

ENCODE CTCF seondumissaidid

```
tabel08 = leia_EB("08")
tabel08
```

##	RNA_TF	RNA_TF%	RNA_no_TF	RNA_no_TF%	no_RNA_TF	no_RNA_no_TF
## featureCounts	147	5.71	1282	5.50	2427	22016
## upstream	30	1.17	271	1.16	2544	23027
## contained	47	1.83	406	1.74	2527	22892
## downstream	34	1.32	307	1.32	2540	22991
## kokku	208	8.08	1727	7.41	2366	21571

```
tabel09 = leia_EB("09")
tabel09
```

##	RNA_TF	RNA_TF%	RNA_no_TF	RNA_no_TF%	no_RNA_TF	no_RNA_no_TF
## featureCounts	100	3.89	856	3.67	2474	22442
## upstream	23	0.89	151	0.65	2551	23147
## contained	29	1.13	243	1.04	2545	23055
## downstream	21	0.82	178	0.76	2553	23120
## kokku	139	5.40	1141	4.90	2435	22157

Kontroll, kas igas reas on 25872 kühmu?

```
as.symbol(rowSums(within(tabel08, rm("RNA_TF%", "RNA_no_TF%")))) == 25872 & rowSums(within(tabel09, rm("RNA_TF%", "RNA_no_TF%")))) == 25872
```

```
## 'TRUE'
```

Kontroll, kas madalama r2 taseme juures olen leidnud rohkem seotud RNA tunnuseid

```
as.symbol(tabel08[, "RNA_TF"] > tabel09[, "RNA_TF"] & tabel08[, "RNA_no_TF"] > tabel09[, "RNA_no_TF"])
```

```
## 'TRUE'
```

Kas teatud RNA taseme tunnusega seotud kühmude hulgas on TF seondumiskohad üleesindatud? Kas TF seondumiskohtade hulgas on seos RNA taseme tunnusega üleesindatud?

H0: TF seondumine ei ole põhiline transkriptsiooni kontrollimehhanism. TF seondumiskoha esinemine ei väljendu fenotüübis

H1: RNA tunnusega seotud kühmude hulgas on TF seondumiskohad üleesindatud

```
p_tabel
```

##	0.8	0.9
## featureCounts	0.3435814	0.3108298
## upstream	0.5244048	0.0970282
## contained	0.4028709	0.3755434
## downstream	0.5214937	0.4218571
## kokku	0.1189882	0.1430094

Kas TFga ülekattes olev caQTL mõjutab suurema tõenäosusega näiteks splaissimist kui geeniekspressiooni?

H0: mõlemat tüüpi RNA taseme tunnusega seotud kühmude hulgas leidub võrdne osakaal TF seondumissaite

H1: Veerus oleva RNA tunnuse puhul on TF seondumiskohtadega kattumine suurem

```
test_tabel(tabel08)
```

```
##           featureCounts upstream contained downstream
## featureCounts           NA 0.4825428 0.5613699 0.4770847
## upstream           0.6003062           NA 0.6171234 0.5522407
## contained           0.5089970 0.4792710           NA 0.4746759
## downstream           0.6015536 0.5526600 0.6181410           NA
```

```
test_tabel(tabel09)
```

```
##           featureCounts upstream contained downstream
## featureCounts           NA 0.8845356 0.5883630 0.5742880
## upstream           0.1722131           NA 0.2502644 0.2622559
## contained           0.4999557 0.8345673           NA 0.5475454
## downstream           0.5264601 0.8307638 0.5726331           NA
```