

AI 助力生信入门课程

第一节课 AI+CNS 文思路解读

1. **基于 Deepseek 高效阅读多组学的 CNS 生信文章**
2. AI 整理代谢组、蛋白组、宏基因组等多组学数据分析流程
3. Deepseek 从多篇生信文献中快速总结提炼多组学数据分析方法
4. Deepseek 评价多组学生信文章思路的创新性和数据分析可行性

第二节课 Deepseek 辅助生信课题设计

1. Deepseek 辅助代谢组、蛋白组、宏基因组联合分析策略
2. AI 指导代谢组、蛋白组、宏基因组、转录组交叉验证的思路
3. **Deepseek 汇总生信论文模板**设计的层次和逻辑要点
4. Deepseek 辅助生信多组学数据研究热点挖掘
5. **Deepseek 构建多个公共数据库联合验证有效策略**

第三节课 AI+生信数据挖掘

1. AI 指导多个数据集样本分组和不合格样本的剔除
2. AI 辅助公共数据库数据筛选
3. 用 AI 来做生信分析结果的基础画图展示
4. **AI 辅助生信数据分析代码修改**

第四节课 AI 辅助国自然标书写作

1. Deepseek 分析立项依据（背景、问题、创新点）
2. **AI 模拟专家评审**对标书内容优化
3. 国自然标书指令汇总
4. AI 汇总优秀标书对自己标书整体修改

第五节：借助 ChatGPT 来学习编程基础--R 语言

1. R 和 Rstudio 的安装、环境配置
2. **AI 汇总** R 语言简单语法及常见命令
3. **AI 解读 Cell 文章方法**描述学习 R 包的安装及使用
4. **AI 汇总 Nature 文章源代码**学习重点函数基础代码

第六节：AI 辅助学习数据结构

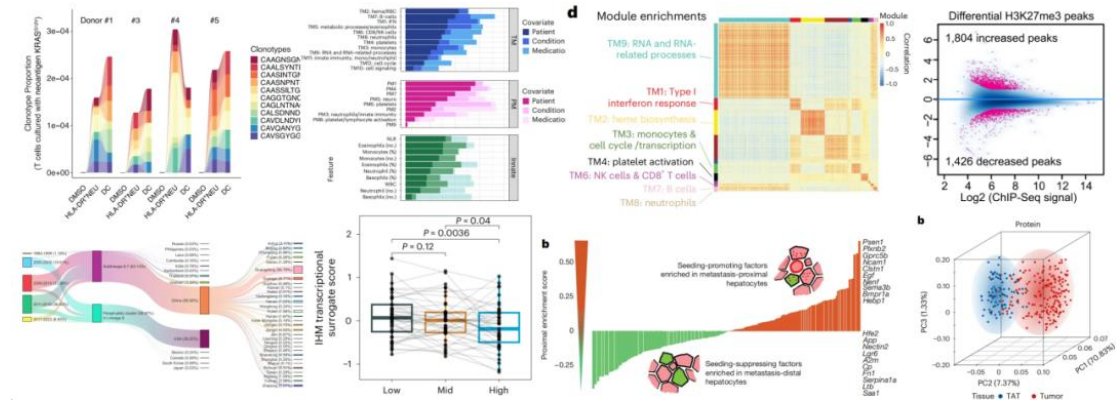
1. AI 汇总向量、矩阵、数据框和列表的创建和索引
2. **AI 直接帮你写多种数据结构的合并【Cell】**
3. AI 自定义 Function 函数构建
4. AI 构建 for 循环、字符型数据的处理【Cell】

