

Tesis de Licenciatura en Ciencias Biológicas

Rabinovich, Andres

- | | | |
|---|----------------------|--------------------|
| 01 | Mendeley User | Page no. 13 |
| <hr/> | | |
| 18/2/2016 16:06 | | |
| Yo pondria lo que decis aca como: Motivaciones y Objetivos Lo pondria como Capitulo 0 (o sin numeracion de capitulo) Incluiria todo lo que decis en esta pagina + objetivos + organizacion de la tesis | | |
| 02 | Mendeley User | Page no. 13 |
| <hr/> | | |
| 18/2/2016 16:03 | | |
| NGS y RNAseq? | | |
| 03 | Mendeley User | Page no. 13 |
| <hr/> | | |
| 18/2/2016 16:04 | | |
| orden2: referencias del tipo [1,2] en lugar de [1][2] | | |
| 04 | Mendeley User | Page no. 14 |
| <hr/> | | |
| 18/2/2016 16:06 | | |
| [3,4] | | |
| 05 | Mendeley User | Page no. 14 |
| <hr/> | | |
| 18/2/2016 16:07 | | |
| ...dos ramas: procariotas ... | | |
| 06 | Mendeley User | Page no. 14 |
| <hr/> | | |
| 18/2/2016 16:08 | | |
| comparten? trasnmiten va un poco mejor... | | |
| 07 | Mendeley User | Page no. 14 |
| <hr/> | | |
| 18/2/2016 16:09 | | |
| desde donde haces referncia a esta figura? | | |
| 08 | Mendeley User | Page no. 15 |
| <hr/> | | |
| 18/2/2016 16:16 | | |
| Explicar (2 palabras) los paneles | | |

- 09 Mendeley User** Page no. 15
18/2/2016 16:20
- ojo. no es claro la funcion que realiza la mayor parte del genoma no codificante. podes decir que :
"Aunque en un principio se pensaba que esta enorme proporcion del genoma no cumpla funcionalidad alguna (se hablaba del 'garbage genome') , estudios recientes sugieren que, al menos en algunos casos, podria jugar un rol regulatorio.
-
- 10 Mendeley User** Page no. 18
18/2/2016 16:23
- Esto lo mandaria arriba a la parte de motivacion y objetivos. Tienes que trabajar un poco una mini introduccion del tipo.... (arriba venis hablando de clustering...) "blabla avances tecnologicos de los ultimos años permitieron recabar mucha informacion de diferente naturaleza de estos sistemas. Asi se dispone informacion a escala global sobre que genes se estan expresando bajo determinadas condiciones (microarreglos y RNAseq), que proteinas pueden interactuar fisicamente con otras para formar complejos, la composicion de vias metabolicas enteras , donde en una serie de reacciones bioquimicas sustratos son transformados por enzimas especificas para obtener productos necesarios para la celula, etc" y asi introducis PIN, KEGG, GO (dos palabras, conocimiento sistematizado en ontologia) ...
-
- 11 Mendeley User** Page no. 19
18/2/2016 16:30
- y RNAseq
-
- 12 Mendeley User** Page no. 19
18/2/2016 16:31
- de el primer tipo de tecnologias, que sera la que usaremos extensivamente en este trabajo
-
- 13 Mendeley User** Page no. 19
18/2/2016 17:46
- y a los diferentes conjuntos de datos que utilizaremos en nuestro trabajo
-
- 14 Mendeley User** Page no. 19
18/2/2016 16:31
- [es] <- se constituyo como
-
- 15 Mendeley User** Page no. 19
18/2/2016 16:32
- saca características...solo sondas

16	Mendeley User	Page no. 19
	18/2/2016 16:32	
	de composicion conocida	
17	Mendeley User	Page no. 19
	18/2/2016 16:32	
	40000	
18	Mendeley User	Page no. 20
	18/2/2016 16:34	
	Yo volaria esto de dos canales porque es muy diferente y no lo usamos	
19	Mendeley User	Page no. 21
	18/2/2016 16:34	
	de canal unico saca el de doble porque ahi ;la senial es la diferencia entre canales	
20	Mendeley User	Page no. 21
	18/2/2016 16:35	
	Este parrafito lo llevaria aalgun lugar mas adelante	
21	Mendeley User	Page no. 21
	18/2/2016 17:34	
	es un dataset hecho sobre chips affymetrix (1 color) Te pase un paper donde describen mas o menos los diferentes tratamientos. Habla un poco de eso...cuantos tratameintos, mas o menos que son, cuales puntos del time-course, cuantos slides re replicas, etc	
22	Mendeley User	Page no. 21
	18/2/2016 17:35	
	ojo con esto. al usar red tu descripcion se basa en interacciones de a pares solamente...no capturas explicitamente interacciones de mas de dos cuerpos... yo diria en cambio que las redes permiten tener una vision global de como estan organizadas dichas interacciones o algo por el estilo	
23	Mendeley User	Page no. 21
	18/2/2016 17:36	
	fisica entre ellas, por ejemplo formando complejos proteicos.	
24	Mendeley User	Page no. 21
	18/2/2016 17:37	
	...fisicas que la misma podria llevar a cabo...	

