

ENCODE HP1 seondumissaidid

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

##	RNA_TF	RNA_TF%	RNA_no_TF	RNA_no_TF%	no_RNA_TF	no_RNA_no_TF
## featureCounts	59	6.91	1370	5.48	795	23648
## upstream	11	1.29	290	1.16	843	24728
## contained	13	1.52	440	1.76	841	24578
## downstream	6	0.70	335	1.34	848	24683
## kokku	73	8.55	1862	7.44	781	23156

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

##	RNA_TF	RNA_TF%	RNA_no_TF	RNA_no_TF%	no_RNA_TF	no_RNA_no_TF
## featureCounts	42	4.92	914	3.65	812	24104
## upstream	5	0.59	169	0.68	849	24849
## contained	9	1.05	263	1.05	845	24755
## downstream	3	0.35	196	0.78	851	24822
## kokku	50	5.85	1230	4.92	804	23788

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	0.04559931	0.03751518
## upstream	0.40868227	0.68424952
## contained	0.73480126	0.54433674
## downstream	0.97060109	0.96188432
## kokku	0.12779153	0.12370777

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 0.6972824 0.9163661 0.9924010
## upstream           0.42578234           NA 0.7929513 0.9595004
## contained           0.13973617 0.3446884           NA 0.8955963
## downstream           0.02055171 0.1063470 0.2198229           NA
```

```
test_tabel(tabel09)
```

```
##           featureCounts upstream contained downstream
## featureCounts           NA 0.8744309 0.8319101 0.9903265
## upstream           0.2436772           NA 0.5162738 0.8975876
## contained           0.2744196 0.6979640           NA 0.9403111
## downstream           0.0339515 0.2907307 0.1773264           NA
```