

## Participantes:

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

## Título:

Primera reunión tras las vacaciones.

## Vía:

Online. Google Meet.

## Propósito:

1. Formalizar la propuesta de trabajo para este año.

## Lo establecido en esta reunión:

1. Compartir con Josué el documento del paper en overleaf. Él hará la revisión y el resumen.
2. El martes 13/09, José se reunirá con los oncólogos para definir líneas a trabajar este año. Sobre ellas hablaremos en la siguiente reunión para continuar el trabajo.
3. El viernes 10/09 tendremos la primera reunión grupal con el resto de grupo de investigación donde haremos lluvia de ideas y nos pondremos al día con el resto de proyectos.
4. El objetivo de este año es aumentar el curriculum de Sandra. Para ello haremos un cambio de área (cardiología y oncología). A estos datos seguiremos aplicando técnicas de Deep Learning e interpretabilidad. En este sentido haremos que sea experta en técnicas de Deep Learning (CNN y Autoencoder) con interpretabilidad en el área de la biología.
5. Hacia el final del proyecto, contactaremos con Belén Díaz Agudo que se dedica a la interpretabilidad para utilizar un nuevo framework que ha desarrollado en lugar de utilizar LIME y SHAP.

## Trabajo para la siguiente reunión:

1. Activar compartir por link en overleaf y enviárselo a Josué.
2. Refinar la parte de Deep Learning. Buscar estrategias Deep Learning para estos datos. Recordar que pueden ser tratados como una imagen.

## Documentación aportada a la reunión:

### Revisión paper:

- Resumen: 296 palabras
- Introducción: Una hoja (627 palabras)
- Metodología: 4 hojas
- Resultados: 6 hojas
- Conclusiones: 1 hoja
- Apéndices: 13 hojas
- Bibliografía: 2 hojas

Total sin apéndices: 4897

Total figuras: 3 en metodología y 2 en resultados

Total tablas: 8 en resultados

- Clasificación basada en algoritmos ML binario
- Clasificación basada en algoritmos ML multiclase
- Comparación con everolimus binario
- Comparación con everolimus multiclase
- Clasificación después de aplicar autoencoder binario
- Clasificación después de aplicar autoencoder multiclase
- Resultados Red Convolutiva RNA total data set
- Resultados Red Convolutiva 400 genes más relevantes