

Naam: Niels Vanneste

Stagementor: Álvaro Cortés Calabuig

Verslag: zelfreflectieportofolio

**Kritische reflectie**

Internationale aspecten:

De literatuurstudie bestaat uit het lezen van alleen Engelstalige artikels die afkomstig zijn van NCBI, Nature, etc. Het kantoor bestaat uit verschillende personen uit verschillende landen. Men spreekt hier engels, spaans, frans, chinees. De aanspreking tussen de collega’s is meestal in het engels, maar als ze dezelfde taal spreken gebruikt men de moedertaal.

Mails worden verstuurd door heel het bedrijf in de internationale taal namelijk het engels. Als er een vergadering is van een bedrijf, ook al is dit een belgisch bedrijf, dan worden de demonstraties in het engels gehouden.

Presentaties rond de laatste nieuwe ontwikkeling in een onderzoek of een maatregel door een PhD student wordt in het engels gegeven.

Powerpoint die gegeven wordt door mezelf rond de stand van zaken is puur in het engels.

Eigen evaluatie

1. Past relevante programmeertechnieken toe om (biologische) gegevens op een geautomatiseerde manier te verwerken. **Volstaat**

In het begin was het programmeren op 1 bepaalde file en was er enige ondersteuning nodig door de stagementor om verder te geraken.

1. Programmeert op een zo efficiënt mogelijke manier

**NVT**

1. Past kritisch en efficiënt de structuur van een eigen of reeds bestaande programmastructuur aan

**Goed**

Ik kreeg een aantal scripts als ‘template’ deze structuur heb ik eigen kunnen maken en begrijp wat er gebeurt in de verschillende scripts

1. Past kritisch en efficiënt de structuur en inhoud van een gegeven (biologische) datafile aan

**Volstaat**

Af en toe nog eens een omslachtig gedeelte

1. Selecteert en deponeert autonoom biologische data uit of in een databank op een al dan niet geautomatiseerde manier.

**Goed**

Eigen single cell dataset gezocht en gebruikt ter analyse

1. Ontwikkelt nieuwe databankstructuren voor het beheer van gegeven of verkregen biologische data

**NVT**

1. Ontwikkelt een webinterface om (biologisch complexe) data op een gebruiksvriendelijke en efficiënte manier te kunnen verwerken

**NVT**

1. Neemt initiatief om nieuwe toepassingsmogelijkheden binnen de bio-informatica op te sporen en te gebruiken

**Excellent**

Ik heb zelf bepaalde analyse tools voorgesteld waarvan mijn mentor niets wist, deze gebruik ik nu ook mee in de opdracht en vergelijk ik.

1. Breidt zijn huidige kennis van datastructuren en programmeervaardigheden uit en stuurt autonoom bij, zodat dit bijdraagt tot de efficiënte bevraging en verwerking van data voor een gegeven biologisch probleem

**Goed**

Niet direct alles beginnne uitbreiden van kennis had toch een push nodig om aan te passen aan de data.

1. Houdt rekening met de wet- en regelgeving en (internationaal) geldende normen en waarden en past die toe ter bescherming van private gegevens

**NVT**

1. Evalueert kritisch de analysemogelijkheden voor gegeven of al dan niet op een geautomatiseerde manier verkregen (biologische) data

**Goed**

Ik neem niet zomaar analyse tools, maar ik lees al enige documentatie erover. De tools die ik vergelijk werden reeds meerdere malen vermeld in artikelen rond single-cell RNA seq.

1. Kiest autonoom de gepaste software voor de verwerking van gegeven of al dan niet op een geautomatiseerde manier verkregen (biologische) data

**Volstaat**

De software was al voor geinstalleerd. Deze heb ik gewoon gebruikt, maar ook de software werd vermeld in artikelen.

1. Combineert meerdere disciplines, maar houdt hierbij vast aan het eigen vakgebied

**Volstaat**

1. Analyseert, synthetiseert en harmoniseert gevolgtrekkingen vanuit verschillende disciplines tot een coherent en gecoördineerd niveau

**Volstaat**

Kan altijd beter en mooier het einde van de scripts. Momenteel mee bezig.

