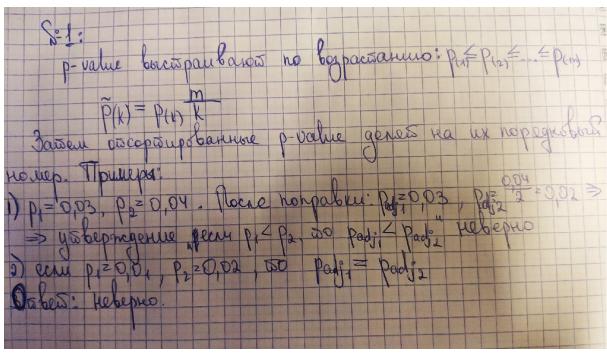
Nº1:



Nº5:

Rerun Using Options Create Sublist							
93 chart records							load File
Sublist	<u>Category</u>	<u>Term</u>	⇔ RT Ge	enes	Count \$	P-Value	₿enjamini \$
	GOTERM_CC_DIRECT	endocytic vesicle	<u>RT</u>		6 0	,0 1,8E-3	5,0E-1
	UP_KEYWORDS	<u>Lipid-binding</u>	<u>RT</u>		11 0	,0 2,0E-3	6,0E-1
	UP_SEQ_FEATURE	domain:FCH	<u>RT</u>		4 0	,0 3,6E-3	1,0E0
	GOTERM_BP_DIRECT	signal transduction	<u>RT</u>		31 0	,1 4,3E-3	1,0E0
	SMART	<u>FCH</u>	<u>RT</u>		4 0	,0 5,0E-3	6,8E-1
	GOTERM_BP_DIRECT	telomere capping	<u>RT</u>		4 0	,0 5,2E-3	1,0E0
	INTERPRO	FCH domain	<u>RT</u>		4 0	,0 5,6E-3	1,0E0
	UP_KEYWORDS	Transport	<u>RT</u>		47 0	,1 5,9E-3	8,9E-1
	UP_SEQ_FEATURE	domain:SH3	<u>RT</u>		9 0	,0 6,5E-3	1,0E0
	GOTERM_MF_DIRECT	ARF guanyl-nucleotide exchange factor activity	<u>RT</u>		4 0	,0 7,5E-3	1,0E0

Для p-value программа часто находит значимо перепредставленные категории генов. P-value очень маленький, соответственно вероятность отклонить верную гипотезу низкая.

Для Benjamini значения большие, программа считает, что полученные значения для генов случайны.