

An Expedition to The Valley of Genomics

Your Name

June 5, 2023

1 29-05-2023

1.1 Commits

Commit: bd81b50 Commit Message: Hoy hicimos un workflow en el que cada commit se va guardado en el diario de laboratorio, con su id y con su mensaje. También se genera una sección de figuras para las figuras que fueron generadas en esa sesión

Commit: 7997396 Commit Message: pruebo figura

Commit: 50ff4b4 Commit Message: pruebo figura

Commit: 459b400 Commit Message: ol

Commit: 1d47914 Commit Message: prueba

Commit: ba9ba18 Commit Message: prueba

Commit: 6029931 Commit Message: prueba

Commit: 2b666e3 Commit Message: prueba

Commit: b987caa Commit Message: prueba

Commit: 39adf1f Commit Message: prueba

Commit: 2c3ca23 Commit Message: prueba

Commit: dcf4e49 Commit Message: prueba

Commit: fcdee47 Commit Message: agrego la función parametro para probar las nuevas funciones

Commit: 435d42e Commit Message: en linear model lab agrego la capacidad de que la funcion model evaluating y la función calculate gene parameters puedan evaluar las nuevas métricas que se dispongan en la función parametro de *phen_gen_weight_functions*

Commit: 5b2b424 Commit Message: agrego en el archivo plots.py la función accuracy para medir individualmente cada métrica

Commit: 99088c5 Commit Message: modifiko especificidad del gen poniendo k en logaritmo

Commit: d558a88 Commit Message: arreglo la definición que había hecho de especificidad porque estaba mal escrita

Commit: e88a0b3 Commit Message: prueba cambiando especificidad poniendo a k en un exponente de 10

Commit: cba1811 Commit Message: arreglo algo que al parecer estaba mal en *model_evaluating, quemeconfundíentre las variables _{n_m}etricay nueva_muetrica, queson, dichoseadepaso, basto*

Commit: ff87169 Commit Message: le saco los argumentos definidos de model evaluating y calculate gene parameters

Commit: 627b278 Commit Message: ahora cambio True y False de nueva métrica por 'si' 'no', a ver si quizás es algo de eso

Commit: b43bb67 Commit Message: también agrego una 'a' a un '*n_metric'* que faltaba

Commit: 8eb196c Commit Message: cambio todos los betha por beta en linear model lab

Commit: 02318c3 Commit Message: SOLUCIONADO. El problema estaba en *calculate_gene_parameters, que asignabamos el booleano a nueva_metrica pero después es a variable cambiabaporel*

Commit: 49694d7 Commit Message: es decir que lo anterior no funcionaba no porque no calculase los parámetros sino porque no ordenaba el dataframe

Commit: eef3c10 Commit Message: al parametro 3 de las nuevas métricas lo corrijo para no tener zerodivisionerror

Commit: e4d8092 Commit Message: a especificidad *del_genleagregola feature type _of_func, para luego probar s*

Commit: dac3246 Commit Message: todo funcionando. Las pruebas de métricas nuevas van yendo bien y se están descubriendo cosas interesantes. La especificidad descubrimos que la penalización de k tiene que ser logarítmica. Queda por ver la similaridad.

1.2 Figures

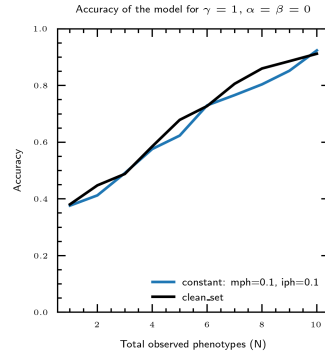


Figure 1: Caption for n.png.

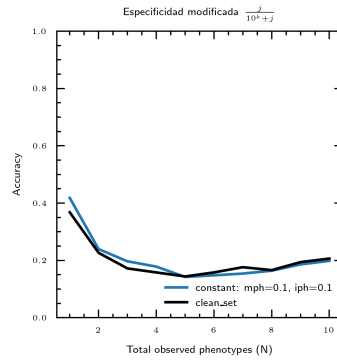


Figure 2: Caption for docs/especificidad_{accuracy_{exponencial}}.png.

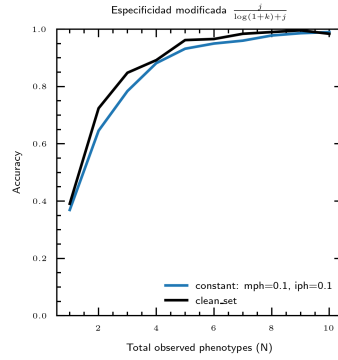


Figure 3: Caption for docs/especificidad_{accuracy}_{logaritmico}.png.

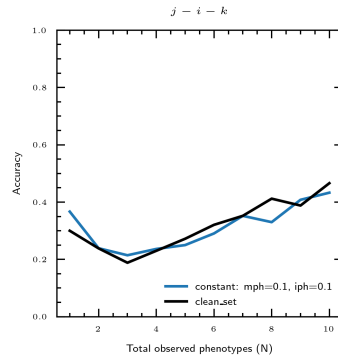


Figure 4: Caption for docs/j-i-k.png.

