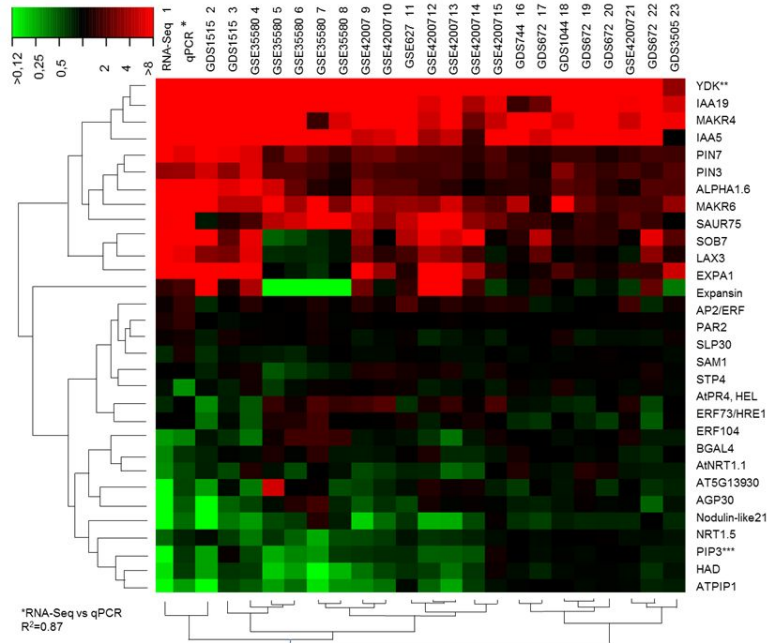


Что делать со списком дифференциально экспрессирующихся генов?



Результатов: примерно 2 000 000 (0,11 сек.)

[HTML] A **genome-wide transcriptional analysis** of the mitotic cell cycle

RJ Cho, MJ Campbell, EA Winzeler, L Steinmetz... - Molecular cell, 1998 - Elsevier

Progression through the eukaryotic cell cycle is known to be both regulated and accompanied by periodic fluctuation in the expression levels of numerous genes. We report here the **genome-wide** characterization of mRNA transcript levels during the cell cycle of the

Цитируется: 2468 Похожие статьи Все версии статьи (16) Цитировать Сохранить

A **genome-wide transcriptional analysis** using Arabidopsis thaliana Affymetrix gene chips determined plant responses to phosphate deprivation

J Misson, KG Raghothama, A Jain... - Proceedings of the ..., 2005 - National Acad Sciences

Abstract Phosphorus, one of the essential elements for plants, is often a limiting nutrient because of its low availability and mobility in soils. Significant changes in plant morphology and biochemical processes are associated with phosphate (Pi) deficiency. However, the

Цитируется: 618 Похожие статьи Все версии статьи (19) Цитировать Сохранить

Genome-wide transcriptional analysis of aerobic and anaerobic chemostatic cultures of *Saccharomyces cerevisiae*

JJM Ter Linde, H Liang, RW Davis... - Journal of ..., 1999 - Am Soc Microbiol

ABSTRACT The yeast *Saccharomyces cerevisiae* is unique among eukaryotes in exhibiting fast growth in both the presence and the complete absence of oxygen. **Genome-wide transcriptional** adaptation to aerobiosis and anaerobiosis was studied in assays using DNA

Цитируется: 263 Похожие статьи Все версии статьи (10) Цитировать Сохранить

[HTML] **Genome-wide transcriptional analysis** of the *Arabidopsis thaliana* interaction with the plant pathogen *Pseudomonas syringae* pv. tomato DC3000 and the ...

R Thilmony, W Underwood, SY He - The Plant Journal, 2006 - Wiley Online Library

Summary *Pseudomonas syringae* pv. tomato DC3000 (Pst) is a virulent pathogen that causes disease on tomato and *Arabidopsis*. The type III secretion system (TTSS) plays a key role in pathogenesis by translocating virulence effectors from the bacteria into the plant host

[HTML] **Genome-wide analysis** reveals conserved **transcriptional** responses downstream of resting potential change in *Xenopus* embryos, axolotl regeneration, and ...

VP Pai, CJ Martyniuk, K Echeverri... - ..., 2016 - Wiley Online Library

Abstract Endogenous bioelectric signaling via changes in cellular resting potential (V mem) is a key regulator of patterning during regeneration and embryogenesis in numerous model systems. Depolarization of V mem has been functionally implicated in dedifferentiation,

Цитируется: 14 Похожие статьи Все версии статьи (8) Цитировать Сохранить

[HTML] Microglial physiology and pathophysiology: insights from **genome-wide transcriptional** profiling

A Crotti, RM Ransohoff - Immunity, 2016 - Elsevier

... Studies of the **transcriptional** control of tissue-resident macrophages have been performed largely on ... For microglia in particular, the crosstalk of **transcription** factors, such as PU.1, RUNX, and ... In the last few years, **genome-wide** sequencing technologies (RNA-seq and ChIP-seq ...

Цитируется: 43 Похожие статьи Все версии статьи (7) Цитировать Сохранить

Induced **Genome-Wide** Binding of Three *Arabidopsis* WRKY Transcription Factors during Early MAMP-Triggered Immunity

RP Birkenbihl, B Kracher, IE Somssich - The Plant Cell, 2016 - Am Soc Plant Biol

... 146 Nevertheless, manual inspection of binding sites using the Integrative **Genomics** Viewer (IGV; 147 ... TTGACT/C, termed the W-box. Within the 120 MB *Arabidopsis* Col0 **genome** (Tair10), 136,087 178 ... mirroring their **genomic** abundances. 205 ...

Цитируется: 3 Похожие статьи Все версии статьи (5) Цитировать Сохранить

[HTML] **Genome-Wide Transcriptional** Regulation and Chromosome Structural Arrangement by GalR in *E. coli*

Z Qian, A Trostel, DEA Lewis, SJ Lee, X He... - Frontiers in molecular ..., 2016 - ncbi.nlm.nih.gov

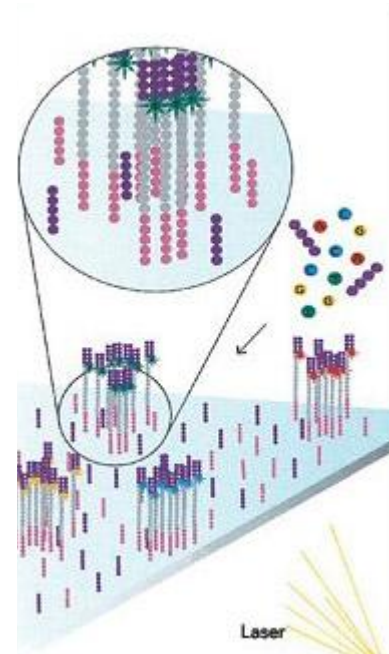
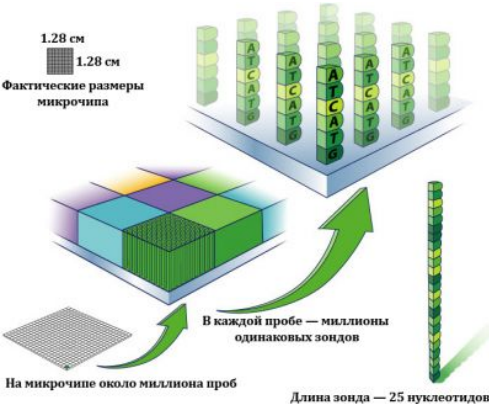
... is close to the observed 16.3 ± 0.1 bits/site from all the predicted **genomic** sites. ... we used transcriptome profiling to gain further insight into the impact of GalR on **genome-wide transcription**. ... The results of the **transcriptional analysis** are displayed in the MAT plot shown in Figure ...

Похожие статьи Все версии статьи (7) Цитировать Сохранить

Откуда взять список ДЭГов?

- Микрочип-эксперименты
- Секвенирование

транскриптомов разных типов клеток;
индуцированных транскриптомов;
транскриптомов мутантных организмов;
транскриптомов трансгенных организмов.

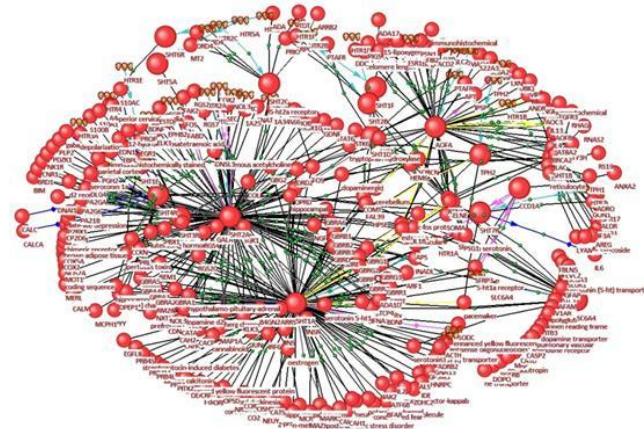
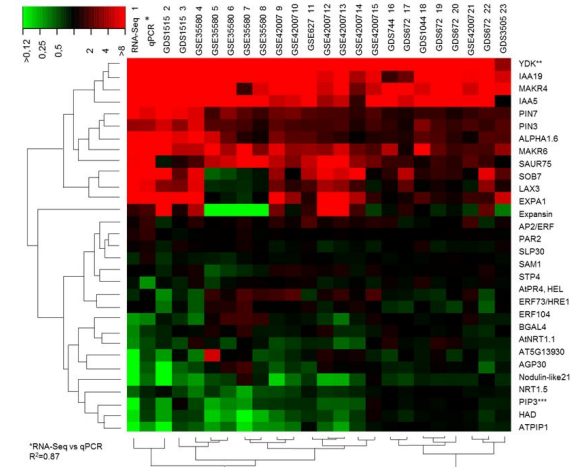


ID	K.IAA_baseMeanA	K.IAA_baseMean	K.IAA_foldChan	K.IAA_pval	K.IAA_padj
AT4G27260	65,35	2330,49	35,663	4,44E-138	9,07E-134
AT4G37390	39,56	1342,3	33,929	1,92E-110	1,96E-106
AT1G30760	32,76	1042,49	31,818	1,91E-96	1,30E-92
AT5G54510	45,63	1062,11	23,274	1,92E-75	9,82E-72
AT4G30140	16,77	603,22	35,976	1,76E-58	7,20E-55
AT2G14960	6,93	376,23	54,264	4,15E-58	1,41E-54
AT2G39700	15,36	401,86	26,158	5,49E-52	1,60E-48
AT2G23170	32,49	1698,18	52,264	6,35E-48	1,62E-44
AT5G44020	431,33	33,04	0,077	5,94E-46	1,35E-42
AT1G04680	34,21	444,34	12,987	2,64E-43	5,39E-40
AT3G02885	3,81	246,69	64,806	2,43E-42	4,52E-39
AT1G75750	420,5	37,96	0,09	4,37E-42	7,43E-39
AT2G19970	8,02	261,38	32,587	3,25E-40	5,10E-37
AT2G25450	667,62	98,62	0,148	1,06E-39	1,55E-36
AT4G15160	24,97	359,37	14,392	2,58E-39	3,51E-36
AT3G61430	853,06	95,64	0,112	2,30E-37	2,94E-34
AT3G13380	43,82	422,14	9,633	2,26E-36	2,72E-33
AT1G62660	1305,46	277,38	0,212	2,90E-36	3,29E-33
AT3G15540	3,13	196,56	62,863	4,66E-36	5,01E-33
AT1G32450	287,49	21,47	0,075	1,62E-35	1,65E-32
AT1G64390	44,55	414,26	9,299	4,29E-35	4,17E-32
AT1G77690	38,61	380,98	9,867	2,35E-34	2,19E-31
AT3G10870	4,44	196,25	44,192	3,88E-34	3,45E-31
AT1G13930	360,59	41,31	0,115	1,47E-33	1,25E-30
AT1G17060	25,42	309,61	12,178	6,62E-33	5,41E-30
AT1G28400	179,91	888,46	4,938	1,84E-32	1,45E-29

Список ДЭГов

Что можно сделать со списком ДЭГов?

- Функциональная аннотация;
- Анализ представленности функциональных групп генов (Gene Set Enrichment Analysis, GSEA);
- Поиск цис-регуляторных элементов;
- Генные сети;
- Коэкспрессия;
- Кластеризация;
- И др.

