

Übung 7

7.1)

	X			X _{sort}			\bar{X}_{sort}	rank (\bar{X}_{sort})
	A	B	C	A	B	C		
G ₁	22	2	3	17,5	0,5	0	6	I
G ₂	20	1	1	18	0,5	0	6,16	II
G ₃	18	0.5	0	→ 15	1	1	→ 7	→ III
G ₄	19	1	5	19	1	1	7	IV
G ₅	19	2.5	1	20	1,5	3	8,16	V
G ₆	23	1.5	7	22	2	5	9,66	VI
G ₇	17.5	0.5	0	23	2,5	7	10,83	VII

rank(X)				X _{norm}		
A	B	C		A	B	C
VI	VI	V		9,66	9,66	8,16
V	III	III		8,16	7	7
II	I	I	→	6,16	6	6
III	IV	VI		7	7	9,66
IV	VII	IV		7	10,83	7
VII	V	VII		10,83	8,16	10,83
I	II	II		6	6,16	6,16

7.2)

A	42	39	38	60	41		
B	38	42	56	64	68	69	62

$$\alpha = 0,05$$

s² - Varianz

s - Standardabweichung

FG - Freiheitsgrade

$$Z = \frac{\bar{A} - \bar{B}}{s \cdot \sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}}}$$

$$s^2 = \frac{1}{n_1 + n_2 - 2} \cdot \left(\sum_{i=1}^{n_1} (A_i - \bar{A})^2 + \sum_{i=1}^{n_2} (B_i - \bar{B})^2 \right)$$

$$\bar{A} = 44 \quad \bar{B} = 57$$

$$s^2 = \frac{1}{5+7-2} \cdot \left((-2)^2 + (-5)^2 + (-6)^2 + 16^2 + (-3)^2 + (-19)^2 + (-15)^2 + (-1)^2 \right.$$

$$\left. + 7^2 + 11^2 + 12^2 + 5^2 \right)$$

$$s^2 = 125,6$$

$$S = \sqrt{125,6} = 11,2$$

$$Z = \frac{57-44}{11,2 \cdot \sqrt{\frac{1}{5} + \frac{1}{7}}} = 1,982$$

$$FG = df = n_1 + n_2 - 2 = 10$$

→ Quantil-Wert für $FG = 10$ und $\alpha = 0,05$ aus Tabelle: 1,812

→ mit Ergebnis vergleichen: $z = 1,982 > 1,812$

⇒ Nullhypothese kann mit Irrtumswahrscheinlichkeit von 5% verworfen werden, da das Ergebnis der Teststatistik z größer ist als das Quantil der t -Verteilung

⇒ Die Genexpressionswerte der beiden Gruppen A und B weichen signifikant voneinander ab

7.3)

Gene:	HER2	RAS	BRCA1	BRCA2	p53	TFAM	COX1
p-Value:	10^{-8}	10^{-6}	10^{-5}	10^{-4}	$10^{-3,8}$	10^{-3}	0.04

→ 1000 Gene getestet

→ je mehr Tests, desto höher wird die Fehlerwahrscheinlichkeit

→ Bonferroni-Korrektur, um Signifikanzniveau anzupassen

$$\alpha_{\text{adj}} = \frac{\alpha}{\# \text{Gene}} = \frac{0,05}{1000} = 5 \cdot 10^{-5}$$

nach Bonferroni-Korrektur noch signifikante Gene

→ ich vermute, dass es sich bei den verglichenen Geweben um Tumorgewebe und gesundes Gewebe handelt

→ die untersuchten Gene sind in Tumorgewebe häufig hochreguliert/
mutiert

1. Wieviele Gene sind in ihrer Expression erhöht?

- Anzahl + Verteilung der Punkte bleibt gleich

↳ wird Signifikanzschwelle erhöht, erscheinen mehr Punkte farbig

$$p < 10^{-11}$$