1.3 Bibliography

1.4 Thoughts

2 04-06-2023

2.1 Commits

Commit: fcdee47 Commit Message: agrego la función parametro para probar las nuevas funciones

Commit: 435d42e Commit Message: en linear model lab agrego la capacidad de que la funcion model evaluating y la función calculate gene parameters puedan evaluar las nuevas métricas que se dispongan en la función parametro de `phengenweightfunctions`

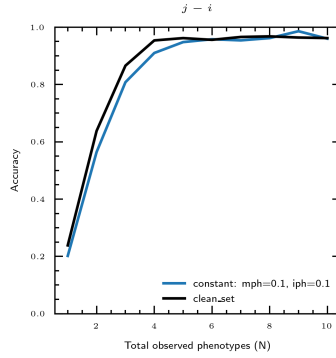


Figure 5: Caption for docs/j-i.png.

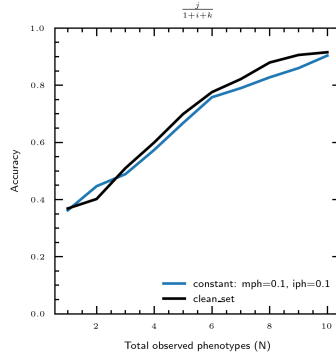


Figure 6: Caption for docs/jsobre1+i+k.png.

Commit: 5b2b424 Commit Message: agrego en el archivo plots.py la función accuracy para medir individualmente cada métrica

Commit: 99088c5 Commit Message: modifico especificidad del gen poniendo k en logaritmo

Commit: d558a88 Commit Message: arreglo la definición que había hecho de especificidad porque estaba mal escrita

Commit: e88a0b3 Commit Message: prueba cambiando especificidad poniendo a k en un exponente de 10

Commit: cba1811 Commit Message: arreglo algo que al parecer estaba mal en `model_evaluating`, `quemeconfundíentrelasvariables` `n_métrica` y `nueva_métrica`, `queson`, `dichoseadepaso`, `bast`

Commit: ff87169 Commit Message: le saco los argumentos definidos de model evaluating y calculate gene parameters

Commit: 627b278 Commit Message: ahora cambio True y False de nueva métrica por 'si' 'no', a ver si quizás es algo de eso

Commit: b43bb67 Commit Message: también agrego una 'a' a un 'n_metric' que faltaba

Commit: 8eb196c Commit Message: cambio todos los betha por beta en linear model lab

Commit: 02318c3 Commit Message: SOLUCIONADO. El problema estaba en calculate_{gene_parameters}, que asignabamos el booleano a nueva_metrica pero después es una variable cambiaba por el

Commit: 49694d7 Commit Message: es decir que lo anterior no funcionaba no porque no calculase los parámetros sino porque no ordenaba el dataframe

Commit: eef3c10 Commit Message: al parametro 3 de las nuevas métricas lo corrijo para no tener zero division error

Commit: e4d8092 Commit Message: a especificidad_{del_qenleagregolafeaturetype_{ofunc}}, para luego probar

Commit: dac3246 Commit Message: todo funcionando. Las pruebas de métricas nuevas van yendo bien y se están descubriendo cosas interesantes. La especificidad descubrimos que la penalización de k tiene que ser logarítmica. Queda por ver la similaridad.

2.2 Figures

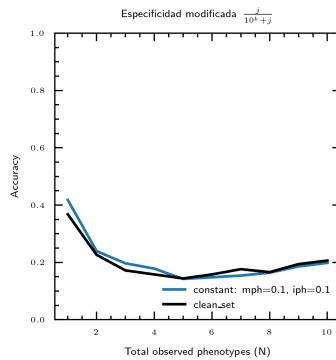


Figure 7: Caption for docs/especificidad_{accuracy_{exponencial}}.png.

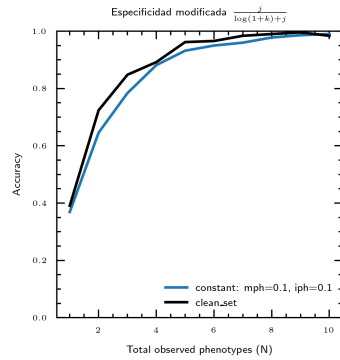


Figure 8: Caption for docs/especificidad_{accuracylogaritmico}.png.

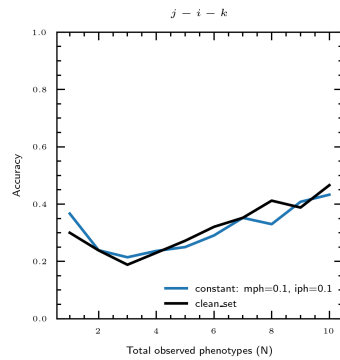


Figure 9: Caption for docs/j-i-k.png.