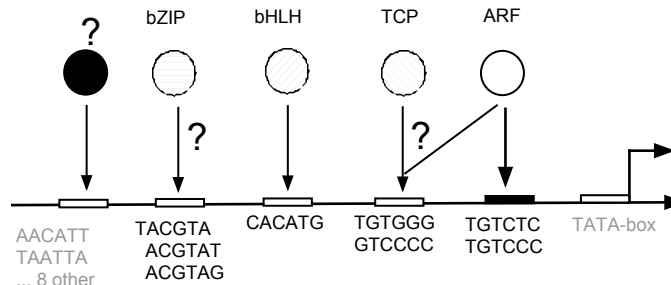


Что можно сделать со списком ДЭГов?

- Анализ представленности функциональных групп генов (Gene Set Enrichment Analysis, GSEA);
- Поиск цис-регуляторных элементов;
- Кластеризация;

➕МЕТА-АНАЛИЗ

- Функциональная аннотация групп;
- Генные сети;
- Коэкспрессия;
- etc.



Функциональная аннотация

Генная онтология (англ. *Gene Ontology*, или *GO*) — биоинформатический проект, посвященный созданию унифицированной терминологии для аннотации генов и генных продуктов всех биологических видов.

База данных «Генной онтологии» включает три словаря:

- **Молекулярные функции** — специфическая активность генного продукта на молекулярном уровне;
- **Биологические процессы** — сложные явления, необходимые для жизнедеятельности организмов;
- **Клеточные компоненты** — части клетки или внеклеточного пространства, где осуществляется функция.

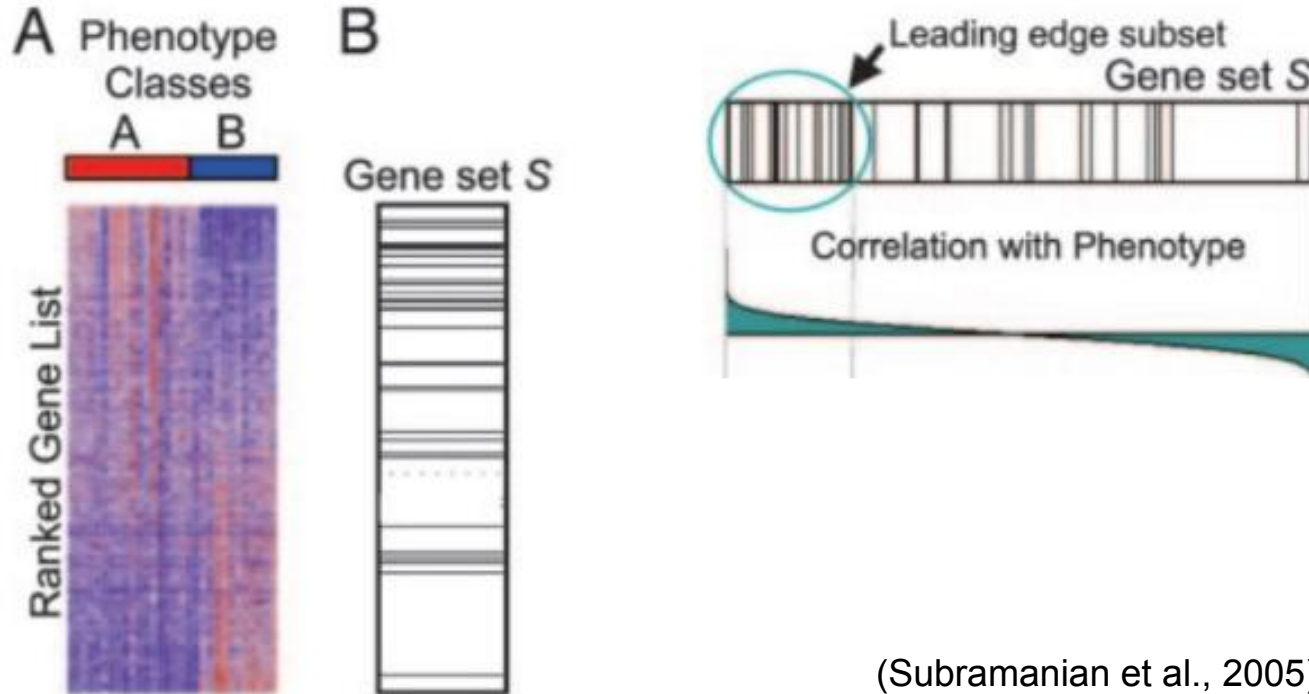
2016

более 44 тысяч терминов

более 460 тысяч аннотированных организмов

AgriGO
PANTHER
PlantRegMap
MSigDB
Broad Institute
Enrichr
GeneSCF
DAVID
AmiGO 2
GREAT
FunRich
InterMine

Анализ представленности функциональных групп генов (Gene Set Enrichment Analysis, GSEA)



(Subramanian et al., 2005)

***Arabidopsis thaliana* L.**

размер генома:

140 т.п.о.

5 хромосом

жизненный цикл:

6 недель

большое количество семян

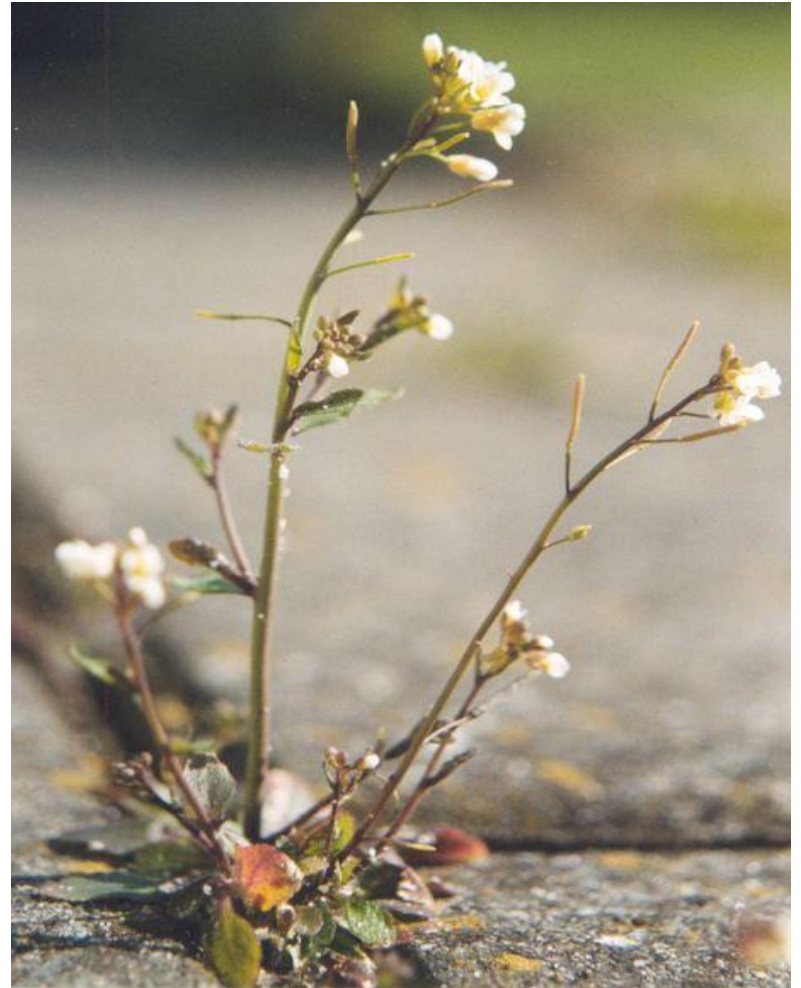
хорошо аннотирован:

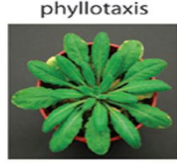
TAIR

Salk SNP Viewer

eFP browser

и др.

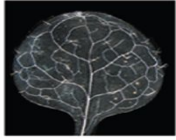




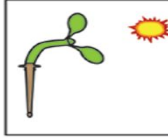
apical dominance



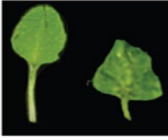
venation patterning



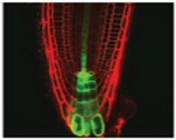
shoot tropisms



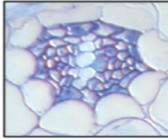
leaf shape



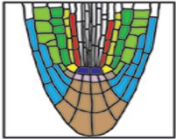
root growth and elongation



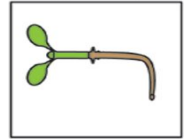
vasculature development



root patterning



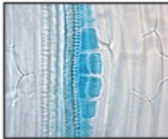
root gravitropism



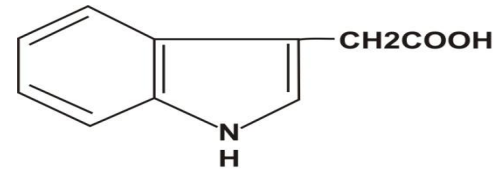
pathogen interaction



lateral root development

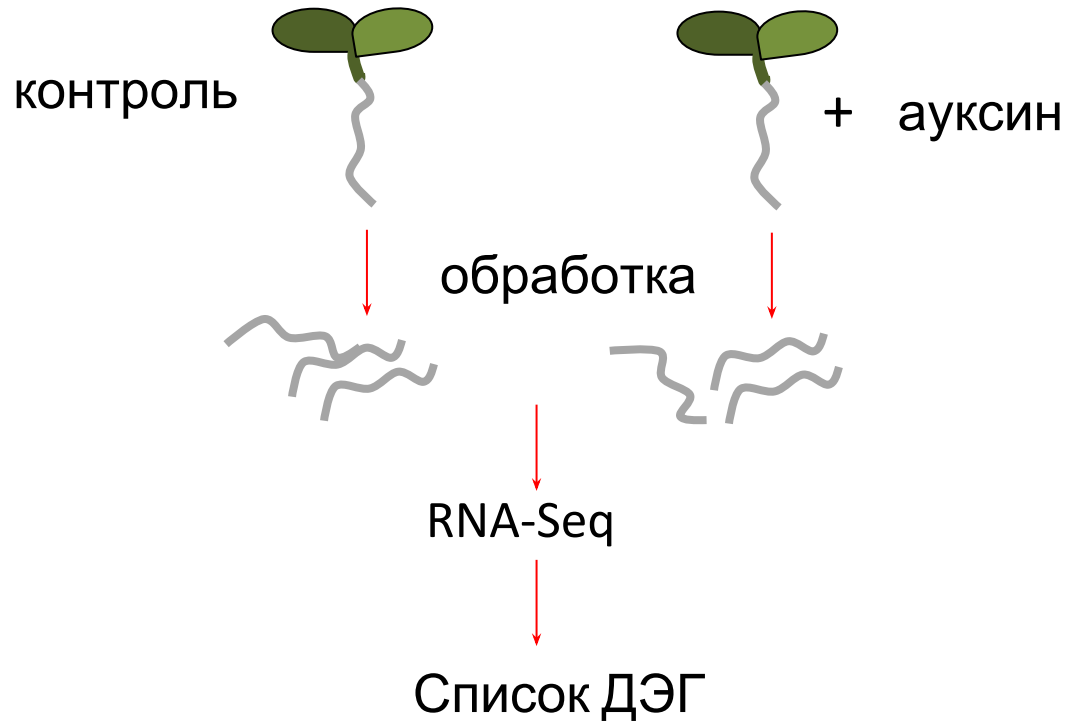


Ауксин - фитогормон,
основной регулятор роста
и развития растений

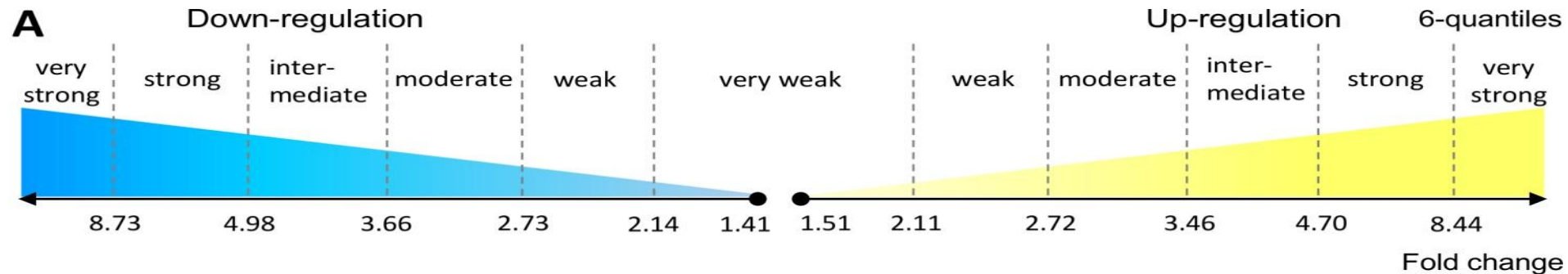


3-индолил-
уксусная кислота

Источник списка ДЭГов



Кластеризация генов по степени изменения экспрессии



+ объединения интервалов

Функциональная аннотация

- Функциональная аннотация групп, полученных при кластеризации списка ДЭГов;
- Выявление специфичных по степени экспрессии функциональных групп генов;
- Проверка результатов на независимых данных;