第七节：AI 学习 Nature 文章源代码转录组数据表达矩阵处理基本处理

1. AI 处理重复基因和缺失值的删除
2. 不同分组样本的批量归类【Nature】

3.AI 对多个样本的表达矩阵合并

4.芯片探针基因名字的转换【Nature】



第八节：AI 学习 Cell 文章源代码进行生存曲线分析

1.临床预后信息的批量整理

2.创建生存对象、拟合曲线【Cell】

3.特定基因的筛选构建预后分组

4.combat 算法不同数据集的批次处理

第九节：AI 对 RNAseq 数据进行差异分析

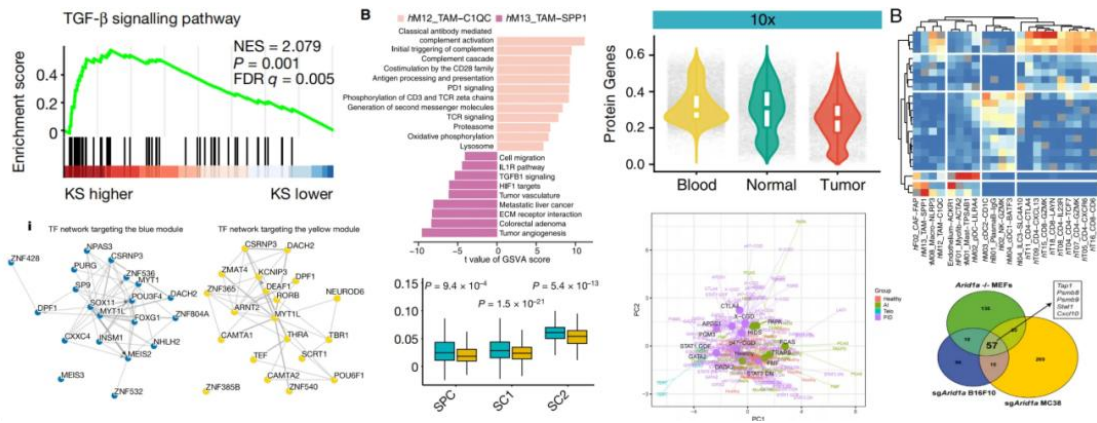
1.芯片数据上游分析【Cancer Discovery】

2.多个样本的数据归一化处理

3.分组矩阵系统讲解【Nature】

4.Deseq2 分析流程【Science】

5.EdgeR 差异分析系统讲解



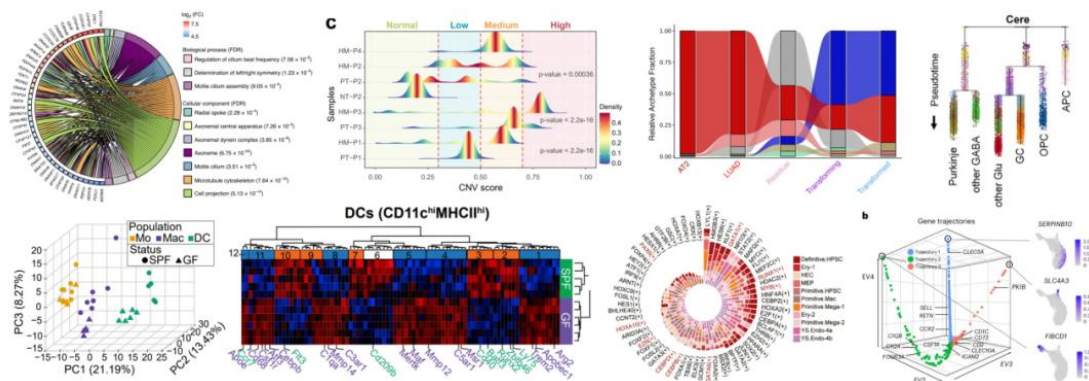
第十节: AI 整合多篇 CNS 文章源代码学习画图

1. ggplot 体系画图包括热图
2. 火山图 箱线图 小提琴图 **【Nature】**
3. 多分组显著性 p 值添加方法 **【Nat Med】**
4. 三维 pca 图展示差异特征 **【Science】**
5. 层次聚类算法区分不同样本特征

第十一节: AI 写基因集富集分析代码

1. over representation
2. GSEA 富集 **【Cancer Cell】**
3. 包括自定义基因集的富集分析
4. 富集通路网络图 **【Nat Genet】**

