7.1) Quantil-lamplisierung Xsord 17,5 0,5 0 18 0,5 1 19 1,5 10 1,5 A 22 G_2 20 18 0.5 0 19 19 2.5 23 1.5

 \times sorb

52 = 114,18 \-

5 = 10,69

A: n=5, A=44

B: n=7, B=57 S = (4+25+36+256+3+361+225+1+43+121+144+5)

17.5

rank (X)

Ш

W

1

İΠ

B:38-57 7/B

42-57

56-57

64-57 68-57

69-57=12

62-57=5

Quadrierd: A: 42-44 33-44 25 38-44 60-44 = 16 41-44 = -3

7.2) Student E-Test 5\1+1 00

36 J

aas

1

49

101

144 25

Xvou

rank (Xsort)

$$2 = 57 - 44 = 2,08$$
 df: $5+7-2=10$

aus Tabelle: + (10,0,05) = 2,228

Southypothese (deide littelwerte) kan nicht verworten werden) SEXTRESSION underschoidest Sich nicht Signifikant

L) Expression undersolvided sich nicht signifikand L) Expression des Gens hat Vermutlich keinen Einfluss out Entstehung der Krankheid

Gene:
$$\begin{vmatrix} HER2 & RAS & BRCA1 & BRCA2 & p53 & TFAM & COX1 \\ p-Value: \begin{vmatrix} 10^{-8} & 10^{-6} & 10^{-5} & 10^{-4} & 10^{-3.8} & 10^{-3} & 0.04 \end{vmatrix}$$
 $\mathcal{C} = 0, 0.5$

-> bei Test von hoher Anzall an Genen gibt es auch signifikante Zall an Expressionen, die nur alunch Jurall arwantet wird (walnut einlichteit für Fehler 1. And erhöht sich)

-> bei 200 Genen und 0 = 0.05 werden 5 falsel positive Genex pressionen cruorbet La muss mit Bontemoni - Korreldur angepasset werden:

p-wert besser ist als 5-10-4

Signifikande Gene: HERD, RAS, BRCA1, BRCAD