Поиск цис-регуляторных элементов

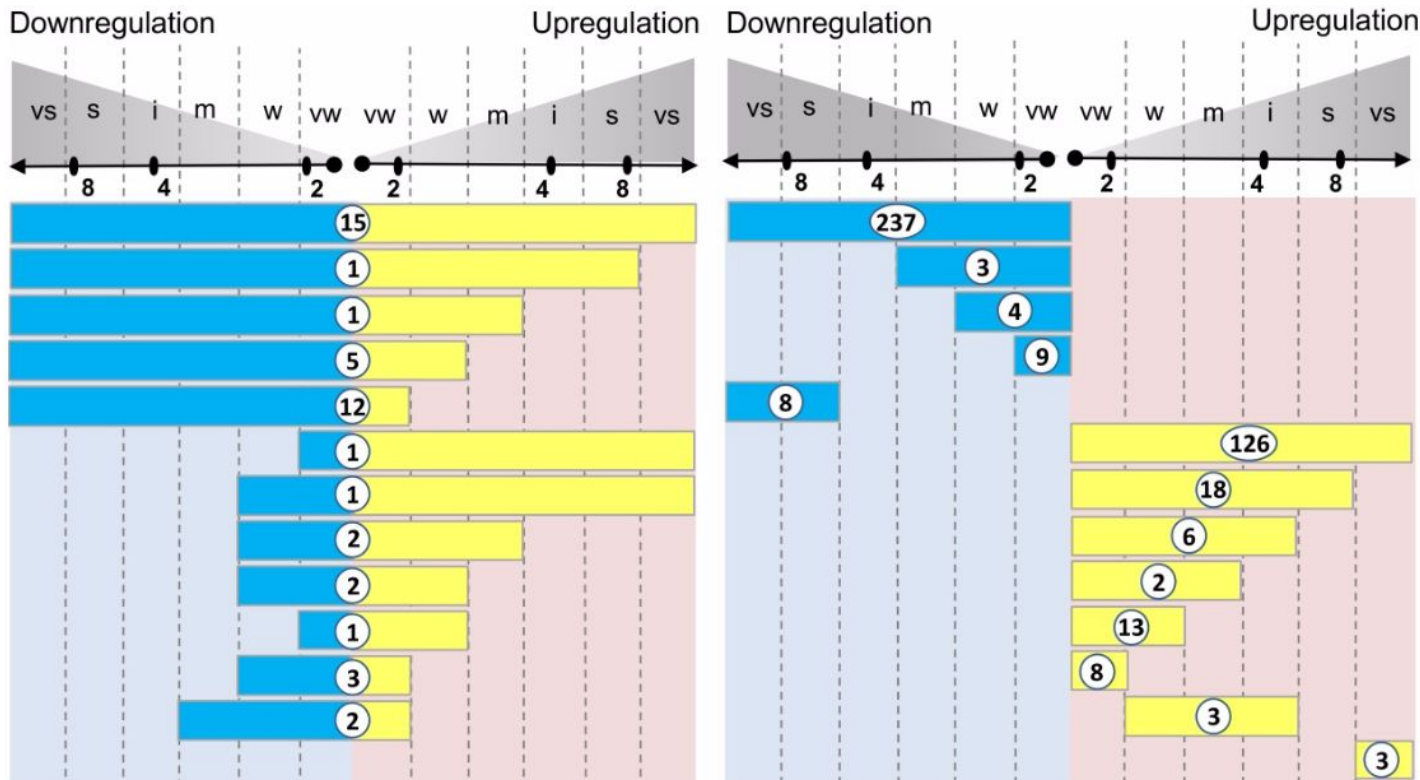
- обогащение цис-элементами промоторов ауксин-чувствительных генов;
- Анализ обнаруженных цис-элементов по нуклеотидному составу;
- Обогащение обнаруженных цис-элементов в районах с определенным типом хроматина;
- Обогащение обнаруженных цис-элементов в районах связывания транскрипционных факторов.

Целью нашей работы было выявить

- сопряженность степени изменения экспрессии генов в ответ на ауксин с разными функциональными группами генов;
- различия в регуляции ауксином этих групп.



Количество функциональных групп генов в каждом типе интенсивности и направления изменений экспрессии генов в ответе на ауксин

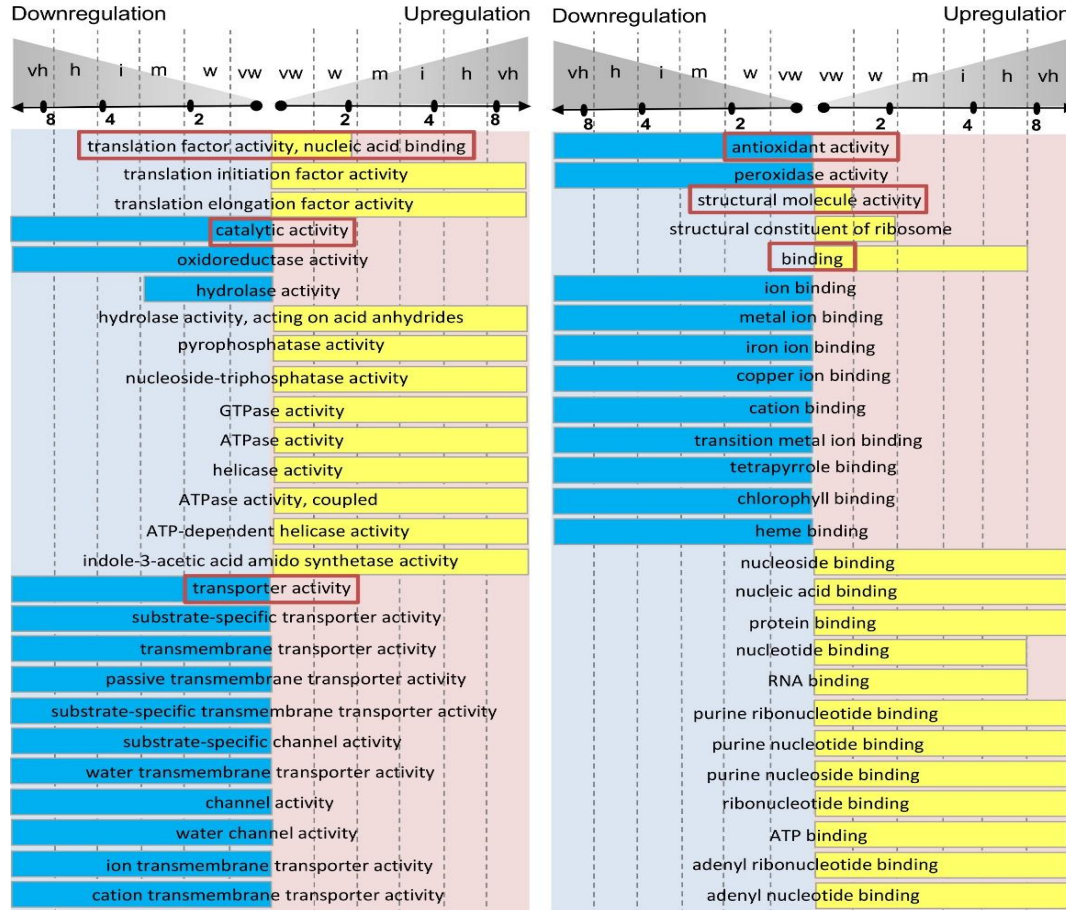


Функциональная аннотация

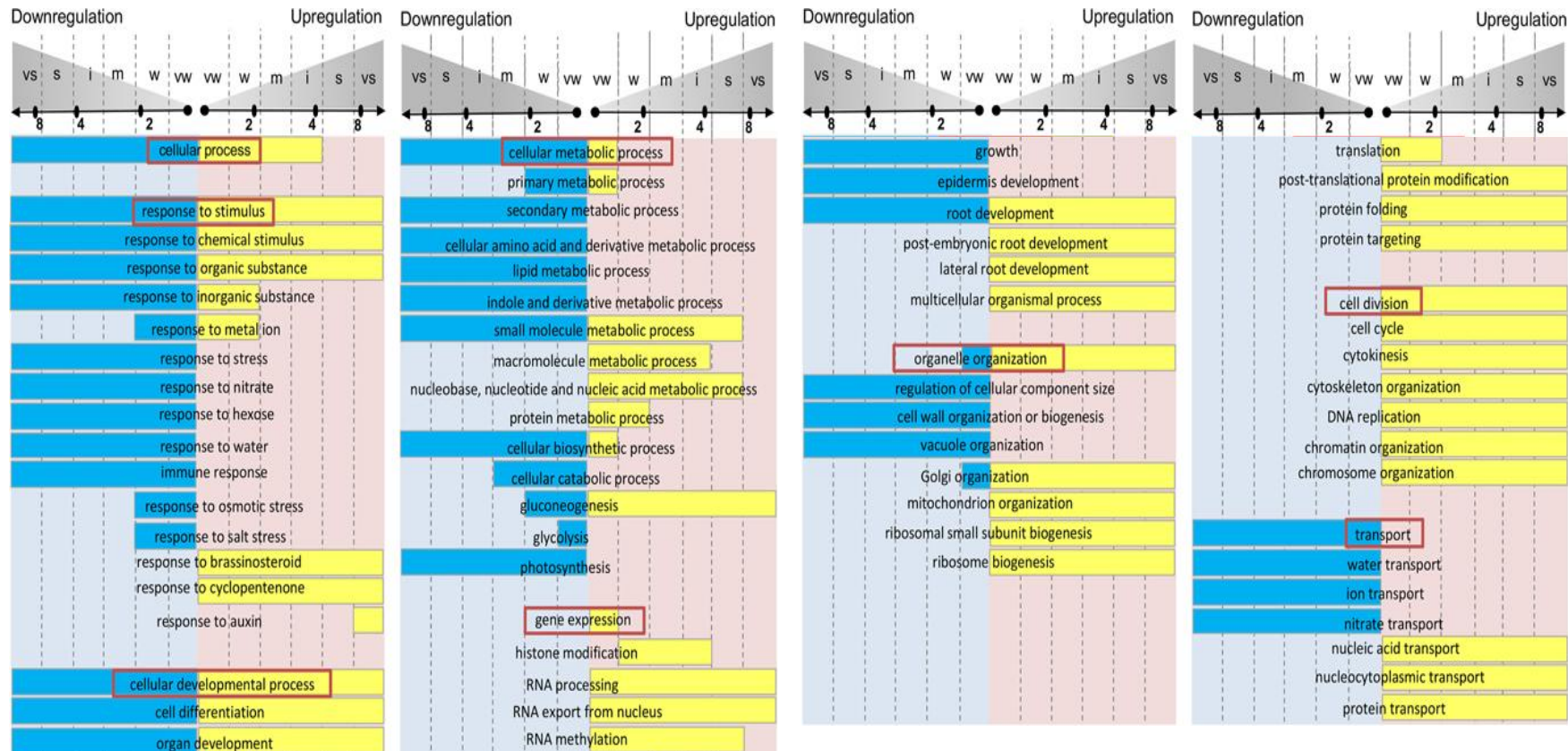
База данных «Генной онтологии» включает три словаря:

- **Молекулярные функции** — специфическая активность генного продукта на молекулярном уровне.
- **Биологические процессы** — сложные явления, необходимые для жизнедеятельности организмов
- **Клеточные компоненты** — части клетки или внеклеточного пространства, где осуществляется функция

