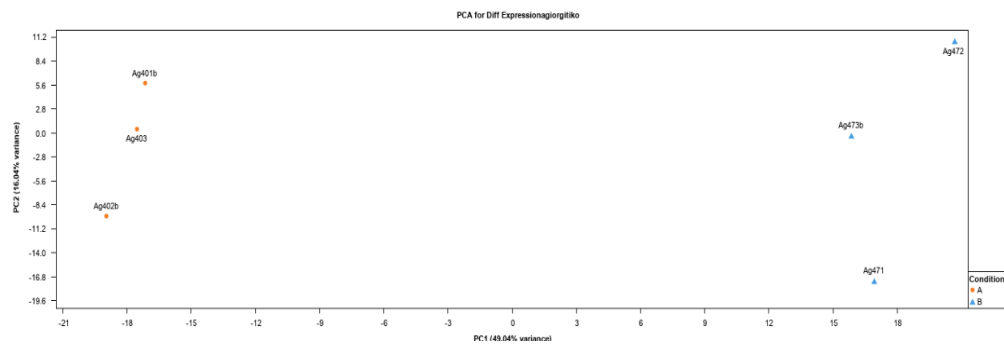
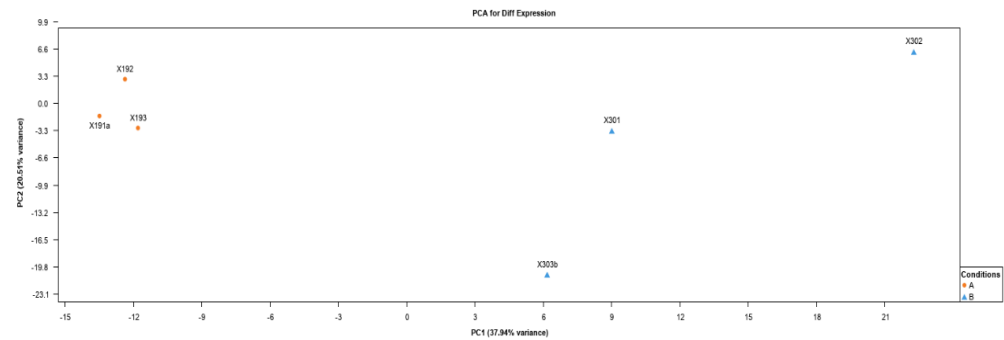
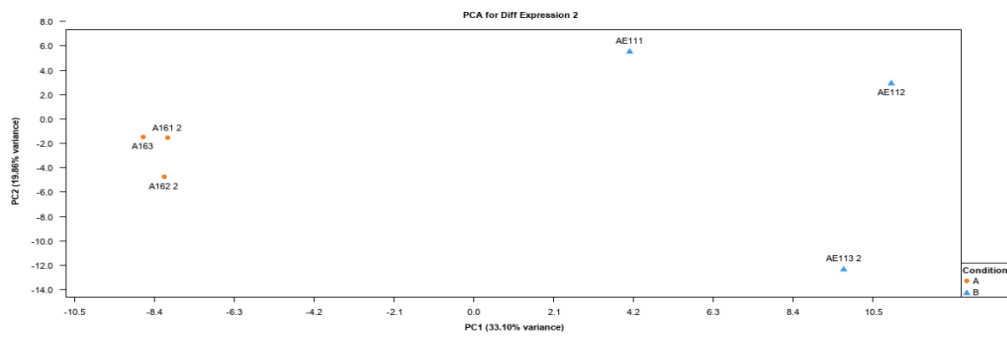
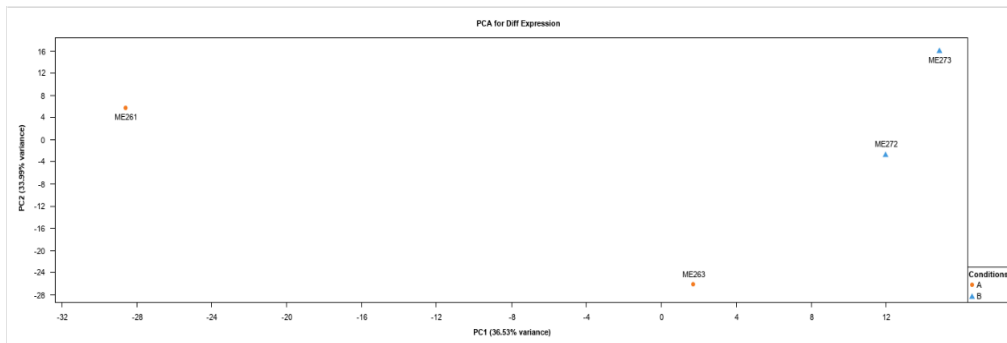
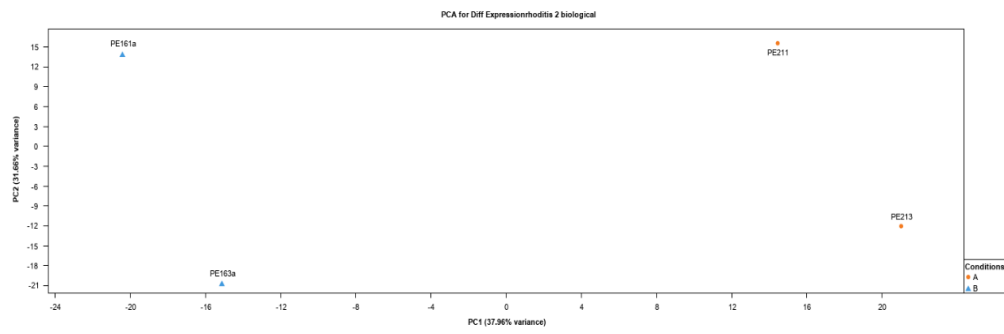
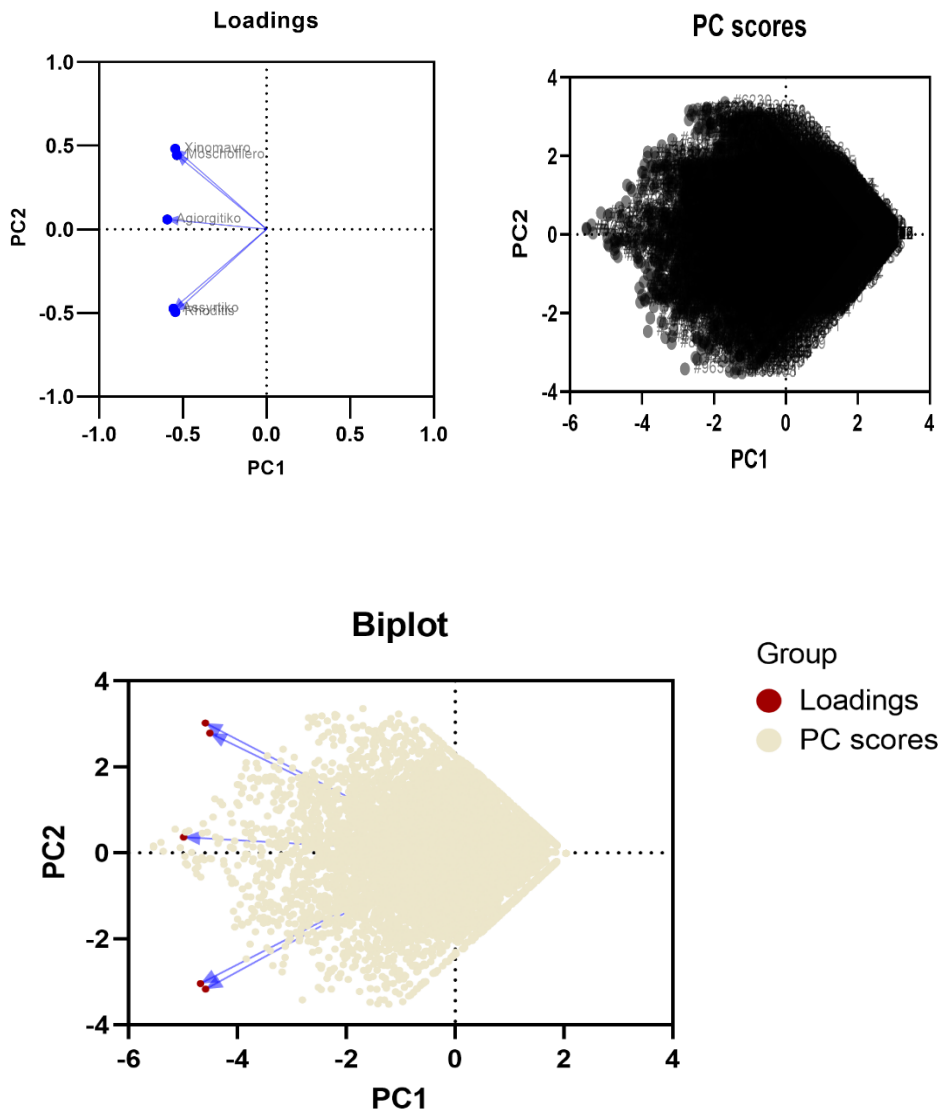


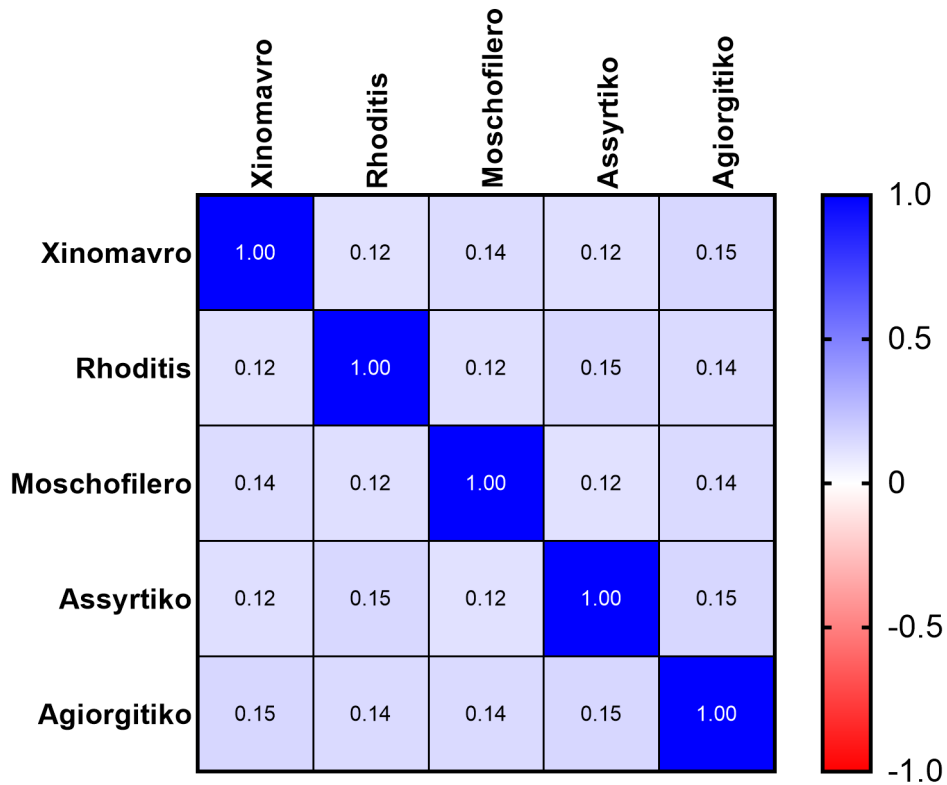
PCA transcriptomic data high vs low



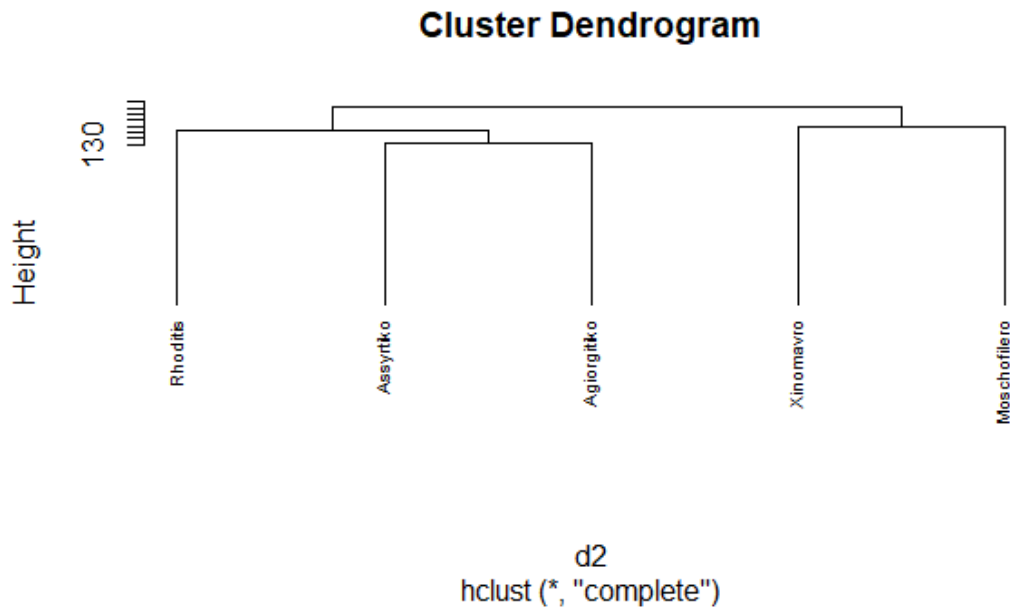
Εικόνα 1: PCA διαγράμματα των δύο κλώνων κάθε ποικιλίας, από "φτωχότερων" κλώνων (A: Ασύρτικο