**Cuaderno de laboratorio de la Tesis de Licenciatura**

**SEPTIEMBRE: INTRODUCCIÓN**

**PRIMERA SEMANA**

**03/09/18**

Leí dos papers.

1ro: “Identifying cell populations with scRNASeq” de *Tallulah S. Andrews y Martin Hemberg* que cuenta bastante detalladamente, es una review, los pasos para lograr el objetivo que nos plenteamos y las diferentes técnicas disponibles en cada paso. Las compara y contrasta.

Posible utilidad: Buscar qué técnica usar y recordar por el esquema de la pag 115 los pasos del trabajo.

Duda: en la pag 117 muestra en un gráfico como hace la reducción de dimensionalidad con distintas técnicas y se obtienen clusters muy distintos…cómo puedo determinar cuál usar?. Entiendo en cada uno obtengo algo distinto porque como que comprimí mis datos en la variable que tengo de interés pero, igualmente los veo muy distintos.

2do: “Computational methods for trajectory inference from single-cell transcriptomics” de *Robrecht Cannoodt, Wouter Saelens and Yvan Saeys.* Estetrabajo se mete más en la idea de la inferencia de trajectorias (TI) y habla de las técnicas recientemente desarrolladas para usar con datos single-cell y también lo relaciona un poco con las técnicas de reducción de dimensionalidad que se usan previamente. **IMPORTANTE: HABLA DE 4 IDEAS PARA HACER UNA BUENA PRÁCTICA DE TI.**

Posible utilidad: el gráfico del proceso de agregar el pseudo tiempo a partir del snapshot single cell (pag 498).

Duda: en pag 249 me habla de que pueden haber por la biología del proceso trayectorias lineales o de branched…mi duda es cómo me doy cuenta de su tipo para saber qué técnica emplear o no depende la técnica de esto?. Por ejemplo PCA (para la reducción de la dimensionalidad) es un algoritmo lineal (sus dimensiones).

04/09

Leí gran parte de “Manifold learning-based mathods for analyzing single-cell RNA-sequencing data” de Kevin R Moon et al. Fui a la charla de “Remodelado de circuitos del giro dentado por neurogénesis adulta: procesamiento de información” de Ayelén Groisman del laboratorio de A. Schinder.

05/09

Terminé de leer el paper “Manifold learning-based mathods for analyzing single-cell RNA-sequencing data” de Kevin R Moon et al y leí el paper “Learning regulatory models for cell development from single cell transcriptomic data”. Me surgieron dos dudas importantes:

* Una célula tiene la posibilidad de tener muchos genes pero, no todos están prendidos. Sino que va a depender de la función de esa célula cuáles van a ser los genes prendidos. Además esto evoluciona en el tiempo, algunos genes que no estaban prendidos pueden prenderse en un futuro y viceversa (está bien?).
* El orden de los pasos que muestra en Fig.1 pareciera ser distinto al orden del manifold del artículo anterior. En la pag.76 plantea usar el PCA o el MI para la inferencia de la estructura de la red mientras que en el artículo anterior pensé que era para la reducción de dimensionalidad.