

Permutation test の検証

2016.03.14

ファイル名：

PG_only_simu.permtest_20160313.R

読み込みデータファイル名 (RData)：

Selevsek_2015_all_Selevsek_20160123.RData

読み込みデータファイル名 (関数)：

func_for_permutest_of_Rho_20151124.R

OldFunc_20151125.R

func_for_calcEscore_20160123.R

[読み込みデータ]
Selevsek,2015

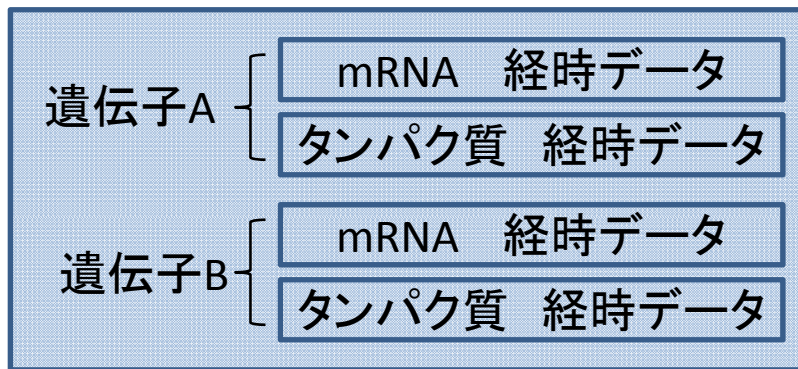
C_args 第1引数で
ファイル名を指定

C_args 第2引数で指定した
遺伝子の経時データを抽出
例：

遺伝子A:YDL110C

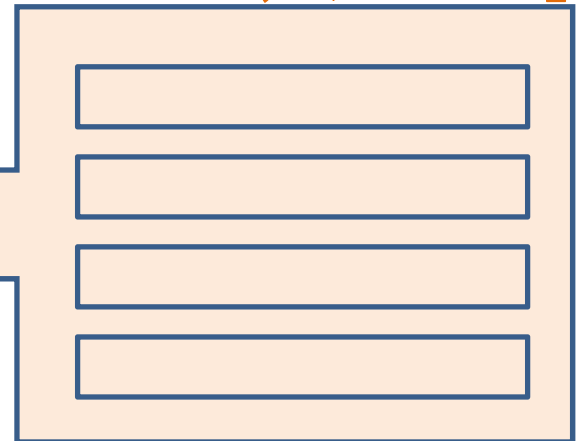
遺伝子B:YDR122W

「タネ データ」



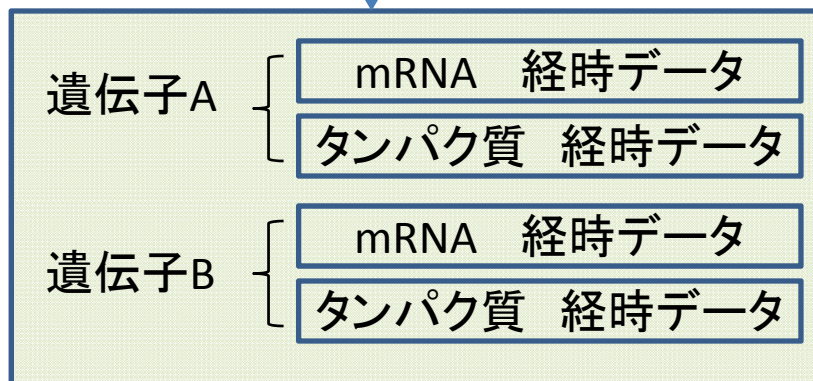
sim.dat.seed

「ランダムノイズ」



足す

シミュレーション
データ

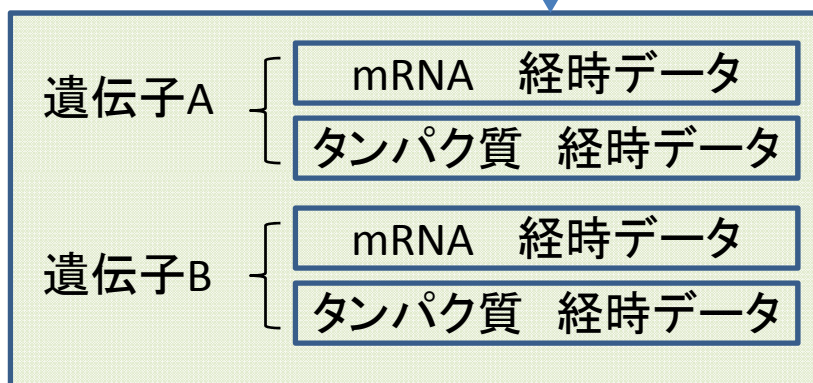


sim.dat

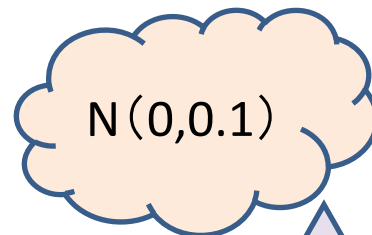
ランダム
サンプリング

$N(0,0.1)$

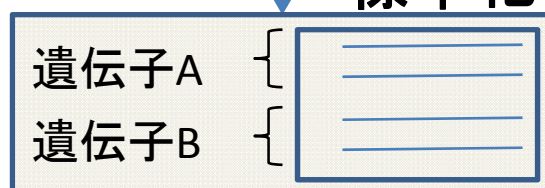
シミュレーション
データ



↑ ランダム
サンプリング



標準化



遺伝子A
経時プロット

遺伝子B
経時プロット

散布図

正解
データ

NO

(行結合)

sim.dat.out
データフレーム

YES

(行結合)