AE11, Αγιωργίτικο Ag40, Μοσχοφίλερο ME26, Ροδίτης PE21, και Ξινόμαυρο X19) έναντι των αρωματικών (B: Ασύρτικο A16, Αγιωργίτικο Ag47, Μοσχοφίλερο ME27, Ροδίτης PE16, Ξινόμαυρο X30 (ομάδα A vs ομάδα B). Τα δεδομένα αντιπροσωπεύουν την έκφραση των γονιδίων από την μεταγραφομική ανάλυση πέντε ελληνικών ποικιλιών



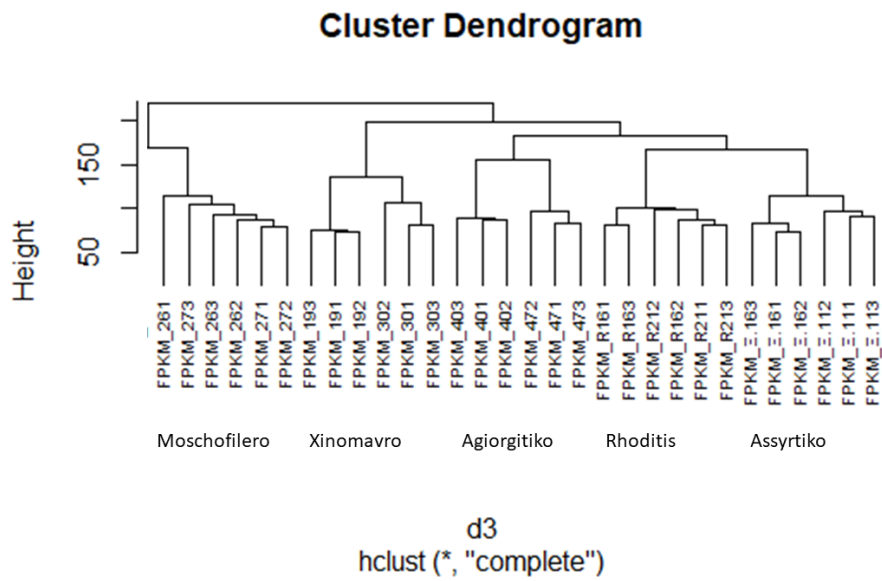
Εικόνα 2: PCA ανάλυση με τις μέσες τιμές έκφρασης των γονιδίων σε πέντε ποικιλίες, Ασύρτικο, Μοσχοφίλερο, Ξινόμαυρο, Ροδίτης