

Korelacja
między
rozwarciem
chromatyny, a
aktywnością
promotora /
ekspresją
genów

N. Grodzka,
D. Boiko, M.
Hryc

Dane i
hipoteza

Input i metody

Wyniki i
analiza
pomocnicza

Korelacja między rozwarciem chromatyny, a aktywnością promotora / ekspresją genów

N. Grodzka, D. Boiko, M. Hryc

Korelacja
między
rozwarciem
chromatyny, a
aktywnością
promotora /
ekspresją
genów

N. Grodzka,
D. Boiko, M.
Hryc

Dane i
hipoteza

Input i metody

Wyniki i
analiza
pomocnicza

Dane i hipoteza

Dane pochodzą z eksperymentu, w którym badano wpływ modyfikacji histonów na progresję nowotworu. W analizie uwzględniono dane dla *“szczepu dzikiego”*.

Numer akcesyjny GEO: (GSE201262)

Wykorzystane dane

- ATAC-Seq
- RNA-Seq

W modelu komórkowym MCF-7 (rak piersi).

Korelacja między rozwarciem chromatyny, a aktywnością promotora / ekspresją genów

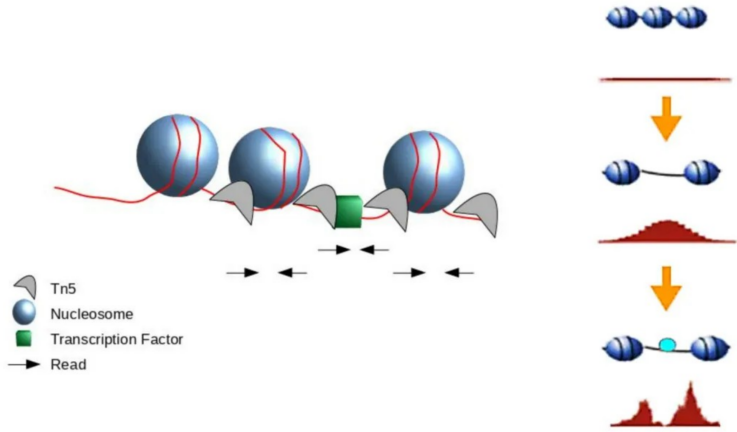
N. Grodzka, D. Boiko, M. Hryc

Dane i hipoteza

Input i metody

Wyniki i analiza pomocnicza

ATAC a TF



Hipoteza

Obecność transkryptów (skutek aktywności promotora) powinna być skorelowana z dostępnością chromatyny (nawet z uwzględnieniem maskowania przez czynniki transkrypcyjne)

Korelacja
między
rozwarciem
chromatyny, a
aktywnością
promotora /
ekspresją
genów

N. Grodzka,
D. Boiko, M.
Hryc

Dane i
hipoteza

Input i metody

Wyniki i
analiza
pomocnicza

Input i metody

Szacowane pozycje promotorów

Pozycję promotora szacowano na podstawie pozycji startu transkrypcji (txStart lub txEnd, zależnie od nici) ± 1000 bp, w tabeli UCSC dla genomu hg38 GENCODE V48 (uwzględniono tylko chromosomy od 1. do 22.).

chr1	10120	12121	ENST00000832824.1	.	+	
chr1	10124	12125	ENST00000832825.1	.	+	
chr1	10409	12410	ENST00000832826.1	.	+	
chr1	10410	12411	ENST00000832827.1	.	+	
chr1	10425	12426	ENST00000832828.1	.	+	
chr1	10769	12770	ENST00000832829.1	.	+	
chr1	10818	12819	ENST00000832830.1	.	+	
chr1	10822	12823	ENST00000832837.1	.	+	
chr1	10823	12824	ENST00000832836.1	.	+	
chr1	10823	12824	ENST00000832832.1	.	+	
chr22	50755875		50757876	ENST00000826711.1	.	+
chr22	50782762		50784763	ENST00000687360.2	.	+
chr22	50782772		50784773	ENST00000700830.1	.	+
chr22	50782753		50784754	ENST00000690684.2	.	+
chr22	50782701		50784702	ENST00000687913.3	.	+
chr22	50782784		50784785	ENST00000826713.1	.	+
chr22	50755830		50757831	ENST00000467796.6	.	+
chr22	50782718		50784719	ENST00000651346.3	.	+
chr22	50782675		50784676	ENST00000462238.8	.	+
chr22	50782739		50784740	ENST00000480246.3	.	+

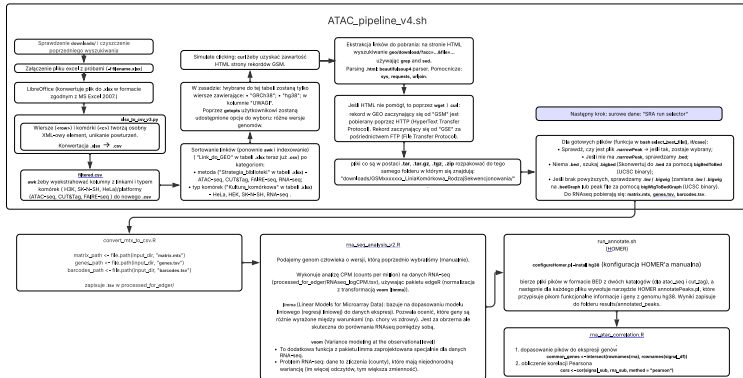
Korelacja między rozwarciem chromatyny, a aktywnością promotora / ekspresją genów