- 25 Mendeley User** Page no. **22**
18/2/2016 17:40
red experimental de interacciones binarias de alta confianza establecida entre 2700 proteínas [8] que reporta 5700 interacciones entre las mismas. Para generar este interactoma nombre_del_autor y colaboradores utilizaron una coleccion de...
- 26 Mendeley User** Page no. **22**
18/2/2016 17:42
[PAra ello] <- En esta tecnica,
- 27 Mendeley User** Page no. **22**
18/2/2016 17:43
son capaces de interactuar fisicamente
- 28 Mendeley User** Page no. **22**
18/2/2016 17:44
Este parrafo y la fig 2.2 me parece que no hace falta, sacalos
- 29 Mendeley User** Page no. **23**
18/2/2016 17:45
esta figura vuela
- 30 Mendeley User** Page no. **23**
18/2/2016 17:48
No me gusta...Busca otra definicion de via metabolica...algo del estilo de lo que puse en la intro. de wikipedia... "In biochemistry, a metabolic pathway is a series of chemical reactions occurring within a cell. In a pathway, the initial chemical (metabolite) is modified by a sequence of chemical reactions. These reactions are catalyzed by enzymes, where the product of one enzyme acts as the substrate for the next. These enzymes often require dietary minerals, vitamins, and other cofactors to function. Pathways are required for the maintenance of homeostasis within an organism and the flux of metabolites through a pathway is regulated depending on the needs of the cell and the availability of the substrate. The end product of a pathway may be used immediately, initiate another metabolic pathway or be stored for later use. The metabolism of a cell consists of an elaborate network of interconnected pathways that enable the synthesis and breakdown of molecules (anabolism and catabolism)"
- 31 Mendeley User** Page no. **23**
18/2/2016 17:51
no se entiende...muy complejo y no se entiende. simplifica y anda al grano

32	Mendeley User	Page no. 23
	18/2/2016 17:55	
	Habla un poco mas de esto. Apriori la estructura de una via metabolica excede el lenguaje de redes. Las interacciones metabolicas suelen involucrar sutratos, productos y enzimas en relaciones que son dificil de capturar utilizando unicamente interacciones binarias. (usa la fig 2.4 para ejemplificar esto) En nuestro trabajo utilizamos el abordaje de nombre_de_autor y colaboradores [cita] para mapear vias metabolias en redes... Dimensiones de la red final?	
33	Mendeley User	Page no. 24
	18/2/2016 17:49	
	Laburar el caption	
34	Mendeley User	Page no. 24
	18/2/2016 17:57	
	alto rendimiento	
35	Mendeley User	Page no. 24
	18/2/2016 17:57	
	out	
36	Mendeley User	Page no. 24
	18/2/2016 18:06	
	consorcio	
37	Mendeley User	Page no. 24
	18/2/2016 18:07	
	[] <- conceptos biologicos	
38	Mendeley User	Page no. 24
	18/2/2016 18:11	
	[] <-	
39	Mendeley User	Page no. 24
	18/2/2016 18:11	
	[] <- para caracterizar ...	
40	Mendeley User	Page no. 24
	18/2/2016 18:11	
	[] <-	

41	Mendeley User	Page no. 25
	18/2/2016 18:13	
	[] <- Cada una de estas tres ontologias...esta estructurada como un grafo...	
42	Mendeley User	Page no. 25
	18/2/2016 18:13	
	[] <-	
43	Mendeley User	Page no. 25
	18/2/2016 18:14	
	[]<- .(punto y aparte) Cada nodo...	
44	Mendeley User	Page no. 25
	18/2/2016 18:14	
	direccionales	
45	Mendeley User	Page no. 25
	18/2/2016 18:15	
	para un dado producto genico	
46	Mendeley User	Page no. 26
	18/2/2016 18:16	
	tablita con que significa cada una?	
47	Mendeley User	Page no. 28
	18/2/2016 18:16	
	ojo. mostra direccionalidad	
48	Mendeley User	Page no. 30
	18/2/2016 18:19	
	Discutiremos a continuacion diferentes metodologias y criterios de similaridad que pueden ser considerados para ello.	
49	Mendeley User	Page no. 31
	18/2/2016 19:20	
	fijate si vale la pena agregar TOM aca	

50	Mendeley User	Page no. 31
	18/2/2016 18:20	
	Consideremos por ejemplo que ...	
51	Mendeley User	Page no. 31
	18/2/2016 18:21	
	[] <- de un conjunto E	
52	Mendeley User	Page no. 31
	18/2/2016 18:21	
	s(() , ())	
53	Mendeley User	Page no. 31
	18/2/2016 18:23	
	Nombre_de_autor y colaboradores la cita [21] va al final de la oracion	
54	Mendeley User	Page no. 31
	18/2/2016 18:24	
	que significa esto?	
55	Mendeley User	Page no. 32
	18/2/2016 18:25	
	no entiendo la frase	
56	Mendeley User	Page no. 33
	18/2/2016 18:39	
	junta las figuras 3.1, 3.2 y 3.3 en una unica de tres paneles (uno al lado de otro)	
57	Mendeley User	Page no. 33
	18/2/2016 18:27	
	presentado	
58	Mendeley User	Page no. 33
	18/2/2016 18:27	
	? que significa era la mejor correlacion?	

