONDB/regulonDB_2015-08-07.tf -scan_markov 1 -source getfasta -task purge,seqlen,composition,disco,merge_motifs,split_motifs,motifs_vs_motifs,timelog,archive,synthesis,sma -prefix peak-motifs -noov -img_format png -outdir $RSAT/public_html/tmp/apache/2016/02/20/peak-motifs.2016-02-20.195401_2016-02-20.195401_PP1XpT)`

Matrix-clustering: `$RSAT/perl-scripts/matrix-clustering -v 1 -max_matrices 300 -matrix_format transfac -i $RSAT/public_html/tmp/www-data/2016/02/22/matrix-clustering_2016-02-22.014846_eMBEdG/matrix-clustering_query_matrices.transfac -hclust_method average -title 'testfun2588' -metric_build_tree 'Ncor' -lth w 5 -lth cor 0.6 -lth Ncor 0.4 -quick -label_in_tree name -return json,heatmap -o $RSAT/public_html/tmp/www-data/2016/02/22/matrix-clustering_2016-02-22.014846_eMBEdG/matrix-clustering 2> $RSAT/public_html/tmp/www-data/2016/02/22/matrix-clustering_2016-02-22.014846_eMBEdG/matrix-clustering_err.txt`

Control negativo: `$RSAT/perl-scripts/random-genome-fragments -template_format len -i $RSAT/public_html/tmp/apache/2016/02/21/random-genome-fragments_2016-02-21.202329_U9mlWz.lengths -org Pseudomonas_aeruginosa_pao1.ASM676v1.30 -return seq -rm -o $RSAT/public_html/tmp/apache/2016/02/21/random-genome-fragments_2016-02-21.202329_U9mlWz_fragments.fasta 2> $RSAT/public_html/tmp/apache/2016/02/21/random-genome-fragments_2016-02-21.202329_U9mlWz_error_log.txt`

`$RSAT/perl-scripts/peak-motifs -v 1 -title '2588_negativectrol' -i $RSAT/public_html/tmp/www-data/2016/02/22/peak-motifs.2016-02-22.032359_2016-02-22.032359_fPJWK/peak-motifseq -ctrl $RSAT/public_html/tmp/www-data/2016/02/22/peak-motifs.2016-02-22.032359_2016-02-22.032359_fPJWK/peak-motifcontrolseq -max_seq_len 1000 -markov auto -disco oligos,positions -nmotifs 5 -minol 6 -maxol 7 -no_merge_lengths -2str -origin center -motif_db regulonDB_tf $RSAT/public_html/motif_databases/REGULONDB/regulonDB_2015-08-07.tf -scan_markov 1 -task purge,seqlen,composition,disco,merge_motifs,split_motifs,motifs_vs_motifs,timelog,archive,synthesis,sma -prefix peak-motifs -noov -img_format png -outdir $RSAT/public_html/tmp/www-data/2016/02/22/peak-motifs.2016-02-22.032359_2016-02-22.032359_fPJWK`

`$RSAT/perl-scripts/retrieve-seq -org Pseudomonas_aeruginosa_PAO1_uid57945 -featype gene -type upstream -format fasta -label name -from -1000 -to 200 -noorf -rm -all (?)`

## Peak Calling Statistics

Llamamos datos:

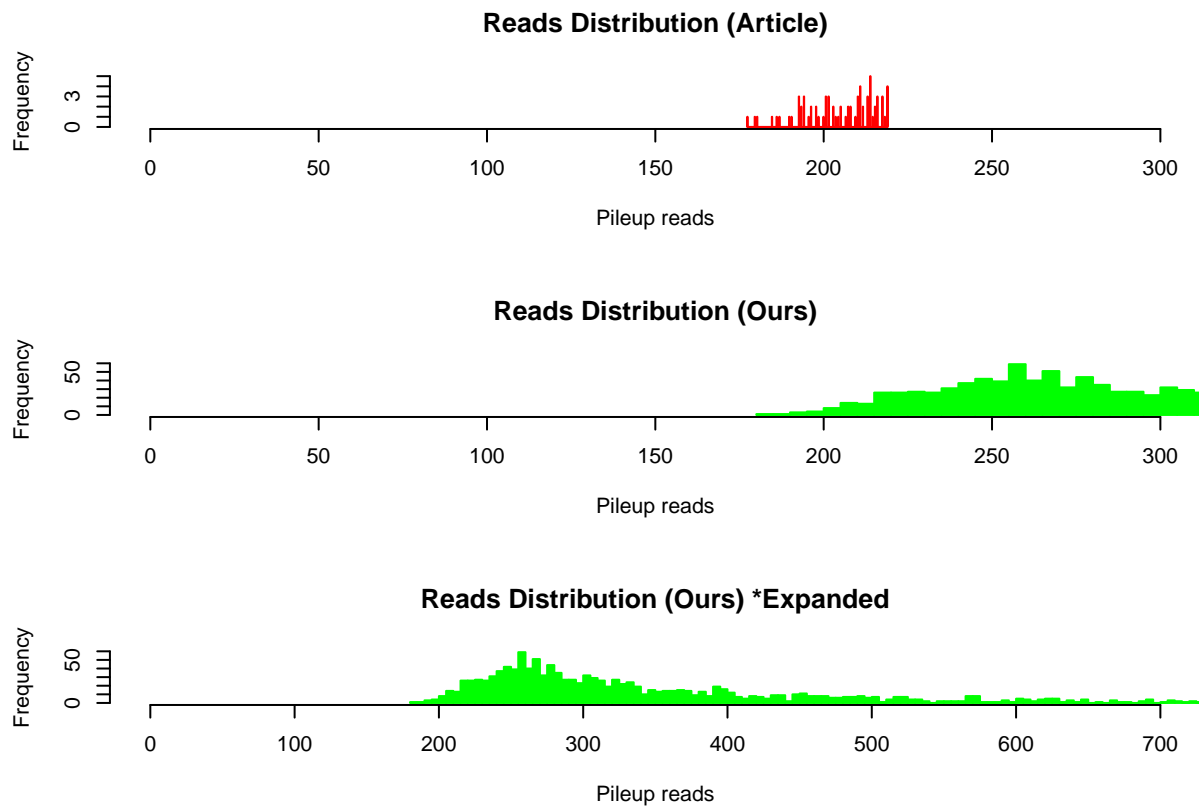
```
chip_art <- read.table("GSE65356_algrmacs2e15_peaks.txt", header = T)
chip_ours <- read.table("SRR1776550_peaks.xls", header=T)
```

