

Tasa de Falsos Positivos en Microarreglos

False Discovery Rate in Microarrays

Jorge Iván Vélez ^{1,2,*} Juan Carlos Correa ²

Junio 14, 2010

¹ Graduate Student, Department of Statistics, The George Washington University, Washington, DC, USA 20052.

² Escuela de Estadística, Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín, Medellín, Colombia.

*E-mail: jorgeivanvelez@gmail.com

Resumen

Los microarreglos son ampliamente utilizados en medicina para el análisis del genoma. En este tipo de experimentos se miden los niveles de intensidad de fluorescencia de m genes en casos y controles y es de interés identificar aquellos genes diferencialmente expresados (DEs). Para ello se utilizan, por lo general, pruebas t o de permutación, que comparan los niveles de expresión promedio para el gen i , $i = 1, \dots, m$, entre ambos grupos. La tasa de falsos positivos (FDR) se define como la proporción de hipótesis nulas verdaderas que resultan ser rechazadas dentro del total de hipótesis rechazadas; en este contexto, esta corresponde a la proporción esperada de genes DEs que en realidad no lo están. En este trabajo se presenta una aplicación en la que se tienen niveles de expresión para 3051 genes y 38 muestras de mRNA (27 casos y 11 controles) y se evalúa, vía simulación, el efecto de m en la FDR y en la proporción de genes DEs que se detectarían vía los procedimientos t , Bonferroni y basados en permutación.

Palabras clave: FDR, Microarreglos, Genética.

Referencias

1. Benjamini, Y., Hochberg, Y. (1995), “Controlling the False Discovery Rate: A Practical and Powerful Approach to Multiple Testing”, *Journal of the Royal Statistical Society, Ser. B*, **57**, No. 1, pp. 289-300.
2. Nguyen, DV., Bulak Apart, A., Wang, N., Carrol, R. J. (2002), “DNA Microarray Experiments: Biological and Technological Aspects”, *Biometrics* **58**, 701-717, December 2002.