Comparaisons des graphes avec une approche logique entre les différents stades à l’aide d’une “métrique biologique” → modifications de la méthode d’apprentissage

A faire :

* Filtre des gènes (colonnes) qui sont toujours à zéro (pre-processing)
* Transformer le csv en prédicats ASP
* Installer clingo sur machine
* Comparer le programme à 2 classes et le programme à n classes (différences)

Comprendre le code des supplementary materials de Bolteau 2023

scRNA2BoNI / ISBRA\_2023\_Supp / supplementary\_material

Notes Armel:

2ème idée : relative à l'évolution actuelle de la thèse

obtention de famille de réseaux booléens

comment construire le pseudo-temps avec seulement les gènes / cellules sélectionnées

formuler leurs pistes par écrit

1. analyse de données

filtrer tous les gènes qui sont toujours nuls

-> lancer le programme pour obtenir toutes les pseudo-perturbations

--> interpréter le résultat

les zeros ajoutent du bruit/complexité inutile

-> écrire un script qui filtre les 0

utiliser python pour transformer csv en prédicat comme défini dans supplementary\_material.pdf

pour lancer le solver ASP lui donner:

lignes 1 à 8 les données sous forme de prédicat

lignes 8 à 11 pour résoudre le problème

partir d'un fichier python et le transformer en fichier .alp

ce qui nous intéresse dans csv :

- nom de la cellule

- les différents gènes

- s'il le gène i dans la cellule j est activé

expr(c3, g1, 1)