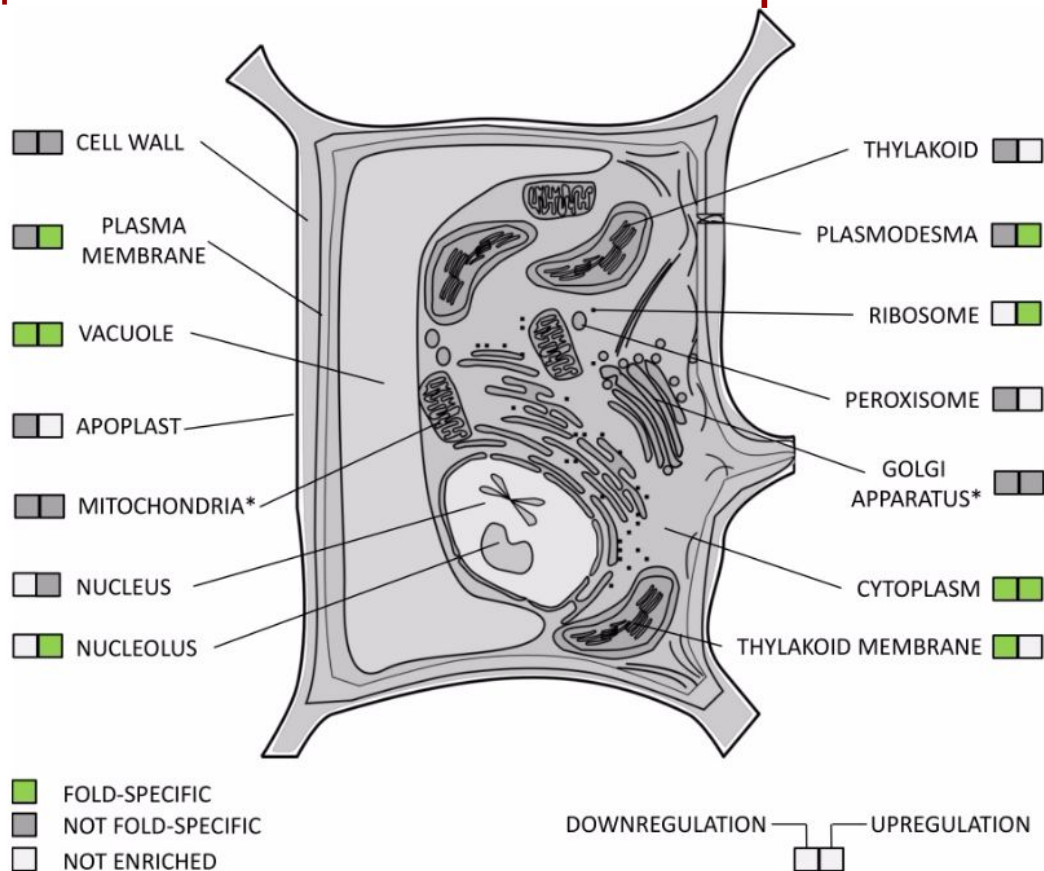
Регуляция ауксином генов, кодирующих белки с определенными молекулярными функциями



Регуляция ауксином биологических процессов



Регуляция ауксином генов, кодирующих белки с функциями, осуществляемыми в особых органеллах клеток



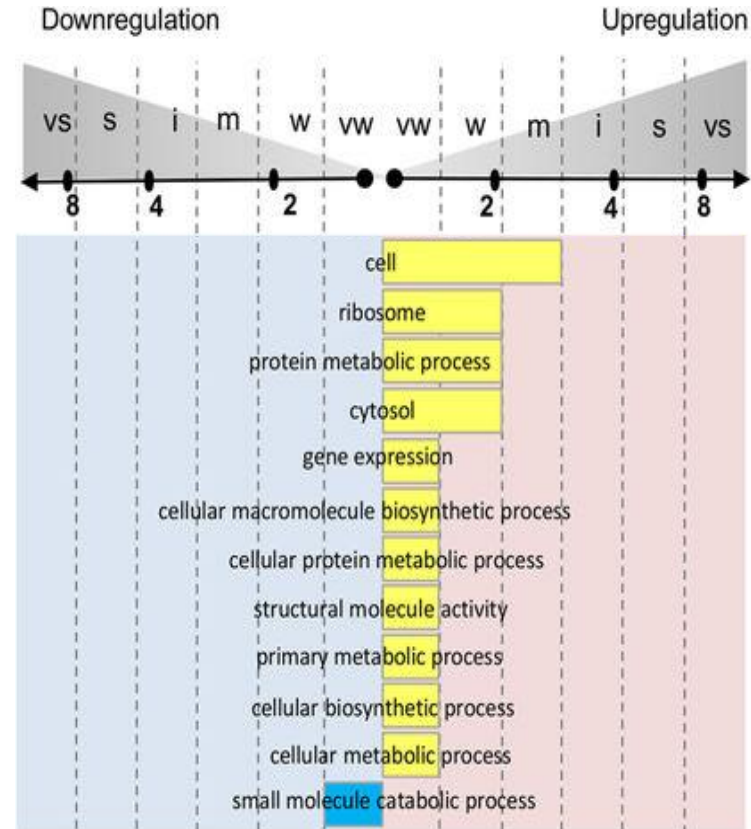
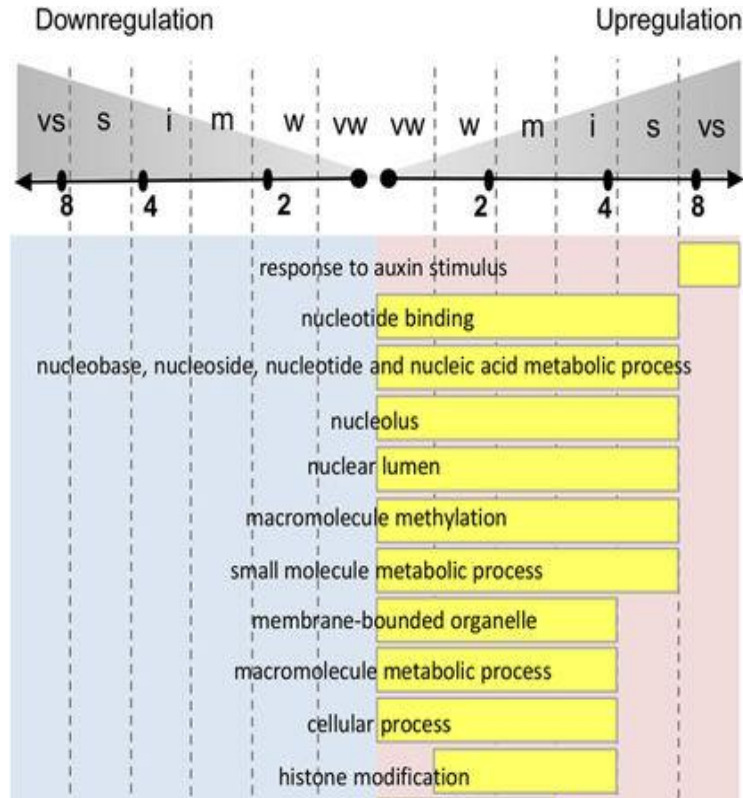
Функциональная аннотация

- Функциональная аннотация групп, полученных при кластеризации списка ДЭГов;
- Выявление специфичных по степени экспрессии функциональных групп генов;
- Проверка результатов на независимых данных;

Поиск цис-регуляторных элементов

- обогащение цис-элементами промоторов ауксин-чувствительных генов;
- Анализ обнаруженных цис-элементов по нуклеотидному составу;
- Обогащение обнаруженных цис-элементов в районах с определенным типом хроматина;
- Обогащение обнаруженных цис-элементов в районах связывания транскрипционных факторов.

Подтверждение результатов на независимых данных



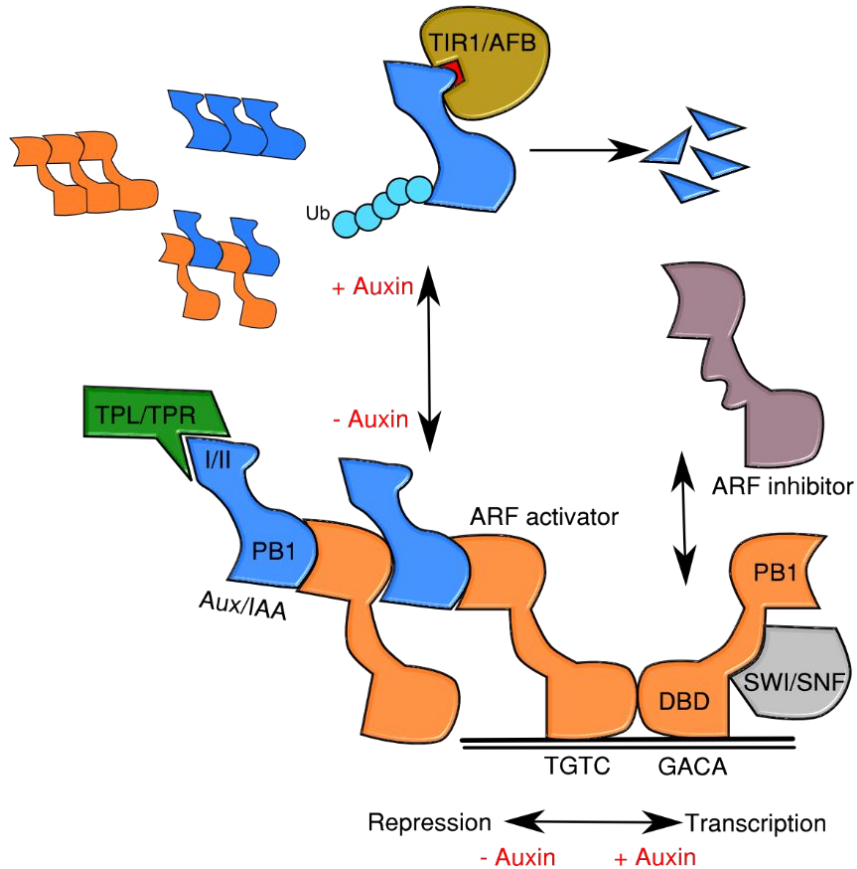
Функциональная аннотация

- Функциональная аннотация групп, полученных при кластеризации списка ДЭГов;
- Выявление специфичных по степени экспрессии функциональных групп генов;
- Проверка результатов на независимых данных;

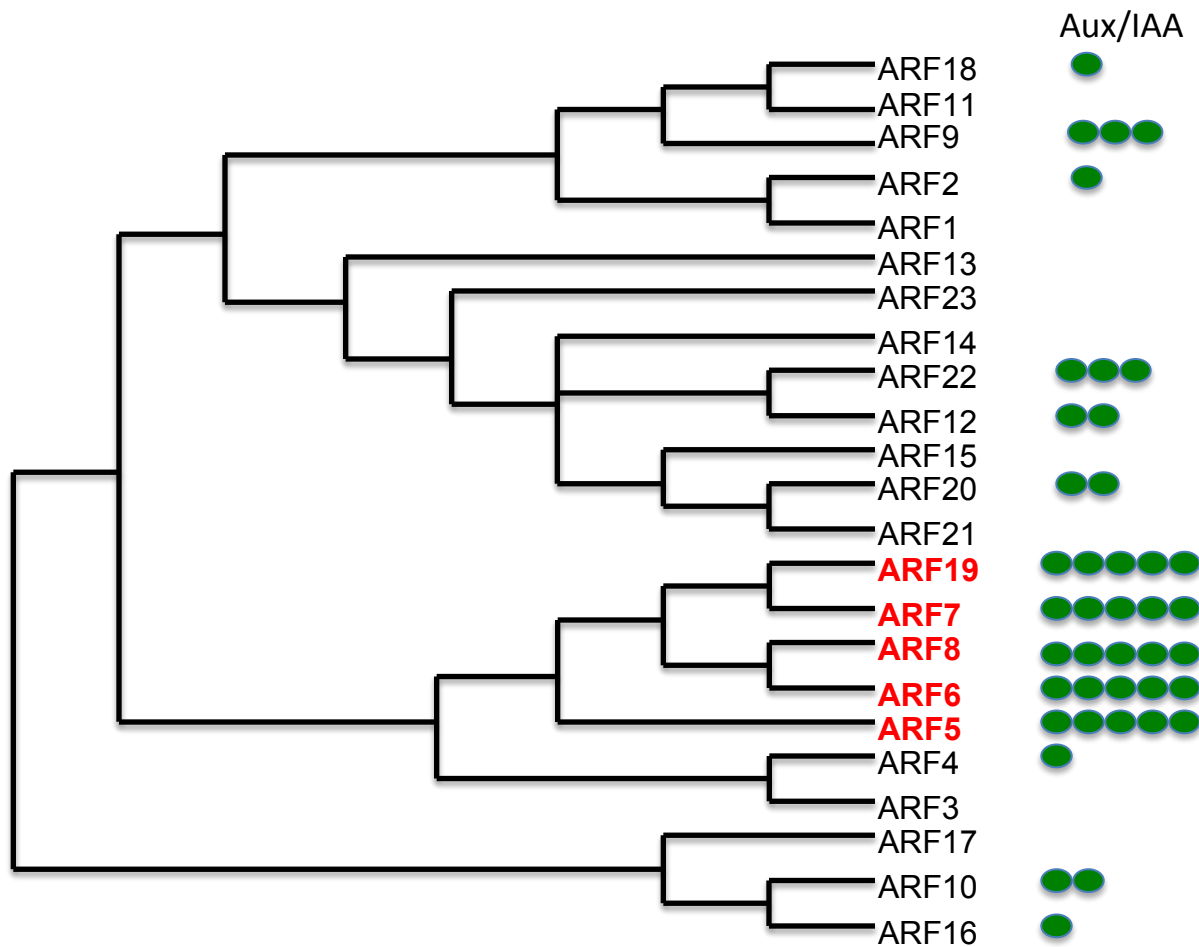
Поиск цис-регуляторных элементов

- обогащение цис-элементами промоторов ауксин-чувствительных генов;
- Анализ обнаруженных цис-элементов по нуклеотидному составу;
- Обогащение обнаруженных цис-элементов в районах с определенным типом хроматина;
- Обогащение обнаруженных цис-элементов в районах связывания транскрипционных факторов.