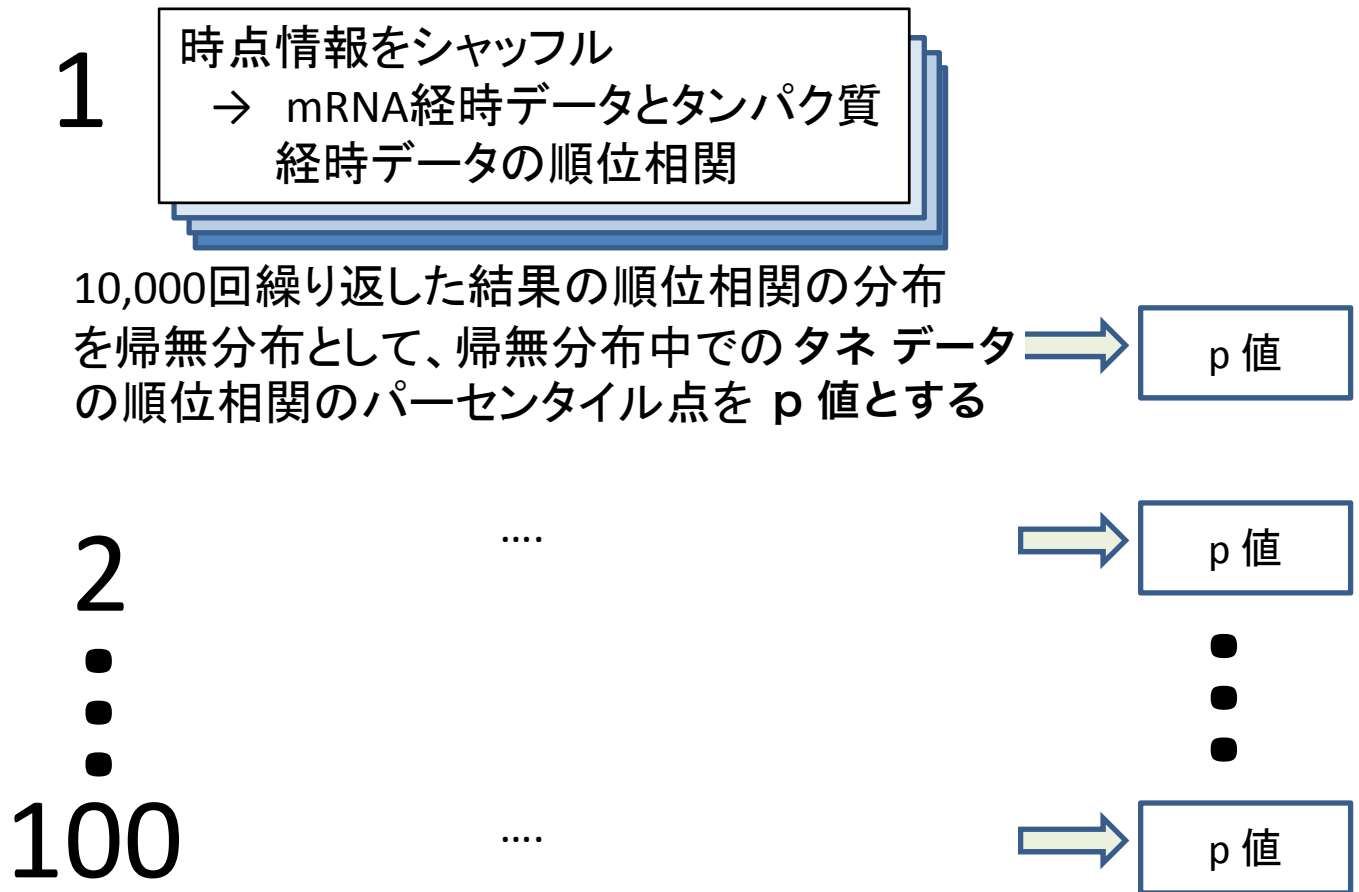
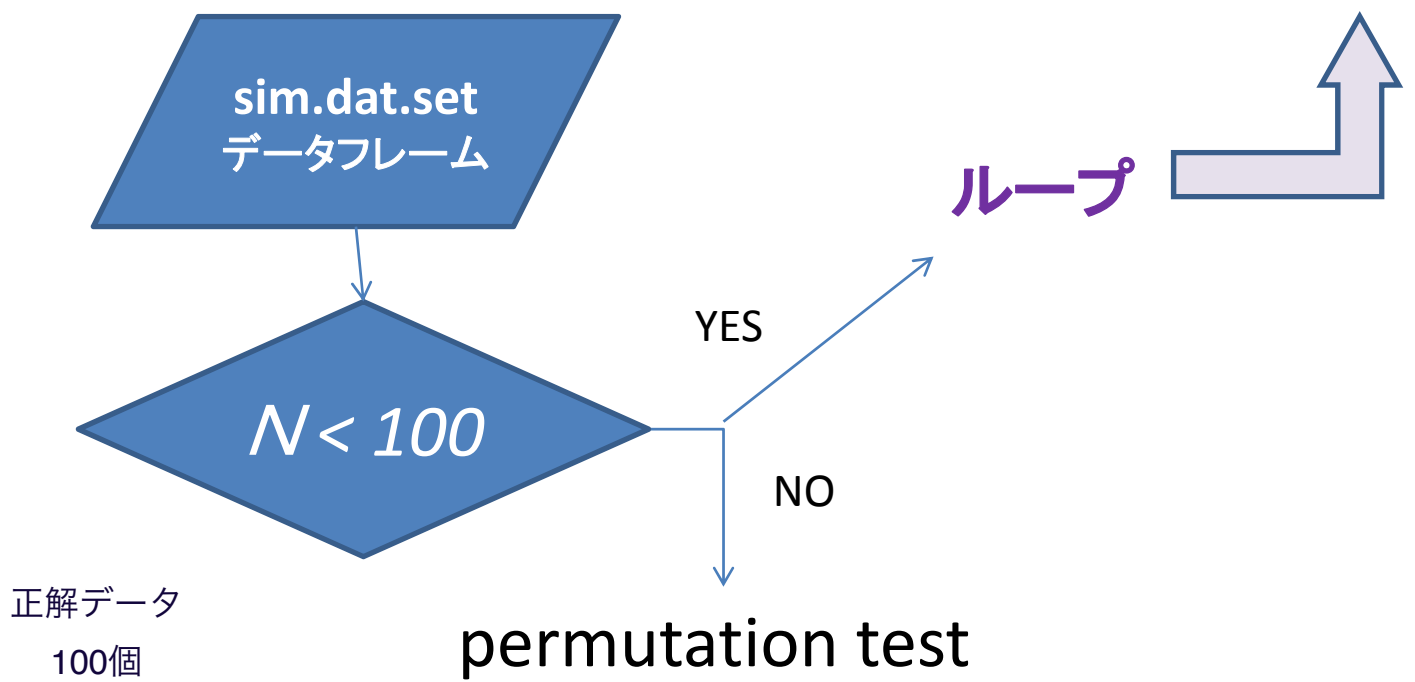
sim.dat.set
データフレーム

$N < 100$

YES

NO

ループ



➡ いずれの正解データにおいても、
 $p_{FDR} < 0.05$ となることを確認する。

ランダムノイズ (Page 2.)

「タネ データの「1時点目は0」というルールを引き継ぎ、1時点目にはランダムノイズを足さない。」

正解データの定義 (Page 3.)

「タネ データにランダムノイズを足したデータで、順位相関係数の値が、タネデータで計算した順位相関係数の値以上、もしくは以下でも 差が0.1を上回らない」