2.3 Bibliography

2.4 Thoughts

3 05-06-2023

3.1 Commits

Commit: e88a0b3 Commit Message: prueba cambiando especificidad poniendo a k en un exponente de 10

Commit: cba1811 Commit Message: arreglo algo que al parecer estaba mal en `modelevaluating`, `quemeconfundíentrelasvariablesmetricaynuevamuetrica`, `queson`, `dichoseadepaso`, `baste`

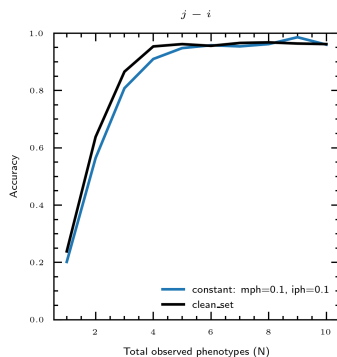


Figure 10: Caption for docs/j-i.png.

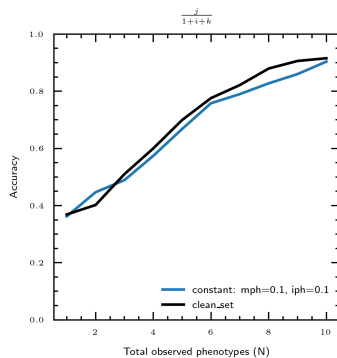


Figure 11: Caption for docs/jsobre1+i+k.png.

Commit: ff87169 Commit Message: le saco los argumentos definidos de model evaluating y calculate gene parameters

Commit: 627b278 Commit Message: ahora cambio True y False de nueva métrica por 'si' 'no', a ver si quizás es algo de eso

Commit: b43bb67 Commit Message: también agrego una 'a' a un 'n_metric' que faltaba

Commit: 8eb196c Commit Message: cambio todos los betha por beta en linear model lab

Commit: 02318c3 Commit Message: SOLUCIONADO. El problema estaba en calculate_{gene}parameters, que asignamos el booleano a nueva_metrica pero después es una variable cambiabaporel

Commit: 49694d7 Commit Message: es decir que lo anterior no funcionaba no porque no calculase los parámetros sino porque no ordenaba el dataframe

Commit: eef3c10 Commit Message: al parametro 3 de las nuevas métricas lo corrijo para no tener zerodivisionerror

Commit: e4d8092 Commit Message: a especificidad $_{del_g}$ en $leagregola_{featuretype_o}func$, para $uegoprobars$

Commit: dac3246 Commit Message: todo funcionando. Las pruebas de métricas nuevas van yendo bien y se están descubriendo cosas interesantes. La especificidad descubrimos que la penalización de k tiene que se logarítmica. Queda por ver la similaridad.

3.2 Figures

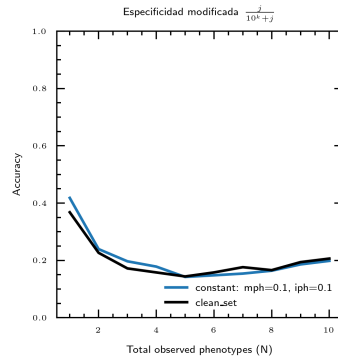


Figure 12: Caption for docs/especificidad $_a$ ccuracy $_e$ xponencial.png.

3.3 Bibliography

3.4 Thoughts

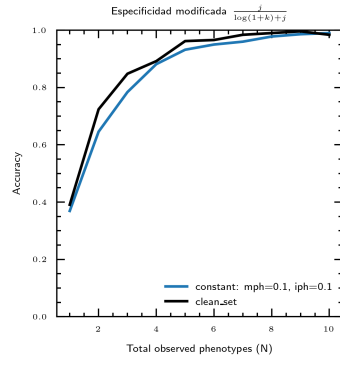


Figure 13: Caption for docs/especificidad_accuracy_{logaritmico}.png.

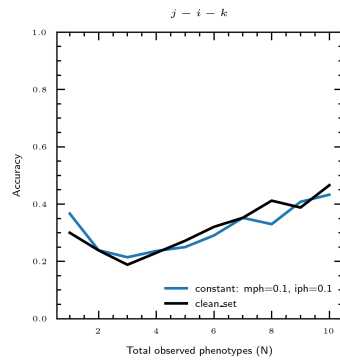


Figure 14: Caption for docs/j-i-k.png.

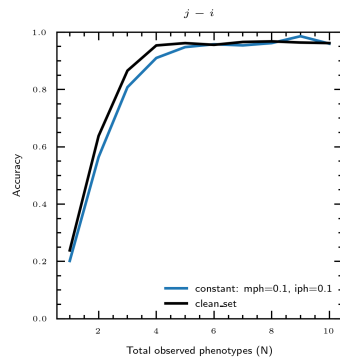


Figure 15: Caption for docs/j-i.png.

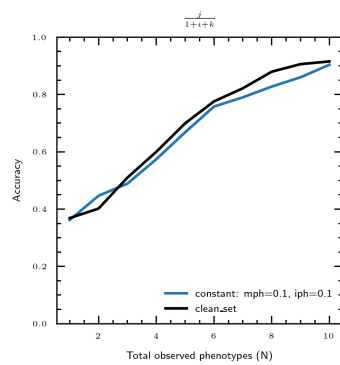


Figure 16: Caption for docs/jsobre1+i+k.png.