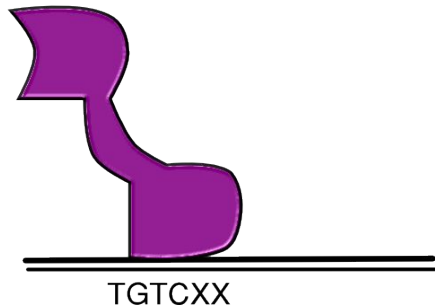
Механизм регуляции транскрипции ауксином



Транскрипционные факторы ARF



Ауксин-чувствительные элементы



TGTCTC

- 75% промоторов [-2000; -1]

A. thaliana имеют TGTCTC

(Ulmasov et al., 1997)

TGTSTSBC

- Обогащен в проксимальном промоторе ауксин-чувствительных генов

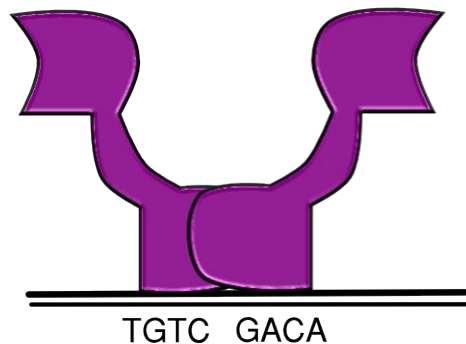
(Keilwagen et al., 2011)

TGTCGG

- Сайт связывания ARF повышенной аффинности (Boer et al., 2014)

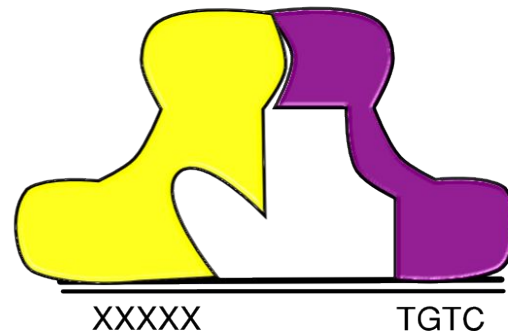
S = G or C, B = C or G or T

Известные ауксин-чувствительные композиционные цис-регуляторные элементы



повторы TGTCNN

(Boer et al., 2014)



сайты связывания
других ТФ
bZips
Myb/Myc

(Berendzen et al., 2012)

Использованные материалы

Материалы	<i>Arabidopsis thaliana</i>
Поиск	Всевозможные шестинуклеотидные последовательности (гексамеры)
Промоторы	[-1500;+1] TAIR10
Транскриптомные эксперименты	21 эксперимент

[Контроль; обработка ауксином]

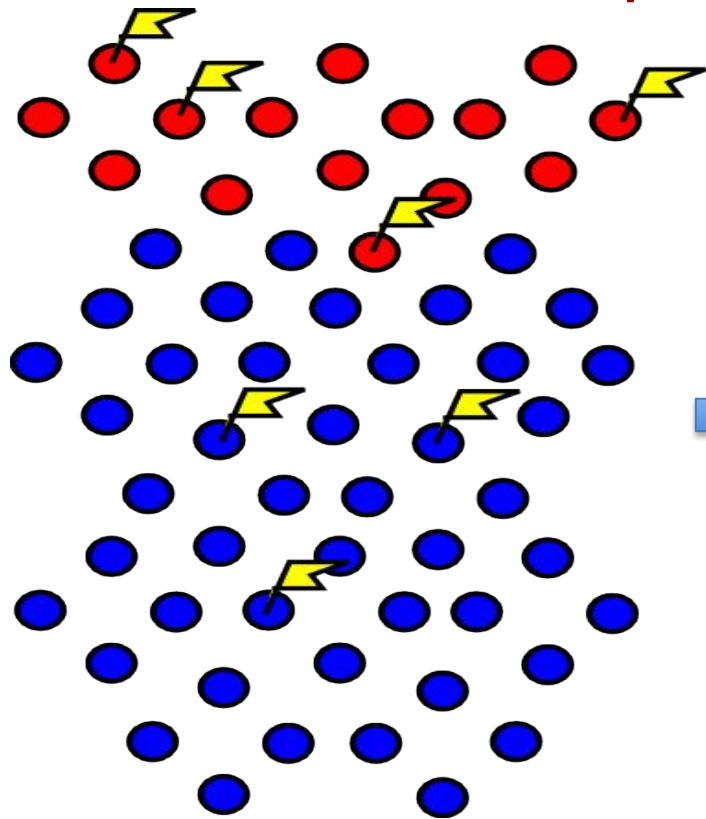
Время обработки

Концентрация

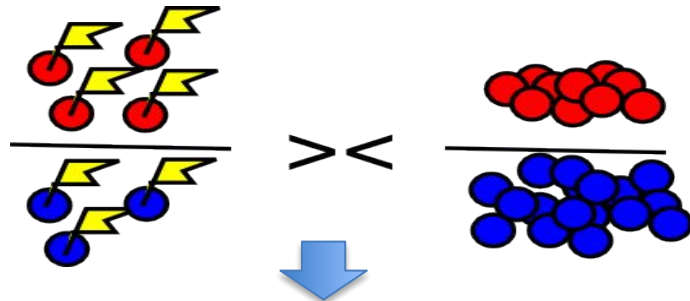
Очень ранний (0.5-1 h) Ранний (2-3 h) Поздний (>3 h)

Низкая (0.001-0.1 μM) Средняя (1 μM) Высокая (5-10 μM)

Поиск ассоциации



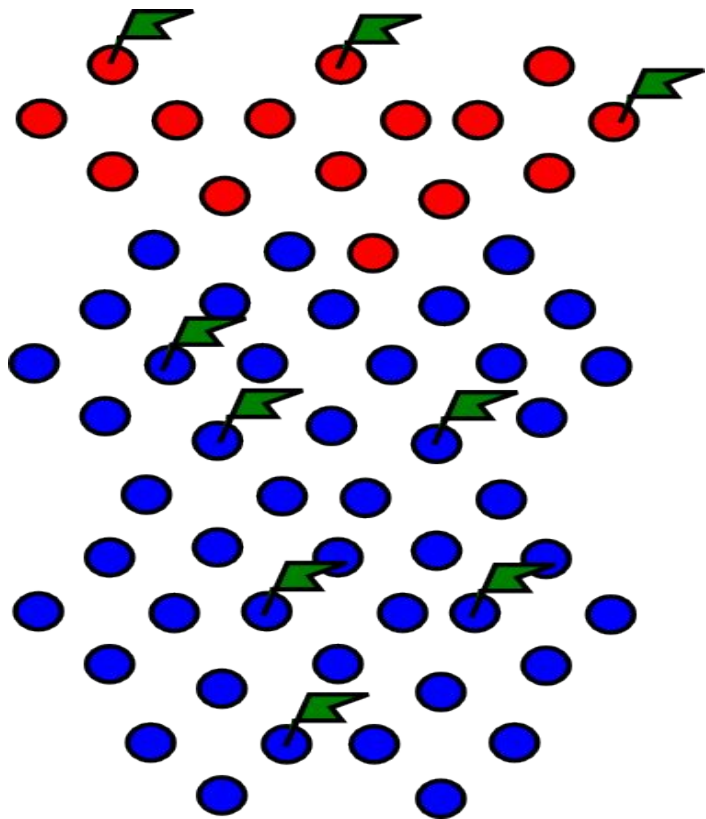
- Положительно регулируемые гены
- Не регулируемые гены
- ⚡ Присутствие гексамера



Сравнение пропорций точным
тестом Фишера

P-value обогащения

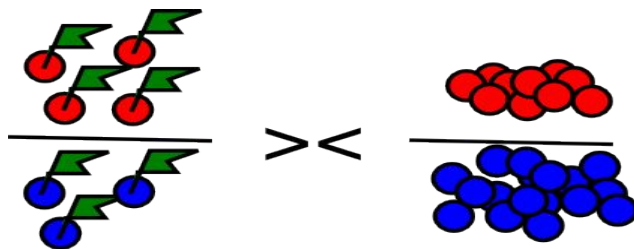
Поиск ассоциации



● Положительно регулируемые гены

● Не регулируемые гены

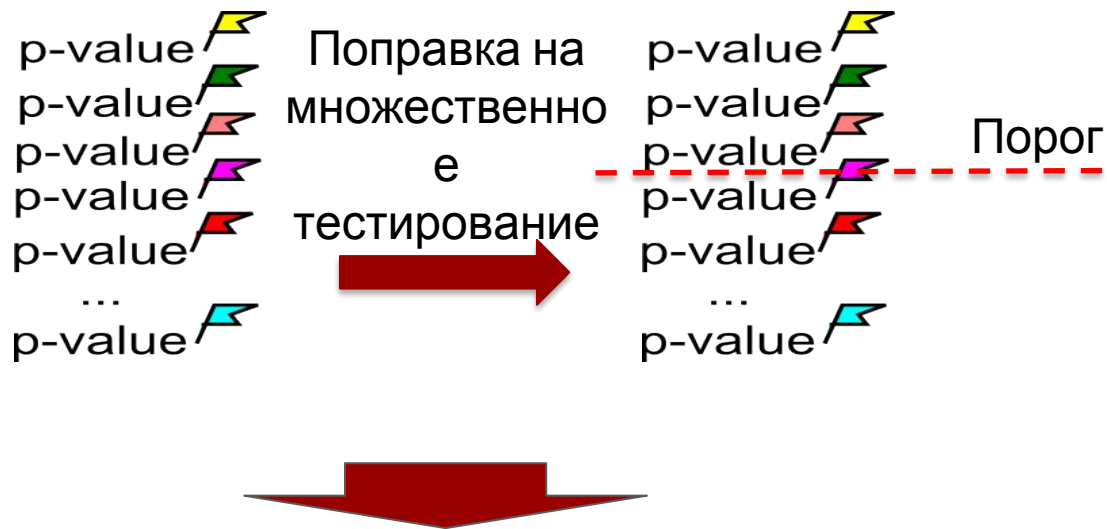
🚩 Присутствие гексамера



Сравнение пропорций точным
тестом Фишера

P-value обогащения

Поиск ассоциации



Список обогащенных цис-регуляторных элементов

Обнаруженные цис-регуляторные элементы

	<i>Ранний(<=2h)</i>	<i>Поздний (>2h)</i>
<i>Up</i>	24*	78
<i>Down</i>	3	121
(1) <i>без A/T-богатых цис-элементов</i>		
<i>Up</i>	8*	16
<i>Down</i>	3	26
(2) <i>специфичны по времени ответа</i>		
<i>Up</i>	6*	18
<i>Down</i>	0	59
(3) <i>обогащены в регионах связывания ARF</i>		
<i>Up</i>	11*	25
<i>Down</i>	3	37

* включая TGTCTC

Обнаруженные цис-регуляторные элементы

	<i>Ранний(<=2h)</i>	<i>Поздний (>2h)</i>
<i>Up</i>	24*	78
<i>Down</i>	3	121
(1) <i>без A/T-богатых цис-элементов</i>		
<i>Up</i>	8*	16
<i>Down</i>	3	26
(2) <i>специфичны по времени ответа</i>		
<i>Up</i>	6*	18
<i>Down</i>	0	59
(3) <i>обогащены в регионах связывания ARF</i>		
<i>Up</i>	11*	25
<i>Down</i>	3	37



