

Análisis funcional. Sobrerrepresentación

Las funciones anotadas a un grupo de genes de interés se comparan contra las funciones anotadas a un grupo de genes de referencia.

Para cada función, se evaluará estadísticamente (test exacto de Fisher...) la proporción de genes con la anotación a esta función en cada una de las dos listas. De este modo será posible detectar una sobrerrepresentación significativa en alguna de las listas, es decir, ese grupo de genes estará enriquecido con la función valorada.

Hipótesis nula: La representación de mis genes de interés en una categoría funcional es igual a la representación del background en esa categoría.

	background	genes de interés	total
en categoría	1	3	4
no en categoría	11	9	20
total	12	12	48
<u>Test Fisher</u>			

$$p = \frac{\binom{a+b}{a} \binom{c+d}{c}}{\binom{n}{a+c}} = \frac{(a+b)! (c+d)! (a+c)! (b+d)!}{a! b! c! d! n!}$$

$$p = 1.13 \cdot 10^{-29}$$

Los p-values deben corregirse por test múltiples.