και Αγιωργίτικο. Σε κάθε ποικιλία συμπεριλήφθηκαν οι τιμές και των δύο κλώνων. Τα διαγράμματα παρουσιάζουν την κατανομή μόνο των ποικιλιών ή μόνο των γονιδίων και τέλος στο διάγραμμα biplot απεικονίζονται ταυτόχρονα οι ποικιλίες και η έκφραση των γονιδίων, δείχνοντας και των αριθμό των γονιδίων που ευθύνονται για την μετατόπιση των ποικιλιών στον άξονα.



Εικόνα 3: Correlation matrix μεταξύ των ποικιλιών, χρησιμοποιώντας τα δεδομένα έκφρασης των γονιδίων από RNA sequencing



Εικόνα 4: Hierarchical clustering analysis στα δεδομένα της έκφρασης των γονιδίων από την μεταγραφωματική ανάλυση των ποικιλιών στο στάδιο μέσης ωρίμανσης. Σε κάθε ποικιλία συμπεριλήφθηκαν οι τιμές και των δύο κλώνων.



Εικόνα 5: Hierarchical clustering analysis στα δεδομένα της έκφρασης των γονιδίων από την μεταγραφωμακή ανάλυση των ποικιλιών στο στάδιο μέσης ωρίμανσης και παρουσιάζονται οι βιολογικές επαναλήψεις κάθε κλώνου.