

HairpinAnalyzer – Erweiterung?

Bisherige Informationen:

- CpG-Methylierung
- nonCpG-Methylierung
- Conversion
- SNPs

Output: Werte in Tabellenform, Patternmap

Output: Werte in Tabellenform

Neue Information:

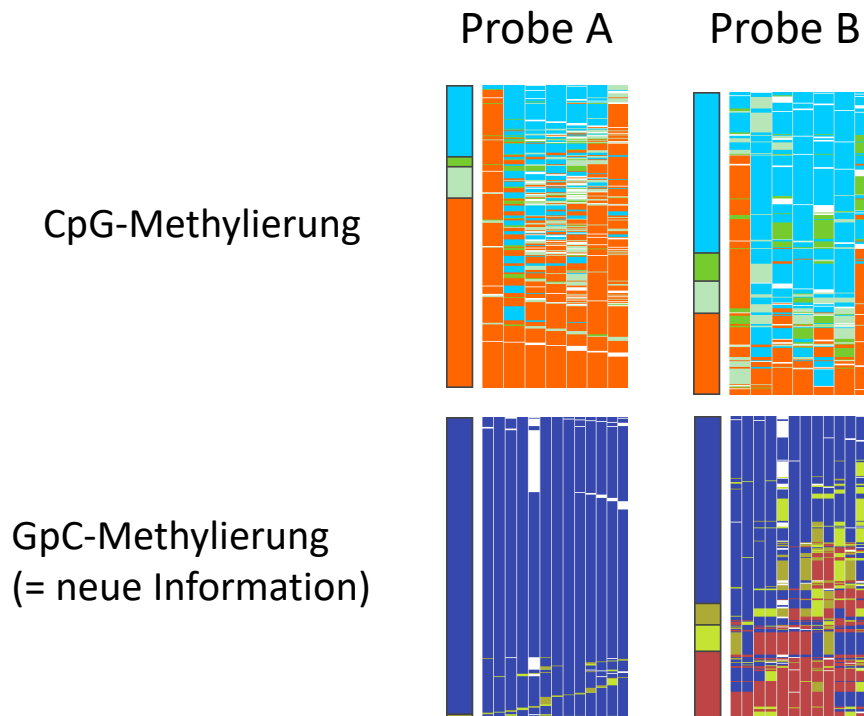
- GpC-Methylierung
= C-Methylierung, die im GC-Kontext auftritt

Erhoffter Output:

- Werte in Tabellenform
- Eine Patternmap, die CpG- und GpC-Methylierung zusammen zeigt und auch die räumliche Information der Positionen zueinander zeigt (s. Folie 3)

Beispiel bisherige Auswerte-Strategie: getrennt auswerten

- Im gezeigten Hairpin-Amplikon werden für 2 Proben (A und B) 7 CpG- und gleichzeitig 13 GpC-Positionen hinsichtlich der C Methylierung analysiert
- Probe A hat viel CpG-Methylierung (v.a. fully-methylated sites); gleichzeitig so gut wie keine GpC-Methylierung
- Probe B hat weniger fully methylated CpG sites; gleichzeitig einige fully- und hemi- methylated GpC sites

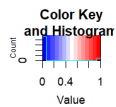


Beispiel Patternmap, die CG- und GC-Methylierung zusammen darstellt

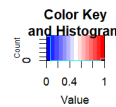
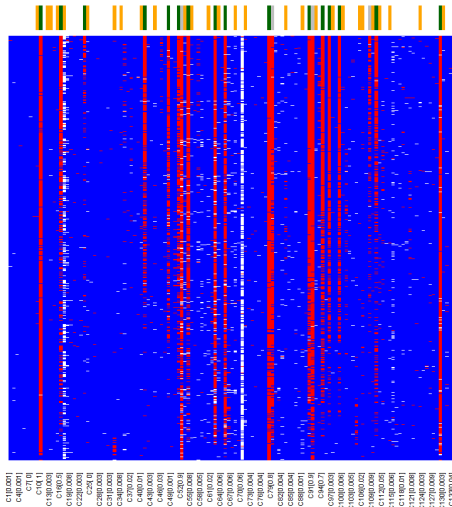
Die Patternmaps unten zeigen die Methylierungs-Muster von CpG (grüne Balken) und GpC-Methylierung (gelbe Balken), und zwar in der Sequenz/Reihenfolge, in der die Positionen im Amplikon tatsächlich vorkommen = „räumliche Info“

Allerdings wird hier im Beispiel die Hairpin-Information nicht berücksichtigt.

Grau = „Overlap“: Dies sind GCG- oder CGC-Positionen, die für die Analyse ausgeschlossen werden müssen, da man hier nicht unterscheiden kann, ob das Methylierungs-Signal „CG“ oder „GC“ zuzuordnen ist.



Patternmap: Sample_1
A [All Cs] nReads: 791



Patternmap: Sample_7
A [All Cs] nReads: 466

