Reunión 1: 06/09/2022

## Participantes:

- 1. José Luis Ayala (UCM)
- 2. Sandra Alonso Paz (UCM)

### Título:

Segunda reunión.

#### Vía:

Online. Google Meet.

## Lo establecido en esta reunión:

- 1. Envié el paper a Josué ¿Cómo va la revisión de paper?
  - Mirar comentarios
- 2. ¿Seguiremos usando el mismo Git o creo uno nuevo?
  - Mismo proyecto, pero crear una rama distinta (otro directorio)
- 3. José se reunía hoy con los oncólogos. ¿Alguna novedad?
  - Se reúne hoy más tarde (15:00)
- 4. En cuanto a la búsqueda de relación entre genes:
  - El principal problema que estoy encontrando es que la mayoría de genes o son <u>desconocidos</u> o <u>no</u> <u>codifican proteínas</u> y por lo tanto no podemos saber su función principal ni su conexión con otros genes.
  - Además, tampoco podemos asegurar que los 20 genes más relevantes revelados por la feature selection estén relacionados.
  - Lo Intentos que he realizado:
    - Práctica del máster donde se buscan genes relacionados mediante coexpresión en ubi.
      Creábamos redes de genes.
    - o Script de Laura del año pasado para buscar descripción. Solo algunas lo tienen.
  - He leído el primer paper que mandó Laura y la mitad del segundo. Tiene bastante sentido usar grafos. Se pueden hacer con Tensorflow. Del segundo paper hay alguna cosa que se me escapa (cómo pasar de tabla de genes a relación entre ellos)
    - Hay una base de datos que relaciona las proteínas. Basarse en eso para crear el grafo.
      Laura pasará uno de sus paper para ver cómo se crean grafos PPI.
- 5. Ya me han llegado los papeles para formalizar el contrato. A lo largo de esta semana o la siguiente me lo mandarán.
  - De acuerdo, la fecha de inicio del contrato es el 15 de septiembre.

# Trabajo para la siguiente reunión.

- 1. Revisar los comentarios de Josué en el paper.
- 2. Crear una rama en el directorio de GitHub.
  - a. Filtrar de toda la lista de genes, los que codifiquen proteínas y con esos crear un grafo PPI. (Esta solución podría ser algo limitante). Usar Tensorflow porque es la más indicada.
  - b. Buscar otras formas de relacionar genes.
    - i. Por ejemplo, interacciones de dominio.
    - ii. Vía metabólica o vía funcional.
    - iii. Dominio DPI.
    - iv. Vía inmediata.