

# Kdy použít jakou metodu pathway analýzy

Eva Budinská

Podzim 2023

Kategorie		Podle toho s jakým seznamem genů pracují	
		<b>Metody dělicí hranice</b> (Nutno stanovit dělicí hranici – alfa hladinu – pro p-hodnotu dle které určíme významné geny a pak pracujeme jenom s významnými geny)	<b>Metody celého seznamu genů</b> (Pracuje s p-hodnotami nebo jejich pořadím i u nevýznamných genů.)
<b>Podle toho jak pracují s genovými sadami</b>	<b>Uzavřené</b> (Berou v potaz pouze geny z genové sady)	Binomický test Hypergeometrický test	Kolmogorův-Smirnův test na rozložení p-hodnot genů v sadě
	<b>Kompetitivní</b> (Porovnávají geny z genové sady k zbytku genů, které nejsou v sadě)	Fisherův test Chí-kvadrát test	Kolmogorův-Smirnův test na rozložení pořadí p-hodnot v sadě (pořadí se počítá ze všech testovaných genů, i nevýznamných)

Kategorie		Podle toho s jakým seznamem genů pracují		
		<b>Metody dělicí hranice</b> (Nutno stanovit dělicí hranici – alfa hladinu – pro p-hodnotu dle které určíme významné geny a pak pracujeme jenom s významnými geny)	<b>Metody celého seznamu genů</b> (Pracuje s p-hodnotami nebo jejich pořadím i u nevýznamných genů.)	
<b>Podle toho jak pracují s genovými sadami</b>	<b>Uzavřené</b> (Berou v potaz pouze geny z genové sady)	Pokud očekávám, že většina genů bude odlišně exprimována a mám dostatečně velký počet vzorků na skupinu.	Pokud máme malý nebo velký počet vzorků ve skupině a očekáváme většinu genů odlišně exprimovanou.	Mívají často falešně pozitivní výsledky  Doporučuje se pokud očekáváme, že většina genů bude odlišně exprimována.
	<b>Kompetitivní</b> (Porovnávají geny z genové sady k zbytku genů, které nejsou v sadě)	Pokud očekáváme, že většina nebude odlišně exprimována (celotranskriptomika), a mám dostatečný počet vzorků na skupinu.	Pokud očekáváme, že většina nebude odlišně exprimována (celotranskriptomika), pro malý i velký počet vzorků na skupinu.	Pokud očekáváme, že většina nebude odlišně exprimována (celotranskriptomika)
		U experimentů s malým počtem vzorků (v skupinách) nevyjde významně žádná sada, nebo pouze málo, protože většina genů nemusí být významná.	Vhodné na experimenty s malým i velkým počtem vzorků. Zejména pokud je malé N na skupinu, tak často jediná možnost.	