N. Grodzka,
D. Boiko, M.
Hryc

Dane i
hipoteza

Input i metody

Wyniki i analiza pomocnicza



Korelacja
między
rozwarciem
chromatyny, a
aktywnością
promotora /
ekspresją
genów

Input

Poziom ekspresji

Określony w jednostkach LogCPM - $\text{Log}_2(\text{Counts Per Million reads})$

ENSG00000223997.1	-4.69648946497621	-4.56910725852037
ENSG00000228985.1	-4.3106835412279	-4.12000674966964
ENSG00000282253.1	-3.75555717037094	-4.12000674966964
ENSG00000282431.1	-3.75555717037094	-4.12000674966964
ENSG00000211923.1	-3.75555717037094	-4.12000674966964
ENSG00000232543.2	-3.75555717037094	-3.77802032426594
ENSG00000282455.1	-3.75555717037094	-3.5017669740914
ENSG00000282323.1	-3.75555717037094	-3.27000605954607
ENSG00000282724.1	-3.75555717037094	-3.27000605954607
ENSG00000282674.1	-3.75555717037094	-3.27000605954607
ENSG00000284313.1	3.76186940475262	3.84448172535439
ENSG00000284470.1	3.76186940475262	3.84448172535439
ENSG00000284133.1	3.76186940475262	3.84448172535439
ENSG00000284478.1	3.76186940475262	3.84448172535439
ENSG00000284302.1	3.76186940475262	3.84448172535439
ENSG00000283833.1	3.76186940475262	3.84448172535439
ENSG00000288306.1	3.76186940475262	3.84448172535439
ENSG00000288418.1	3.76186940475262	3.84448172535439
ENSG00000288161.1	3.76186940475262	3.84448172535439
ENSG00000288471.1	3.76186940475262	3.84448172535439

Dane i
hipoteza

Input i metody

Wyniki i
analiza
pomocnicza

Korelacja
między
rozwarciem
chromatyny, a
aktywnością
promotora /
ekspresją
genów

N. Grodzka,
D. Boiko, M.
Hryc

Dane i
hipoteza

Input i metody

Wyniki i
analiza
pomocnicza

Wyniki i analiza pomocnicza

Korelacja między
rozwarciem
chromatyny, a
aktywnością
promotora /
ekspresją
genów

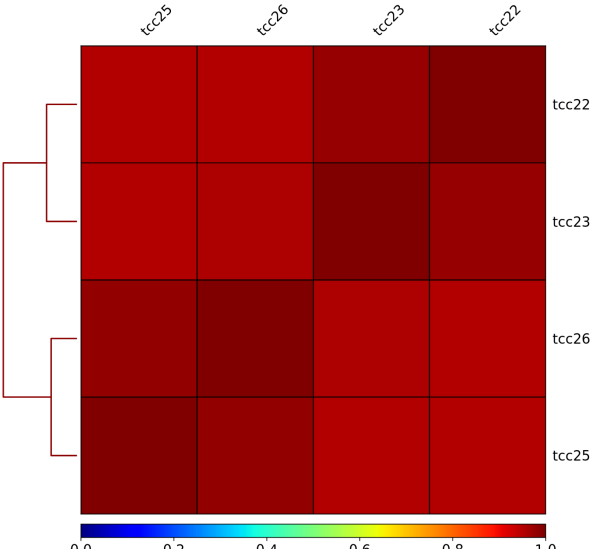
N. Grodzka,
D. Boiko, M.
Hryc

Dane i
hipoteza

Input i metody

Wyniki i
analiza
pomocnicza

Korelacja między próbami ATAC



Korelacja między rozwarciem chromatyny, a aktywnością promotora / ekspresją genów

N. Grodzka, D. Boiko, M. Hryc

Dane i hipoteza

Input i metody

Wyniki i analiza pomocnicza

PCA dla prób ATAC

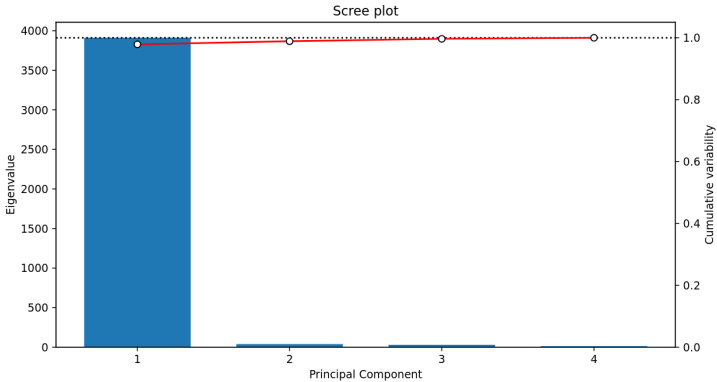


Figure 2: PCA1

Wyniki

Korelacja Pearson'a - siła linowej relacji

Dla wszystkich próbek mieściła się w zakresie:
od -0.0057 do 0.00957

Korelacja Spearman'a - siła monotonicznej relacji

Dla wszystkich próbek mieściła się w zakresie: od -0.10550 do
-0.09822

Interpretacja

Korelacja o wartości absolutnej poniżej 0.3 jest określana jako nieistotna (ang. negligible), co oznacza, że w analizowanych danych nie występuje zależność między dostępnością chromatyny w okolicy TSS a transkrypcją RNA.