* включая TGTCTC

Обнаруженные ауксин-ассоциированные цис-регуляторные элементы

	<i>Ранний(<=2h)</i>	<i>Поздний (>2h)</i>
<i>Up</i>	24*	78
<i>Down</i>	3	121
(1) <i>без A/T-богатых цис-элементов</i>		
<i>Up</i>	8*	16
<i>Down</i>	3	26
(2) <i>специфичны по времени ответа</i>		
<i>Up</i>	6*	18
<i>Down</i>	0	59
(3) <i>обогащены в регионах связывания ARF</i>		
<i>Up</i>	11*	25
<i>Down</i>	3	37



* включая TGTCTC

Обнаруженные цис-регуляторные элементы

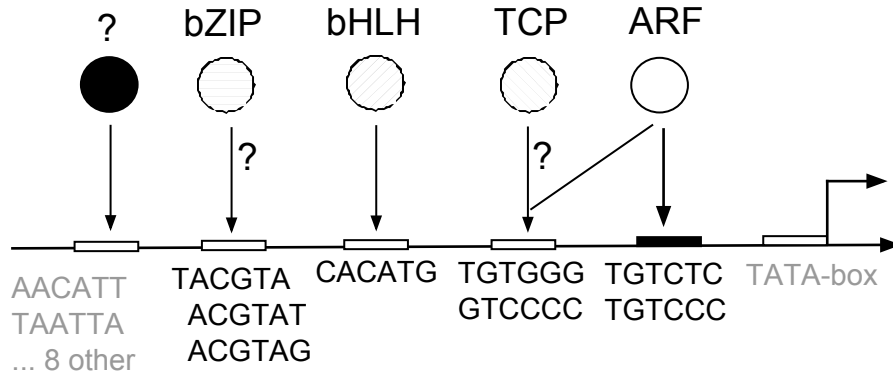
	<i>Ранний(<=2h)</i>	<i>Поздний (>2h)</i>
<i>Up</i>	24*	78
<i>Down</i>	3	121
(1) <i>без A/T-богатых цис-элементов</i>		
<i>Up</i>	8*	16
<i>Down</i>	3	26
(2) <i>специфичны по времени ответа</i>		
<i>Up</i>	6*	18
<i>Down</i>	0	59
(3) <i>обогащены в регионах связывания ARF</i>		
<i>Up</i>	11*	25
<i>Down</i>	3	37



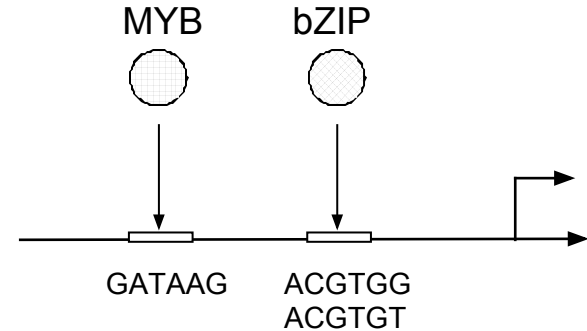
* включая TGTCTC

Схема регуляции ответа на ауксин на основе предсказанных цис-элементов

Ранняя активация транскрипции



Раннее подавление транскрипции



TOMTOM
Motif Comparison Tool

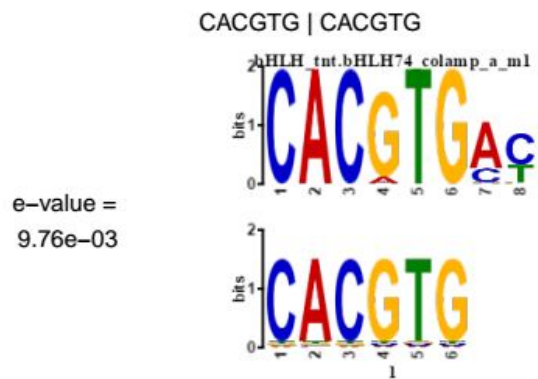
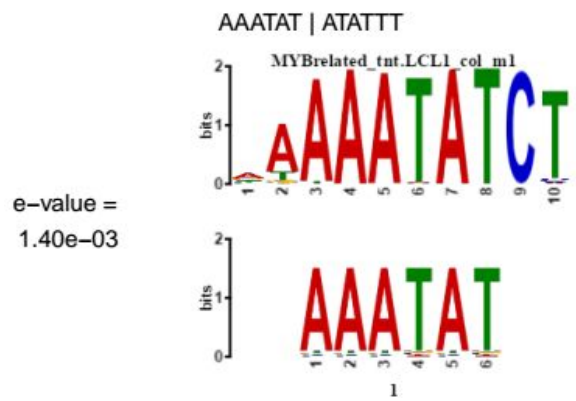
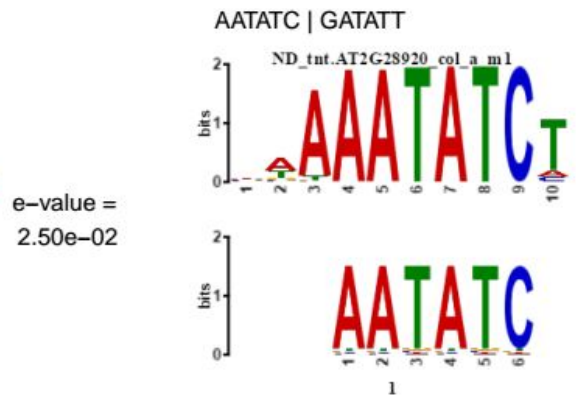
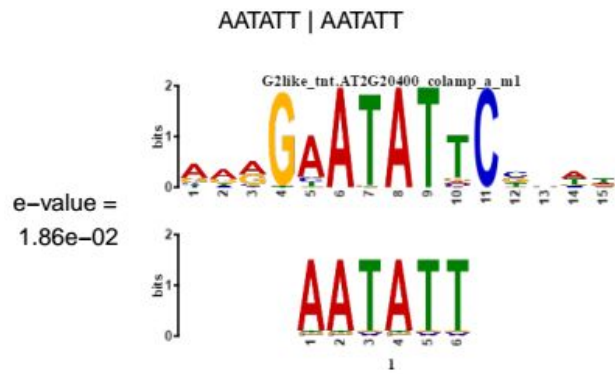
AtCOECiS



TRANSFAC

CIS-BP

Достоверное совпадение между предсказанным цис-элементом и сайтом связывания транскрипционного фактора в TOMTOM



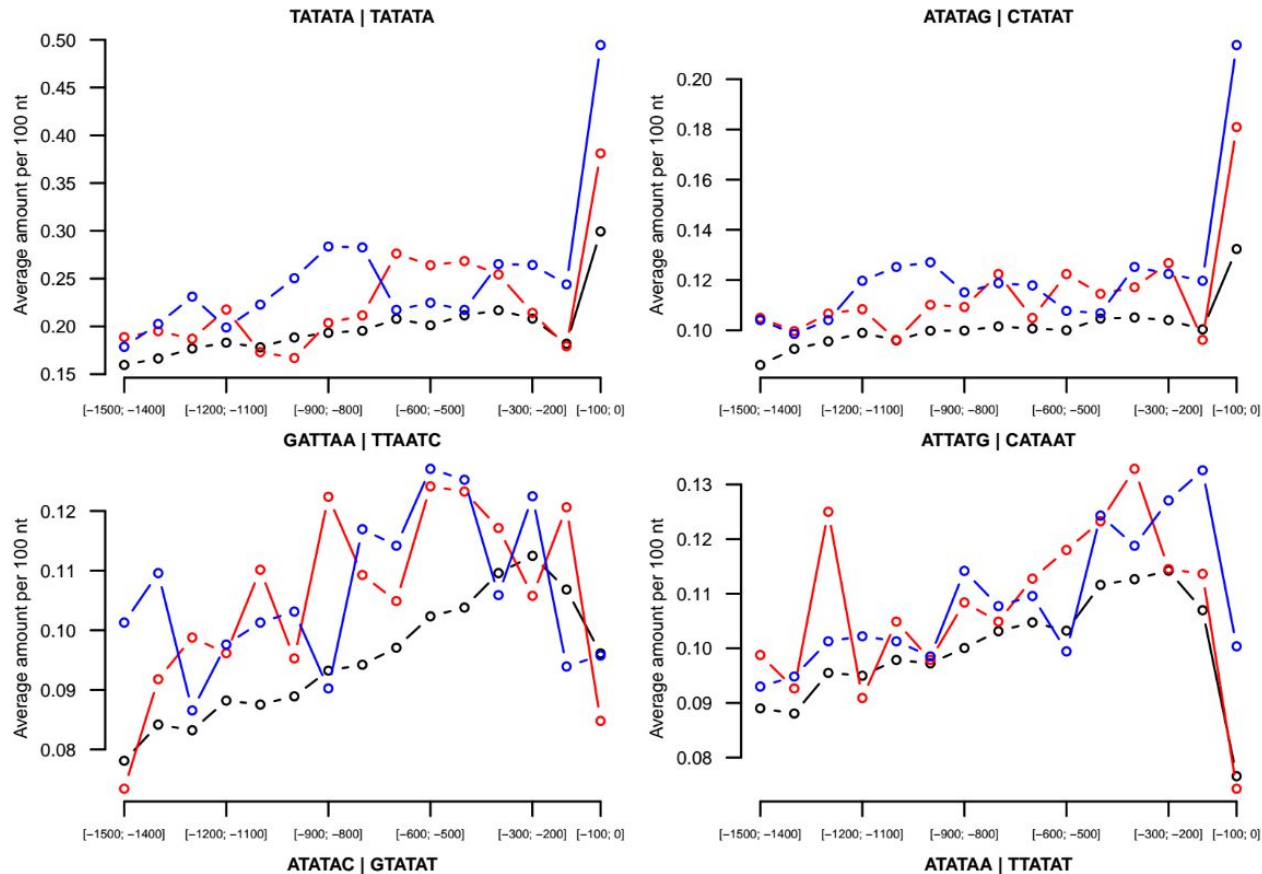
Функциональная аннотация

- Функциональная аннотация групп, полученных при кластеризации списка ДЭГов;
- Выявление специфичных по степени экспрессии функциональных групп генов;
- Проверка результатов на независимых данных;

Поиск цис-регуляторных элементов

- обогащение цис-элементами промоторов ауксин-чувствительных генов;
- Анализ обнаруженных цис-элементов по нуклеотидному составу;
- Обогащение обнаруженных цис-элементов в районах с определенным типом хроматина;
- Обогащение обнаруженных цис-элементов в районах связывания транскрипционных факторов.

Распределение АТ-богатых цис-элементов, ассоциированных с ранним ответом на ауксин вдоль промоторов генов *Arabidopsis*



The hexamers amount was calculated per each 100 nt in [-1500; +1] upstream regions of all genes (black line), auxin up-regulated (red line) and auxin down-regulated genes (blue line).

