**Actividad 3 Análisis de datos con UMAP y Convex Hull**

**Introducción:**

La actividad está enfocada en el análisis de datos de tipo genéticos, más específicamente células cerebrales y como estas están repartidas en espacios. Gracias a un mapeado obtenido en la web cellxgene, en esta se nos muestra una imagen de dicha repartición de células cerebrales:

Imagen en blanco y negro

Descripción generada automáticamente con confianza baja

Utilizando la técnica UMAP la cual nos permite representar datos que abarcan mucho de una forma más sencilla y entendible, a estos datos obtenidos le aplicaremos una técnica llamada Convex Hull por Fuerza Bruta la cual sigue una serie de pasos:

* Para cada par de puntos, forma una línea.
* Verifica si todos los demás puntos están del mismo lado de esa línea.
* Si esto es cierto para un par de puntos, entonces ese par es parte del hull convexo.
* Repite para todos los pares de puntos.

**Objetivo:**

Cargar e interactuar con el archivo que contiene los datos sobre las células cerebrales que se utilizaran, aplicarles la técnica de convex hull a cada uno de los clústeres existentes dentro de este archivo y mostrar de manera grafica el resultado, logrando identificar como están divididos estos clústeres y el convex hull que se les genera.

**Desarrollo:**

Se cargo el archivo a collab de los datos que se utilizaran, posteriormente se importaron las librerías que fueron necesarias para el desarrollo de esta actividad, estas librerías fueron:

* import anndata as ad. Para el uso del archivo que contenía los datos
* import pandas as pd. Para crear tablas de manera textual (verificación de IDs de clústeres y coordenadas).
* import matplotlib.pyplot as plt. Para la demostración grafica de los datos.
* import seaborn as sns. Implementa más funcionalidades para los gráficos.
* import numpy as np. Saber el signo de un valor (positivo, negativo o cero).

El resto del código estará adjunto a esta actividad para evitar caer en la redundancia de, enseñar o tomar capturas de algo que esta adjunto.

Ya que tenía las librerías obtuve los datos de los id clústeres junto con las coordenadas de estos e implemente el método convex para cada uno de los clústeres, posteriormente se crea la grafica enseñando por colores cada clúster y de una forma mas difuminada el hull de cada uno.



Texto, Carta

Descripción generada automáticamente

Gráfico, Gráfico de dispersión

Descripción generada automáticamente

Gráfico

Descripción generada automáticamente

Mapa

Descripción generada automáticamente

**Conclusión:**

En conclusión, en base a las imágenes se puede decir que las células están repartidas de tal forma que no se encuentran regadas por todos lados, si se observa bien ningún punto esta de forma inesperada en algún sitio, todos están acomodades ya sea en mayor o menor proporción pero junto a otras células, con respecto al algoritmo implementado, al ser usado por el método de fuerza bruta su complejidad obtenida fue de O(n^3) ya que revisaría todas las combinaciones de puntos posibles y verificaría si forman un lado del hull convexo.

**Bibliografía:**

CELLXGENE | Explorer. (s. f.). <https://cellxgene.cziscience.com/e/f16f4108-7873-4035-9989-3748da1a7ff1.cxg/>

Siletti, K., Hodge, R., Albiach, A. M., Lee, K. W., Ding, S., Hu, L., Lönnerberg, P., Bakken, T., Casper, T., Clark, M., Dee, N., Gloe, J., Hirschstein, D., Shapovalova, N. V., Keene, C. D., Nyhus, J., Tung, H., Yanny, A. M., Arenas, E., . . . Linnarsson, S. (2023). Transcriptomic diversity of cell types across the adult human brain. *Science*, *382*(6667). <https://doi.org/10.1126/science.add7046>

Brute Force Closest Pair and Convex-Hull. (s. f.). <https://www.csl.mtu.edu/cs4321/www/Lectures/Lecture%206%20-%20Brute%20Force%20Closest%20Pair%20and%20Convex%20and%20Exhausive%20Search.htm>

<https://www.youtube.com/watch?v=Fmlo7nL9DME>