一次筛二十种细胞、几千个基因，结果表中的 FDR 究竟管哪一层?

固定二十种细胞、两万对基因与类型的模拟检验记录，把同一批原始 P 值分别在类型内及跨类型校正，核对变化发生在哪一行。



运行教学示例

Python 3.10 或以上及 requirements.txt。随机种子固定，原始 P 值为教学模拟。

```
python run.py --input example --out results
```

在解压后的资料包根目录运行。example 是教学输入，results 保存本次输出，expected 保存可供核对的参考结果。

输入字段

gene_type_tests.tsv 20 种细胞乘 1,000 个基因的记录，包括原始 P、检验状态和仅用于教学的生成标记。

make_example.py 随机种子 60，零假设用均匀分布，部分备择用偏向零的分布。

核对输出，再换自己的数据

adjusted_pairs.tsv 相同原始 P 值的分类型 BH 和统一 BH，两种均入选、各自独有以及未检验标记。

family_sizes.tsv、two_families.png 每个检验家族的大小及命中数，两套校正值逐对比较。

用示例验算

1 20,000 对中有 200 对预先标记为低覆盖，各家族实际有 990 个有效检验。

2 阈值 0.05 时两种均入选 59 对，仅分类型 19 对，仅统一 4 对。

3 第 3 类 g0002 在类内约 0.099，统一约 0.034；跨类型校正并非逐行必然更大。

换用真实数据

保留每一对基因与类型的原始 P 及检验状态，在查看结果前声明检验范围；按预先选定的家族校正，列表里注明列含义、过滤和阈值。

FDR 指重复研究中错误发现比例的期望，不能解释为每个候选为假的概率。输入检验设计或原始 P 失真时，重新校正不会修复它。

方法资料

Benjamini 与 Hochberg 的原始论文

SciPy BH 校正接口