Функциональная аннотация

- Функциональная аннотация групп, полученных при кластеризации списка ДЭГов;
- Выявление специфичных по степени экспрессии функциональных групп генов;
- Проверка результатов на независимых данных;

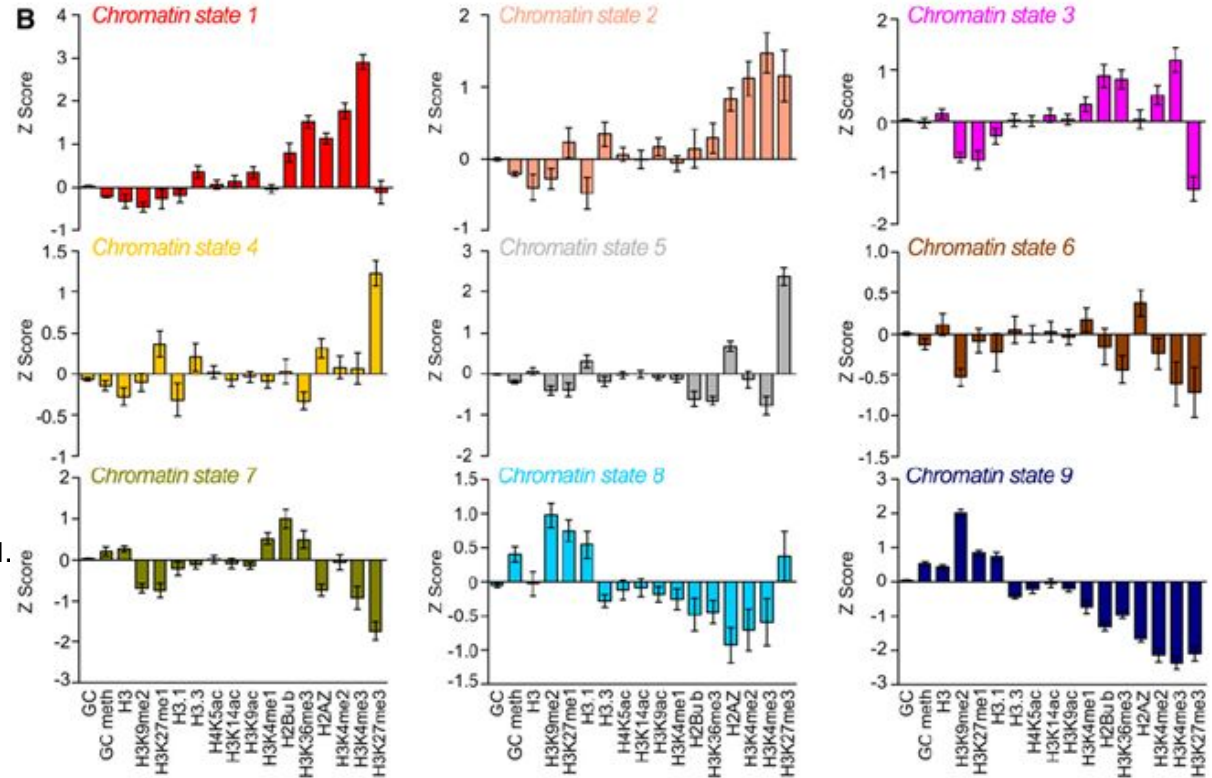
Поиск цис-регуляторных элементов

- обогащение цис-элементами промоторов ауксин-чувствительных генов;
- Анализ обнаруженных цис-элементов по нуклеотидному составу;
- Обогащение обнаруженных цис-элементов в районах с определенным типом хроматина;
- Обогащение обнаруженных цис-элементов в районах связывания транскрипционных факторов.

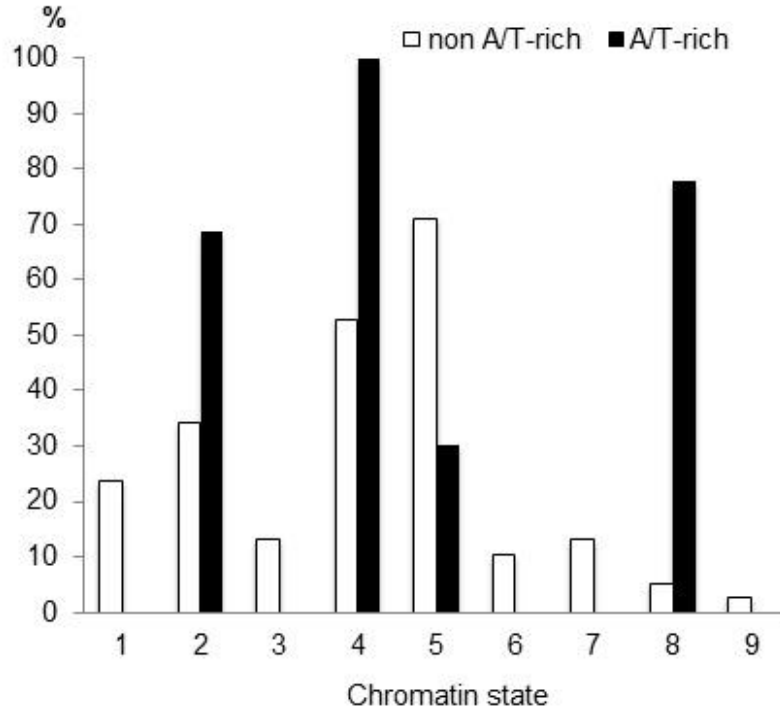
Ассоциированные с типом хроматина цис-элементы

Типы хроматина

1. Коровый промотор;
2. Проксимальный промотор;
3. Межгенные области;
4. Дистальный промотор;
5. Поликомб-регулируемые регионы;
6. Межгенный рядом с TTS;
7. Межгенные регионы;
8. Гетерохроматин;
9. GC-богатый гетерохроматин.



Ассоциированные с типом хроматина цис-элементы

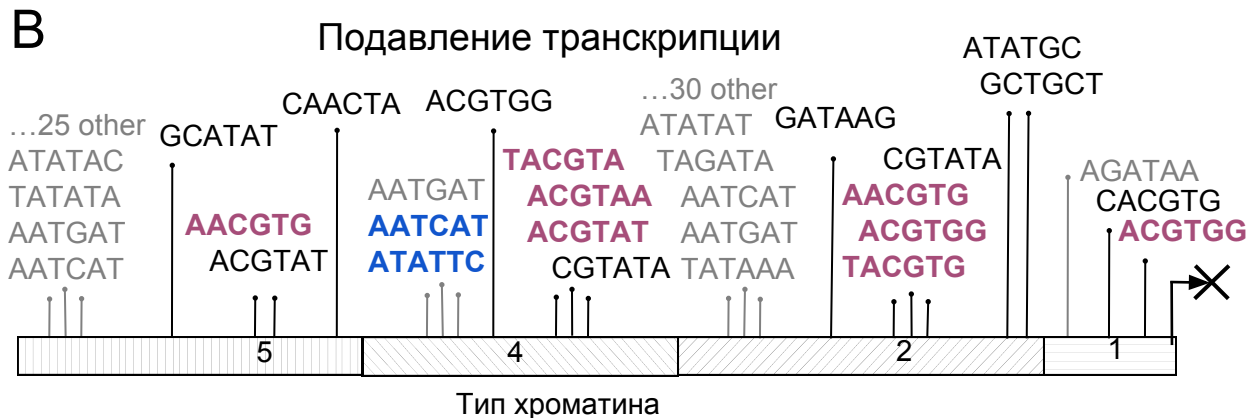


Типы хроматина

1. Коровый промотор;
2. Проксимальный промотор;
3. Межгенные области;
4. Дистальный промотор;
5. Поликомб-регулируемые регионы;
6. Межгенный рядом с TTS;
7. Межгенные регионы;
8. Гетерохроматин;
9. GC-богатый гетерохроматин.

A Активация транскрипции

- A/T-богатые гексамеры
- не A/T-богатые гексамеры



1. Коровый промотор;
2. Проксимальный промотор;
3. Межгенные области;
4. Дистальный промотор;
5. Поликомб-регулируемые регионы;
6. Межгенный рядом с TTS;
7. Межгенные регионы;
8. Гетерохроматин;
9. GC-богатый гетерохроматин.

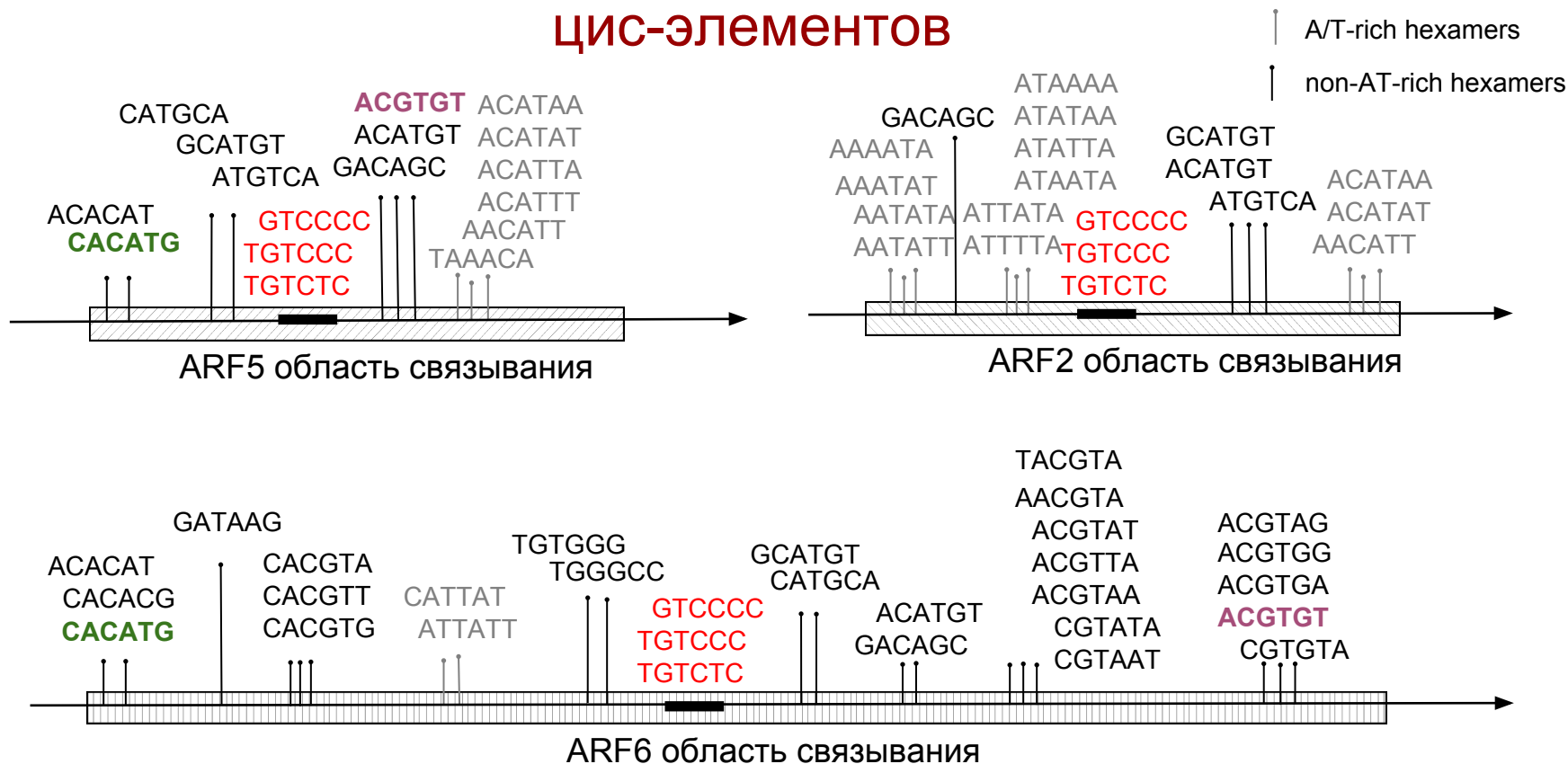
Функциональная аннотация

- Функциональная аннотация групп, полученных при кластеризации списка ДЭГов;
- Выявление специфичных по степени экспрессии функциональных групп генов;
- Проверка результатов на независимых данных;

Поиск цис-регуляторных элементов

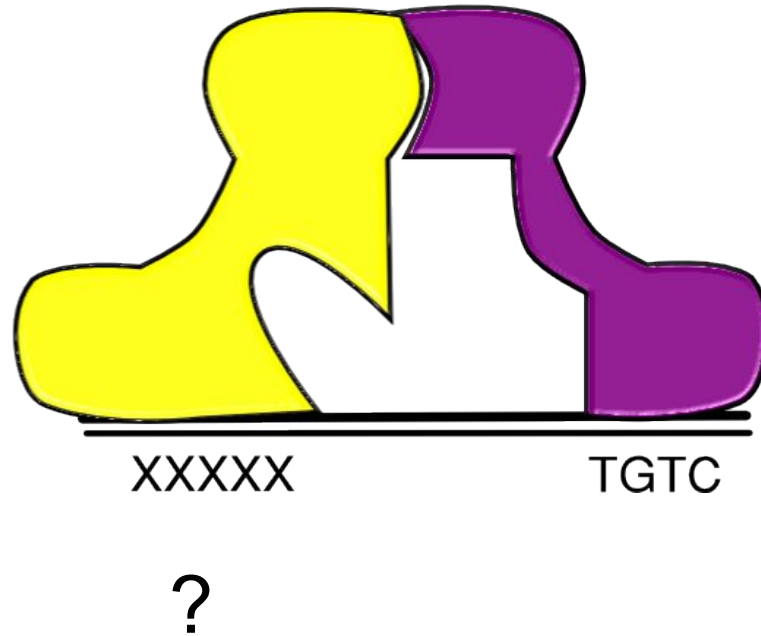
- обогащение цис-элементами промоторов ауксин-чувствительных генов;
- Анализ обнаруженных цис-элементов по нуклеотидному составу;
- Обогащение обнаруженных цис-элементов в районах связывания транскрипционных факторов;
- Обогащение обнаруженных цис-элементов в районах связывания транскрипционных факторов.

