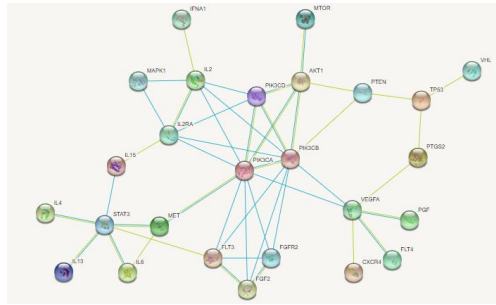
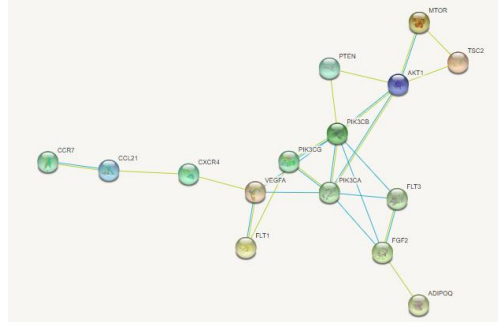


- Kegg pathway: cancer pathway (25)

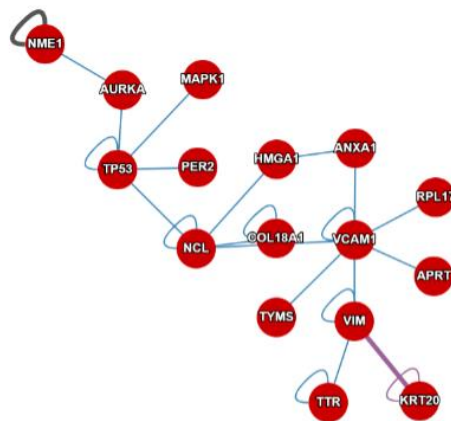


- Biological proces: regulatrion of protein kinase activity (15)



- **Huri: (la más fiable)**

- He buscado los 144 genes y solo aparecen 113.
- La componente más grande es de 13



- Proteine domain “tyrosine kinase”: (14/14): no hay components conexas
- Con el kegg pathway “cancer pathway”: (28/32): componente más grande es de 3



- Proceso biológico “regulation of proteine kinase activity” (22/24): componente más grande es de 4



- Predicción de genotipo a fenotipo que utiliza GNN.
- ¿Qué son los fenotipos asociados a la enfermedad del Alzheimer? ¿Son los síntomas?
- ¿Qué son las variantes de sentido erróneo?
- ¿Por qué en DisGeNet filtras por curated?

5. **José se reunía hoy con los oncólogos. ¿Alguna novedad? NUEVA BD**

6. **¡Hoy es mi primer día de trabajo!**

- La fecha de inicio del contrato es el 23 de septiembre.

Trabajo hecho hasta la reunión.

1. Pasos hechos:

- 1) Buscar genes asociados a mrcc: 144
- 2) Extraer el mapeo de las variantes genéticas (posición en el cromosoma) utilizando coordenadas genéticas GRCh37.
- 3) Usé String para ver qué relación se establecía entre ellos. <https://string-db.org/cgi/network?taskId=bmyjhX81Oox0&sessionId=bWKTtAQghsx>
 - Network type: physical network.
 - Meaning of network edges: evidence
 - Active interaction sources: textmining and databases
 - Interaction score: 0.4
 - Network display options: hide disconnected nodes and show input protein names.

2. Estudio de otras posibles relaciones entre genes: https://string-db.org/cgi/setevidence?taskId=bflsBslfv803&sessionId=bWKTtAQghsx&data_channel=database

- a. **Tissue expresión (tejido donde se expresa):** entre las primeras clasificaciones específicas encontramos:
 - Sistema urogenital (67).
 - Sistema reproductivo (62)
 - Órganos genitales femeninos (44).
- b. **Biological process:** En este apartado no soy muy experta y no sé qué procesos biológicos incluyen este tipo de cáncer. Sin embargo, he encontrado procesos relacionados con la respuesta inmune y la regulación de la kinasa. Necesitaría ayuda para ver que procesos están involucrado y tiene sentido estudiar.
 - Immune system process (68).
 - Immune response (54).
 - Regulation of immune system process (47).
 - Regulation of kinase activity (32).
 - **Regulation of protein kinase activity (24).**
- c. **Molecular function:**
 - Binding (120).
 - Kinase activity (22).
- d. **Kegg pathways (interacciones moleculares dentro de las células) Importante**
 - **Pathways in cancer (32).**
 - EGFR tyrosine kinase inhibitor resistance (17).
- e. **Reactome pathways**
 - Immune system (53).
 - Signaling by receptor tyrosine kinase (18).
- f. **Protein domain:**
 - **Tyrosine kinase (14).**

3. Estudio GNN: PYTORCH

- a. Aun no entiendo cuál es el input del grafo.
 - Matriz de adyacencia.
- b. <https://github.com/microsoft/gated-graph-neural-network-samples>
- c. <https://ieeexplore.ieee.org/stamp/stamp.jsp?tp=&arnumber=4700287>

- d. https://github.com/sailab-code/GNN_tf_2.x/tree/main/GNN
- e. <https://github.com/tensorflow/gnn>

Trabajo para la siguiente reunión

No centarnos en los 144 genes porque sería replicar el trabajo del paper de Braun.

Hacer una búsqueda más exhaustiva de la descripción de los genes.

Revisar el poster para resumir el texto.

HURI GENES (113)

ADIPOR2	EPHA2
VIM	AZIN2
TIMP2	PKLR
FLT4	SNCA
FOXP3	UBASH3B
PIK3CB	RBM45
PRDM6	MS4A1
SLC12A2	SPATA2
NTN1	ADIPOR1
FGFR2	CYP3A4
TFE3	VCAM1
PITX1	CXCR1
APOB	EOMES
ABCB1	CTLA4
FOLH1	ALB
MMP2	PBRM1
PTHLH	IL15
AURKA	CSF2
DYNLL1	GALNT10
ICAM1	DLC1
MAPK1	IFI27
JAG1	AXL
FLT1	STAT3
TSC2	IL13
DCTN6	CXCL8
PIK3CG	GJB1
MET	KRT20
SERPINE1	PIK3CD
CA9	PTEN
PSMD9	ABO
VEGFA	TYMS
IL4	ULK1
NCL	ADIPOQ
TTR	SETD2
ABCG2	COL18A1
PGF	EIF4EBP1
CD274	IFNA2
CD80	PDCD1
PIK3CA	HLA-DRB1
CXCR4	HLA-DQA1
FLT3	ANXA6
SMUG1	PELI1
PAX8	C5AR1
KDR	SERPINB2
FGF13	PEG3
ACLY	MTOR
PER2	APRT
CRP	HLA-DOA
EPHB2	IFNA13
VHL	NME1
ANXA1	TICAM2
HILPDA	RPL17
IL6	
DAB2IP	
CCL21	
HMGA1	
FGF2	
ACVRL1	
MFAP1	
TP53	
AKT1	