5.蛋白互作网络构建【Nature】



第十二节：以 Nature 文章为例系统讲解单细胞转录组基本分析

1.单细胞在 CNS 文章思路解析及常见图形解读

2.数据质控、数据放缩、PCA 降维、聚类

3.三维 tSNE、UMAP 可视化【Science】

4.单细胞多组学分析思路和方法【Nature】

第十三节：AI 指导单细胞转录组拟时序分析

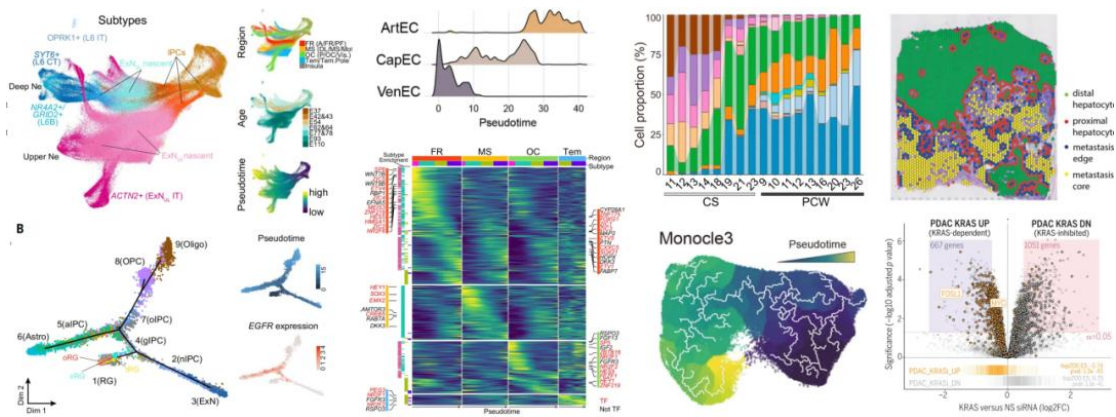
1.monocle 拟时序分析【Nature】

2.细胞排序，构造一棵生成树

3.基因随轨迹分析变化热图【Cell】

4.BEAM 轨迹分支分析【Nature】

5.自测和挖掘单细胞项目思路归纳总结

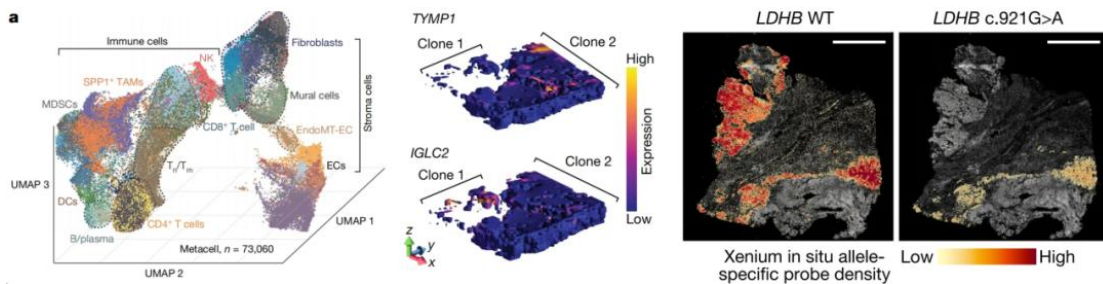


第十四节：AI 汇总空间转录组理论及分析内容

- 1.空间转录组技术发展历程和原理介绍
- 2.AI 对空间转录组 **CNS** 文章思路解析及常见图解读
- 3.10x Visium 基本分析流程 **【Cancer Cell】**
- 4.空间数据与单细胞整合分析思路

第十五节课：AI 助力高分辨空间转录组分析

- 1.Xenium 空转数据分析 **【Nature】**
- 2.Visium HD 空转数据分析 **【Cell】**
- 3.**Stereo-seq** “亚细胞级分辨率”测序介绍
- 4.空间测序多截面 3D 邻域重建 **【Nature】**



第十六节课：AI 汇总机器学习基础理论

1.随机森林和支持向量机 (SVM)

2.弹性网络回归算法 Enet **【Cell】**

3.广义提升回归模型 (GBM)