1. Rapporteert resultaten en informatie volgens de in het werkveld geldende standaard

**Goed**

Ik hanteer het jargon om de informatie door te spelen naar mijn mentor.

1. Stelt zich participerend op ten opzichte van de organisatie en het team

**Goed**

Ik help waar ik kan helpen en werk actief mee in de vergaderingen.

Formatieve evaluatie:

De tussentijdse evaluatie was zoals verwacht goed met beperkte mate voor bepaalde leerresultaten. Toekomst is dat deze allemaal verschuiven naar het gebied goed tot excellent. De lespakketten rond R scripting, highthroughput analyse en scripting zelf komen hier heel veel aanbod.

De feedback die wordt gegeven tijdens de stages probeer ik altijd op te schrijven. Mijn stageschrift is een handig spiekbriefje geworden met daarin wat wordt er verwacht van mij, wat moet ik nog doen, wat is er nog niet op punt gesteld. Ik kreeg enkele scripts die al voor geschreven werden door iemand van het bedrijf, was moeilijk te interpreteren in iemand zijn eigen werk, maar uiteindelijk ben ik wel mee geraakt op vlak van de techniek van deze persoon.

**Persoonlijk Ontwikkelings Plan (POP)**

leerdoel:

* Pbs scripts leren maken.
* Leren werken met relevante differentiele expressie tools voor single-cell RNA sequencing. Namelijk Monocle2, EdgeR en Deseq2 kunnen vergelijken met elkaar.
* Het gebruik van pika (voorgemaakt programma van genomics core) kunnen verklaren om pipeline integratie mogelijk te maken.

Ontwikkelingsactiviteiten:

* Tutorials volgen rond de ontwikkeling van een pbs script en hoe de parameters van dit script eruit zien.
* Als activiteit voor differentiele expressie heb ik de vignetten gelezen van alle tools en deze meegevolgd op mijn eigen laptop.
* Bij het eigen maken van deze tools heb ik al mijn kennis rond R moeten gebruiken en veel bijgeleerd.
* De R tools overzetten naar HPC en daarop verder bouwen.
* Aanmaken van de pipeline is readme van pika lezen en de code van pika ontcijferen.

Gewenste resultaten:

Pbs scripts zijn in mijn ogen nu gewone bash scripts. Bij problemen kan ik altijd googlen naar hoe de juiste oplossing is. De ruwe data kan ik nu omvormen naar interpreteerbare data qua differentiele expressie. Een fastq file kan ik QC, mappen, counter, DE op uitvoeren.

Het leerdoel leren werken met de R tools is zeker volbracht al voor de tussentijdse evaluatie. De R scripts die ik heb geschreven manueel aan de hand van tutorials en de vignetten van de DE tools werken momenteel op de HPC, mits je natuurlijk de directories aanpast.

Ook het mooier maken van de ouput is nu ook gelukt de pbs scripts worden vlotter interpreteerbaar. De scripts zijn al veel minder omslachtig en in een paar uur kan ik meerder datasets verwerken.

Planning:

Schrijven van de pipeline zelf en het begrijpen hoe dit moet is een leerdoel die pas op het einde van de stage kan worden volbracht. Op de 5de week zou ik zeker willen beginnen aan een pipeline ontwikkeling voor de scRNA sequencing data. Momenteel ben ik op schema.

Benodigde ondersteuningen en faciliteiten:

De data kan ik altijd digitaal downoaden. Ik heb een desktop met ubuntu, deze kan altijd in de hpc inloggen om verschillende datasets over te brengen naar de harde schijf. De mentor is altijd beschikbaar via mail of persoonlijk. Als ik echt ergens niet ben of vastzit of resultaten heb ter interpretatie dan kan mijn mentor mij altijd een antwoord geven of een onderbouwde bespreking geven om de interpretatie vlotter te laten lopen.

Bij computerproblemen kan ik altijd bij eender wie terecht, hangt af van expertise, informatie rond de workflow (library prep) kan ik ook gewoon vragen in het labo.