Ploteamos la distribución de reads de acuerdo al pileup:

```
par(mfrow=c(3,1))
hist(chip_art$pileup,
     main="Reads Distribution (Article)",
     ylab="Frequency",
     xlab="Pileup reads",
     xlim = c(0,300),
     col="red",
     border = "red",
     breaks = 500)
```

```
hist(chip_ours$pileup,
     main="Reads Distribution (Ours)",
     ylab="Frequency",
     xlab="Pileup reads",
     xlim = c(0,300),
     col="green",
     border = "green",
     breaks = 500)

hist(chip_ours$pileup,
     main="Reads Distribution (Ours) *Expanded",
     ylab="Frequency",
     xlab="Pileup reads",
     xlim = c(0,700),
     col="green",
     border = "green",
     breaks = 500)
```



Ploteamos el enriquecimiento de picos uno sobre otro y viceversa, para ver dónde coinciden y con cuánta precisión.

```
par(mfrow=c(2,1))
plot(chip_art $abs_summit,chip_art$fold_enrichment,
     main="Fold Enrichment (Article over ours)",
     ylab="Enrichment",
     xlab="Genome position",
```

```

        xlim = c(0,6400000),
        col="red", type = "h")

par(new=T)

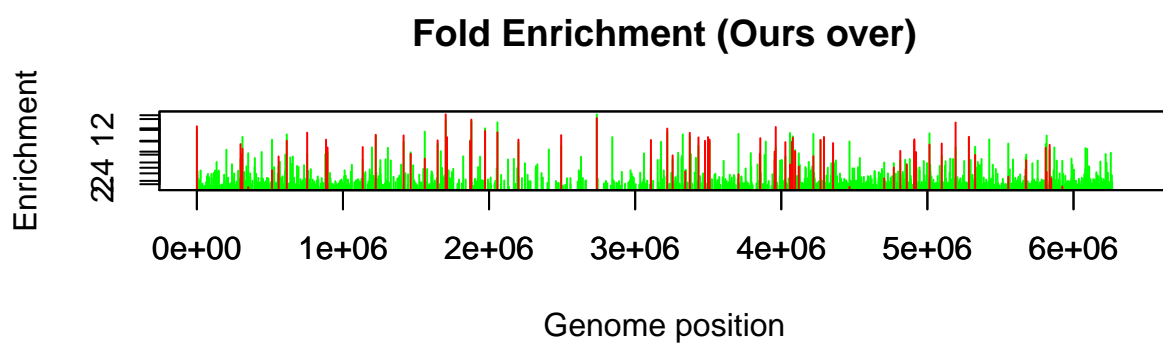
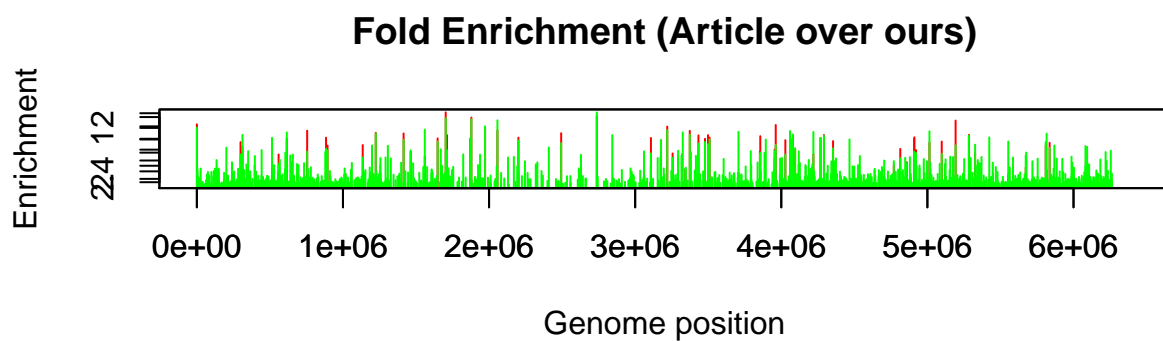
plot(chip_ours$abs_summit,
      chip_ours$fold_enrichment,
      xlim = c(0,6400000),
      ylab = "",
      xlab = "",
      col="green", type = "h")

plot(chip_ours $abs_summit,chip_ours$fold_enrichment,
      main="Fold Enrichment (Ours over)",
      ylab="Enrichment",
      xlab="Genome position",
      xlim = c(0,6400000),
      col="green", type = "h")

par(new=T)

plot(chip_art$abs_summit,
      chip_art$fold_enrichment,
      xlim = c(0,6400000),
      ylab = "",
      xlab = "",
      col="red", type = "h")

```



```
summit <- chip_ artabs$summit
peaks <- apply(summit, 1, subset(chip_ours, start < chip_artabs_$summit
& end > chip_artabs_$summit))
```