- 59** **Mendeley User** Page no. **33**
18/2/2016 18:30
- Valores altos de r implican que las fluctuaciones respecto de la media de las respectivas componentes se encuentran 'en sincronia'. En caso de no estarlo el valor esperado tiende a cero. finalmente si las fluctuaciones tienden a ocurrir 'sincronizadamente' pero en sentidos opuestos $r \rightarrow -1$
-
- 60** **Mendeley User** Page no. **33**
18/2/2016 18:33
- En nuestro caso, $r=+1$ corresponde a genes que estan siendo coexpresados por la maquinaria celular, mientras que $r=-1$ a genes anti-coexpresados. En el primer caso los perfiles de ambos genes (apropiadamente reescalados) coinciden perfectamente, mientras que en el segundo son perfectamente opuestos.
-
- 61** **Mendeley User** Page no. **33**
18/2/2016 18:35
- []<-
-
- 62** **Mendeley User** Page no. **34**
18/2/2016 18:38
- co-expresados. Andres: Hay una diferencia entre coexpresion y coregulacion. +)Coexpresion es lo que puedes establecer a partir de los datos de microarray (por ejemplo: cuando el genA se expresa, el B tambien) +) coregulacion tiene que ver con la biologia del asunto. Es lo que se pretende inferir luego de varias evidencias experimentales, una de las cuales puede ser un relevamiento transcripcional de microarreglos de DNA
-
- 63** **Mendeley User** Page no. **34**
18/2/2016 18:38
- []<- expresados
-
- 64** **Mendeley User** Page no. **34**
18/2/2016 18:39
- []<- expresados
-
- 65** **Mendeley User** Page no. **36**
18/2/2016 18:48
- [] <- el analisis

66	Mendeley User	Page no. 36
	18/2/2016 18:50	
	Defini la similaridad semantica entre dos conceptos GO. Despues deci que esta nocion de sim-sem puede extenderse para cuantificar la simialridad entre conjuntos de conceptos y utilizarse por tanto para establecer una similaridad entre dos genes teniendo en cuenta sus respectivas anotaciones... algo asi	
67	Mendeley User	Page no. 36
	18/2/2016 18:51	
	Estas cosas tan generales al principio confunden mas que aclarar...si no sabes como es la historia no aportan nada... keep it simple	
68	Mendeley User	Page no. 37
	18/2/2016 18:55	
	(*)	
69	Mendeley User	Page no. 37
	18/2/2016 18:53	
	Luego de (3.9) y yo daria vuelta esta frase: De esta manera, para cuantificar la informacion compartida (y estimar entonces su similaridad semantica) se considera el contenido de informacion de los ancestros en comun que dos terminos poseen.	
70	Mendeley User	Page no. 37
	18/2/2016 18:59	
	[]<-	
71	Mendeley User	Page no. 37
	18/2/2016 18:55	
	todo esto lo pondria seguido de la primera horacion (*)	
72	Mendeley User	Page no. 37
	18/2/2016 19:00	
	ancestro en comun mas informativo	
73	Mendeley User	Page no. 38
	18/2/2016 19:03	
	Una vez establecida una medida de similaridad semantica entre termino GO, existen distintas formas para extender esta idea y definir una similaridad semantica entre genes. Basicamente existen 2 estrategias.	

74	Mendeley User	Page no. 39
	18/2/2016 19:06	
	En la seccion anterior abordamos distintas metodologias para cuantificar la nocion de similaridad en diversos espacios.	
75	Mendeley User	Page no. 39
	18/2/2016 19:07	
	de	
76	Mendeley User	Page no. 40
	18/2/2016 19:10	
	las usamos realmente?	
77	Mendeley User	Page no. 40
	18/2/2016 19:09	
	de donde sacaste esto?	
78	Mendeley User	Page no. 40
	18/2/2016 19:09	
	falta el supra indice 2	
79	Mendeley User	Page no. 42
	18/2/2016 19:13	
	te falta el average...que creo que es el que usamos...no? de hecho quizas mostraria ese solo...lo charlamos...	
80	Mendeley User	Page no. 45
	18/2/2016 19:16	
	[] <- a priori un unico	
81	Mendeley User	Page no. 46
	18/2/2016 19:17	
	no se entiende bien. que quieres decir con un inconveniente del metodo de agrupamiento jerarquico?	
82	Mendeley User	Page no. 46
	18/2/2016 19:19	
	cita	

83

Mendeley User

Page no. 47

18/2/2016 19:21

cita

84

Mendeley User

Page no. 47

18/2/2016 19:21

el desarrollado por Clauset, Newman y Moore que denominaremos CNM [cita]

85

Mendeley User

Page no. 48

18/2/2016 19:23

yo sacaria esto junto con las figuras.