

№1:

№1:
 p -value выстраивают по возрастанию: $p_{(1)} \leq p_{(2)} \leq \dots \leq p_{(m)}$
 $\tilde{p}(k) = p_{(k)} \frac{m}{k}$
 Затем отсортированные p -value геней на их порядковый номер. Примеры:
 1) $p_1 = 0,03$, $p_2 = 0,04$. После поправки: $p_{adj1} = 0,03$, $p_{adj2} = \frac{0,04}{2} = 0,02 \Rightarrow$
 \Rightarrow утверждение, если $p_1 < p_2$, то $p_{adj1} < p_{adj2}$ неверно
 2) если $p_1 = 0,01$, $p_2 = 0,02$, то $p_{adj1} = p_{adj2}$
 Ответ: неверно.

№5:

Rerun Using Options

Create Sublist

93 chart records

Download File

Sublist	Category	Term	RT	Genes	Count	%	P-Value	Benjamini
<input type="checkbox"/>	GOTERM_CC_DIRECT	endocytic vesicle	RT		6	0,0	1,8E-3	5,0E-1
<input type="checkbox"/>	UP_KEYWORDS	Lipid-binding	RT		11	0,0	2,0E-3	6,0E-1
<input type="checkbox"/>	UP_SEQ_FEATURE	domain:FCH	RT		4	0,0	3,6E-3	1,0E0
<input type="checkbox"/>	GOTERM_BP_DIRECT	signal transduction	RT		31	0,1	4,3E-3	1,0E0
<input type="checkbox"/>	SMART	FCH	RT		4	0,0	5,0E-3	6,8E-1
<input type="checkbox"/>	GOTERM_BP_DIRECT	telomere capping	RT		4	0,0	5,2E-3	1,0E0
<input type="checkbox"/>	INTERPRO	FCH domain	RT		4	0,0	5,6E-3	1,0E0
<input type="checkbox"/>	UP_KEYWORDS	Transport	RT		47	0,1	5,9E-3	8,9E-1
<input type="checkbox"/>	UP_SEQ_FEATURE	domain:SH3	RT		9	0,0	6,5E-3	1,0E0
<input type="checkbox"/>	GOTERM_MF_DIRECT	ARF guanyl-nucleotide exchange factor activity	RT		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.