Notulen BPEXA met opdrachtgever 12

Datum: 7-12-2021 Locatie: Zoom Tijdstip: 10:00

Opdrachtgever: Evelien Jongepier

Begeleider: Jeroen Pijpe

1. Opening

Vergadering geopend om 9:59 uur.

1. Mededelingen

Geen mededelingen

1. Extra agendapunten

Feedback van Evelien bekijken

Evelien heeft aantal extra opdrachten gegeven aan iedereen behalve Thomas. Een voorbeeld van de schemas voor chezley. Feedback van de pipeline staat op de feedback\_main branch op github.

De organism kolom hernoemt naar group om verwarring te voorkomen.

In de snakefile subheaders toe te voegen om code beter te structureren. Geef de gebruiker een suggestie hoe de report van de pipeline gemaakt kan worden. Functies globaal maken in de snakefile en dan in de aparte rules gebruiken in plaats van meerdere keren definiëren.

Alleen regels in de main Snakefile kunnen direct gerund worden. Moet veranderd worden zodat de andere onderdelen apart aangeroept kunnen worden.

FastQC -t om de fastqc functie te multi threaden. De aparte trimmomatic help functie kan weggehaald worden of als hij blijft zorg ervoor dat het werkt. Kijk naar de indentatie van trinity assemble rule.

Bekijk de trinity\_de of de nieuwe report functie werkt en move de directory van DE\_analysis\_gene/isoform naar de output in plaats van params.

Geen vragen over de feedback op de hulp functie. De inhoud van beide documenten was goed. Informatie kan wat beter verdeelt worden. README Vooral kort houden met minimale achtergrond informatie.

Schema’s geven een template waarop de config en samples gebaseerd is. Gebruik de validate functie om de schema’s te gebruiken tegen de config en samples.

1. Progressie

Wij zijn bezig geweest met het schrijven van het verslag. Is de biologische achtergrond belangrijk van de biologische samples. Nee alleen wat nodig is voor de pipeline, bijvoorbeeld paired ended illumina reads zijn nodig en 2 condities of 2 groepen zijn nodig. Niet de biologische achtergrond.

Leg duidelijk de grafieken van de resultaten en hoe ze geïnterpreteerd moeten worden. Zijn de resultaten van onze kleine dataset correct. Process van dataset selecteren: grote dataset genomen van metatranscriptomics en wij hebben alleen de differential expressed genes gekregen. Moeten we de pipeline testen of het echt user-friendly genoeg is dat iemand zonder ervaring het kan uitvoeren. Het is misschien goed om een ander groepje te vinden van het project om de pipeline te testen.

Wat later in het project kan toegevoegd en getest worden. Bijvoorbeeld een grote dataset gebruiken om de resultaten te testen in een realistische scenario.

1. Error bekijken

Zie feedback evelien.

1. Planning volgende week

De individuele taken van evelien afmaken of erg ver zijn er verder werken aan onze eigen stukken van het verslag.

1. Vragen?

Voeg extra informatie bijvoorbeeld report aparte de workflow van de report toevoegen aan de appendix van het verslag.

1. Volgende vergadering

Woensdag 15 December 9:00

1. Afsluiting

De vergadering is afgesloten om 10:46