* En la expresión diferencial de genes **no** consideraron TLR4, ya que lo que salga del mensajero puede estar afectado por la modificacion del gen.
* Fold change = 1
* Del panel de genes (500 aprox DEG), se redujeron en función del número de genes que se encontraron en RNAseq y microarray **de otras plataformas**, ya que este panel era de affymetrix. -> 300 genes
* La idea es usar esos genes para ver si podemos diferenciar el sano del tumor.
  + Hacer Z score para la matriz de expresión. [lo dijo clau]
  + Ver que modelo de machine learning funciona mejor (evaluar con curva ROC) [lo dijo juan]
* Los tumores foliculares son los más parecidos a la célula. Los genes que tengamos nos deben permitir diferenciar (adenoma, nódulo que no es cáncer, contra carcinoma, nódulo que es cáncer)
* Correr expresión diferencial de data cruda.
* Preguntar a Clau como hacer el entrenamiento, Juan dice de hacerlo con los 300.