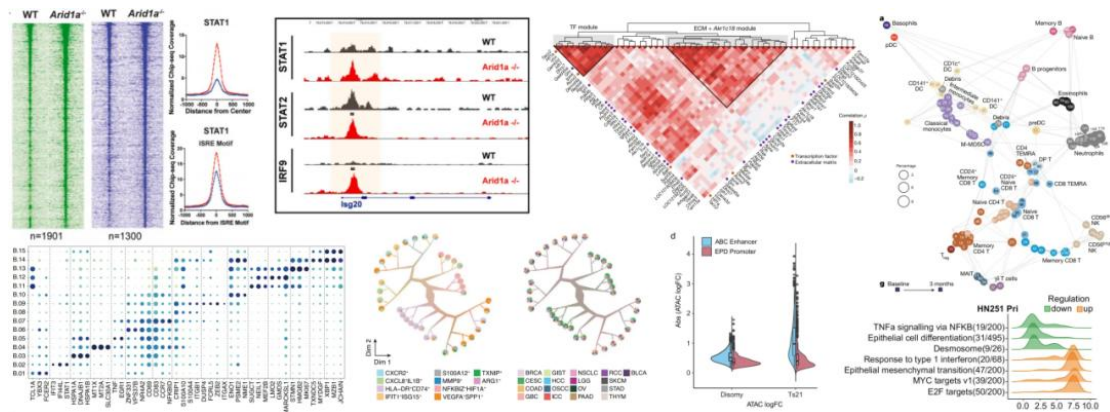
第十七节课: **AI 助力表观遗传研究**

1.ChIP-seq、ATAC-seq 在 CNS 文章中应用

2.ChIP-seq 数据分析峰值可视化 **【Nature】**

3.**ATAC-seq 数据 peak 注释** **【Cancer Cell】**

4.峰值在外显子、内含子、启动子的分布计算



第十八节: 加权基因共表达网络分析 (WGCNA) 算法系统讲解

以 **nature 文章为例**

1.构建邻接矩阵和拓扑重叠矩阵

2.无尺度网络模型 **【Nature】**

3.共表达调控网络 **【Cell】**

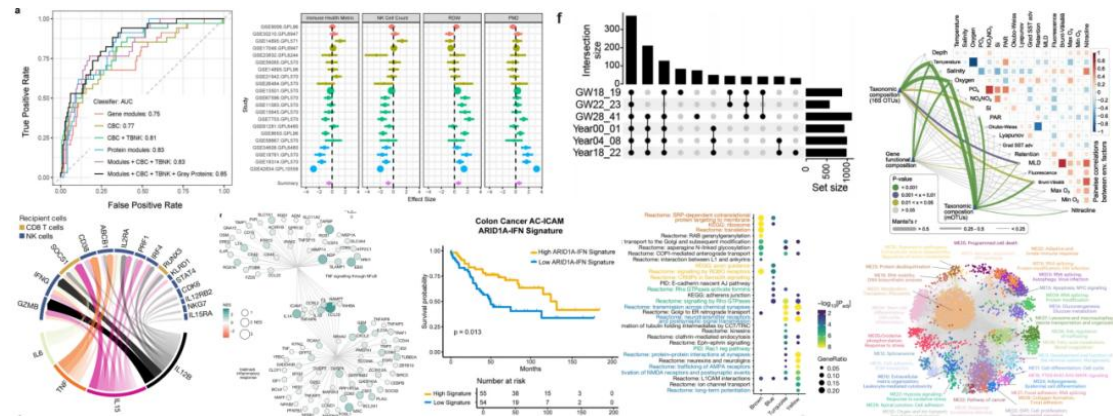
第十九节: **AI 进行免疫浸润计算**

1.CIBERSORT 反卷积算法，以 TCGA 数据为例

2.非监督共识聚类算法 **【Science】**

3.转录因子富集 **【Cell Stem Cell】**

4.Mfuzz、 BioNet 调控网络构建



第二十章：实践课（课程总结，带领学员使用自测数据完成整体分析流程）