Схема регуляции ответа на ауксин на основе предсказанных ЦИС-элементов



(районы связывания ARF были взяты из экспериментов Dap-Seq, O'Malley et al., 2016)

Ауксин-чувствительные композиционные цис-регуляторные элементы?



- Анализ представленности функциональных групп генов (Gene Set Enrichment Analysis, GSEA);
- Поиск цис-регуляторных элементов;
- Кластеризация.

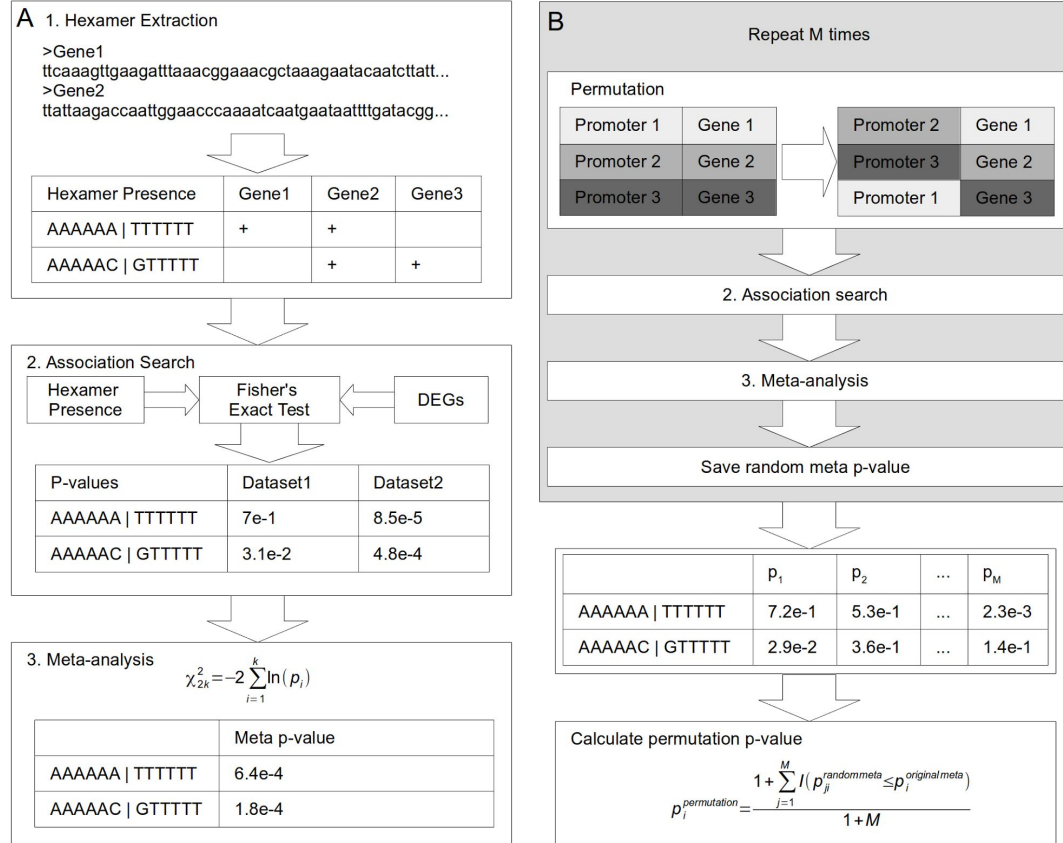
✚ МЕТА-АНАЛИЗ

Omelyanchuk, N. A., Wiebe, D. S., Novikova D. D., Levitsky, V. G., Klimova, N., Gorelova, V., C. Weinholdt, G. V. Vasiliev, E. V. Zemlyanskaya, N. A. Kolchanov, A. V. Kochetov, I. Grosse, V. V. Mironova. 2017. Auxin regulates functional gene groups in a fold-change-specific manner in *Arabidopsis thaliana* roots. Scientific Reports, 7.

Pavel Cherenkov, Daria Novikova, Nadya Omelyanchuk, Victor Levitsky, Ivo Grosse, Dolf Weijers and Victoria Mironova. 2017. Diversity of cis-regulatory elements associated with auxin response in *Arabidopsis thaliana*. Journal of Experimental Botany.

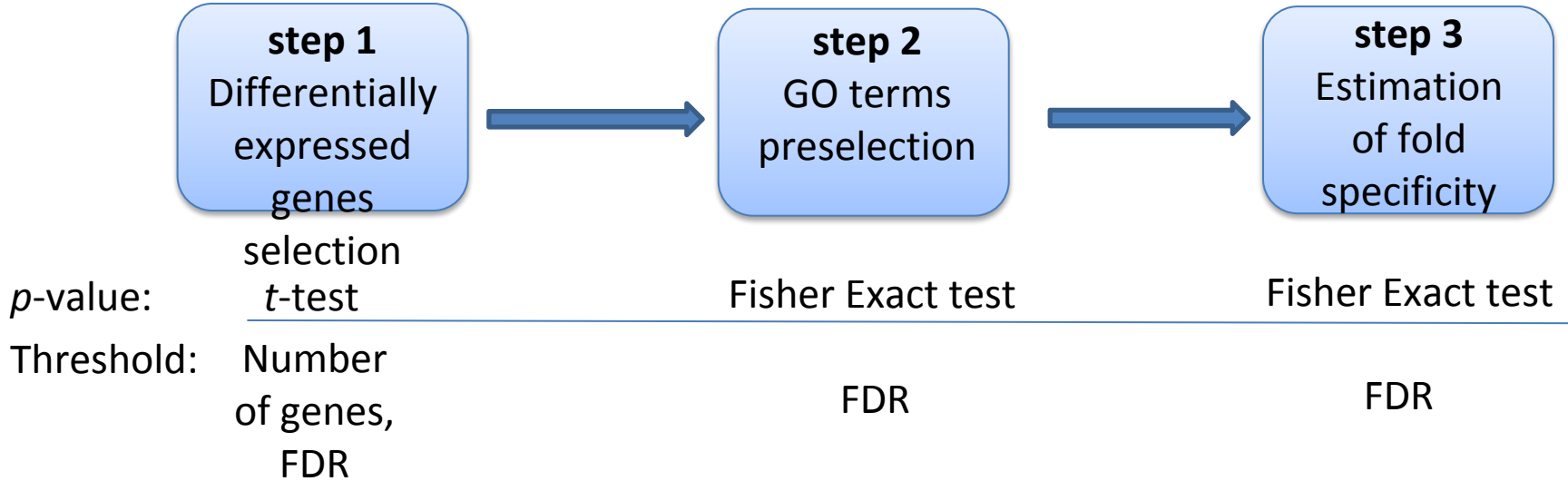


The pipeline for genome wide association analysis for potential cis-regulatory elements associated with auxin response



(A) Three steps of the pipeline: (1) computation of hexamer frequencies in the upstream regions, (2) analysis of association between the hexamer's presence in the upstream region and auxin up(down)-regulation of the gene, and (3) meta-analysis across all datasets. (B) Permutation test scheme.

Pipeline scheme



Bonferroni correction

Declare a gene to be differentially expressed if $p < 0.05/N$.

Theorem 2: This correction guarantees a FWER below 0.05.

Carlo Emilio Bonferroni (1892 – 1960) ... University of Florence, Florence, Italy

... 1936

Olive Jean Dunn (1915 – 2008) ... UCLA, LA, USA ... (1959, 1961)

Benjamini-Hochberg correction

sort all p-values starting with the smallest $p_1 < p_2 < \dots < p_N$

seek the greatest index k such that $p_k \leq 0.2 \cdot \underline{k/N}$

declare all genes $1, 2, \dots, k$ to be differentially expressed

Theorem 6: This correction guarantees a FDR below 0.2 ... under the assumption of independence or positive dependence of the p-values.

Yoav Benjamini (1949 -) ... Tel Aviv University, Tel Aviv, Israel ... 1995

Benjamini-Yekutieli correction

sort all p-values starting with the smallest $p_1 < p_2 < \dots < p_N$

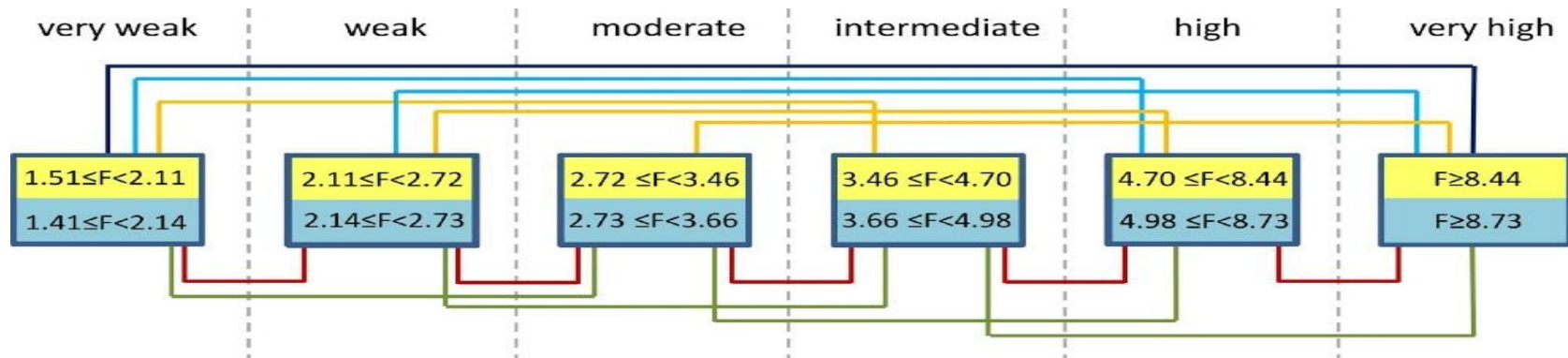
seek the greatest index k such that $p_k \leq 0.2 \cdot \frac{k}{(FN)}$ with $F = \sum_{j=1}^N \frac{1}{j}$

declare all genes $1, 2, \dots, k$ to be differentially expressed

Theorem 7: This correction guarantees a FDR below 0.2.

Daniel Yekutieli ... Tel Aviv University, Tel Aviv, Israel ... 2001

Функциональная аннотация: оценка обогащения ГО терминами по сравнению с общегеномным уровнем



Далее соседние квантили объединялись различными способами, и полученные 42 группы генов аннотировались в системе AGRIGO.

При $p_{adj} < 0.001$, 225 и 307 ГО терминов были обогащены хотя бы в одном интервале, соответственно, среди генов повышающих и понижающих свою экспрессию. 15% этих терминов были обогащены только в определенном интервале изменений экспрессии, т.е. они теряются при традиционном аннотировании всех генов.

Кроме того, например, трансляция обогащена на всем интервале повышения экспрессии с $p_{adj} 7,3 \times 10^{-19}$, а при очень слабых и слабых изменениях с $p_{adj} 6,6 \times 10^{-54}$. Другими словами, гены с ГО термином “трансляция” среди аннотированных генов генома составляют 6,6% (1346/20423), а среди генов, очень слабо и слабо повышающих свою экспрессию в ответ на ауксин их 36,5% (96/263).

Обогащение по сравнению со всеми генами повышающими или понижающими экспрессию в ответ на ауксин

	The number of UGs in the fold change interval	The number of UGs outside the fold change interval	Total number of UGs	The portion of UGs in the fold change interval
The UGs belonging to the GO term	96	12	108	88.9%***
The rest UGs	167	514	681	24.6%
Total number of UGs	263	526	789	33.3%

Например, сравнивали процент генов с термином “трансляция” у генов, повышающих свою экспрессию слабо и очень слабо (с 1.4 и до 2.7 раз), и у всех генов, повышающих экспрессию.

В результате получается, что из 108 генов, участвующих в процессе трансляции и повышающих свою экспрессию в ответ на ауксин, 96 (88,9%) реагируют на ауксин очень слабым или слабым повышением экспрессии.

В то время как все гены с такой степенью повышения экспрессии составляют всего 33% от всех генов, повышающих экспрессию, т.е. в процессе трансляции эти гены значимо обогащены.

При $p < 0,05$ ГО термин (функциональная группа генов) рассматривался как фолд-специфичный в ответе на ауксин, т.е. изменения экспрессии в этой группе проходили в определенном интервале фолдов.