

单细胞 python 班

第 1 节: Python 编程语言入门

1.Spyder 和 Anaconda 安装

2.环境配置; 基本语法、数据类型等

3.Python 控制流与函数 (条件语句、循环语句、函数定义、返回值)

第 2 节: Python 数据结构进阶

1.列表、元组、字典、集合高级用法

2.Python 包 (numpy、pandas、matplotlib 等)

第 3 节: Shell 基础命令学习

了解 Shell, 基础命令学习 (文件操作、权限管理)

第 4 节: Scanpy 单细胞基础分析流程

scanpy 单个样本的单细胞分析流程

AnnData 对象层级结构理解

Leiden 算法、Louvain 算法 (Python)

scanpy 多种单细胞数据文件读取

scrublet 去除双细胞

第 5 节: 多个样本数据整合方法

1.ingest 和 BBKNN: 多个样本数据整合

2.scVI 和 harmony:整合多个高维数据集的算法

第 6 节：单细胞注释方法

1.CellTypist 自定义高精度和低精度注释出细胞的亚群

2.scCODA (Python)：基于贝叶斯模型精准分析单细胞组成差异，识别与条件相关的细胞类型丰度变化

第 7 节：功能富集分析

1.GSEAPy: python 版本的功能富集分析

2.PROGENy (Python) 活性打分（基于转录组数据预测细胞内信号通路活性，帮助揭示细胞功能的调控机制）

第 8 节：转录因子调控网络分析–pySCENIC 转录因子分析

第 9 节：细胞间通讯分析方法

1.CellphoneDB: 整合多物种配体–受体交互与统计建模，系统解析细胞间通讯网络与功能模块

2.LIANA+ (Python)：整合多组学交互与概率建模，精准量化细胞间配体–受体活性并解析功能特异性通讯网络

第 10 节：单细胞发育轨迹推断–Palantir 进行单细胞发育轨迹推断分析

第 11 节：降维与轨迹识别方法

1.PHATE 同时保留局部结构(local structure) 以及全局结构(global structure)对单细胞数据降维 【Nature】

2.Slingshot (Python) 轨迹分析

3.PAGA 轨迹推断

4.将 velocity 与 PAGA 联合分析 【Nature】

第 12 节：RNA 速率分析 – scVelo：RNA 速率分析

第 13 节：扰动分析——CellOracle 结合基因调控网络与机器学习，动态模拟细胞命运决策的扰动响应与转录重编程

第 14 节：百万细胞数分析方法：Metacell (R)、Supercell (Python)

第 15 节：muon—— Single-cell RNA-seq and ATAC-seq integration

第 16 节：Scirpy TCR/BCR 分析工具

第 17 节：hotspot 空间聚集识别方法

识别单细胞数据中具有显著空间聚集的区域，揭示细胞间的局部相互作用

第 18 节：CellRank：基于马尔可夫过程和 RNA 速率的细胞命运预测

第 19 节：scFEA：代谢分析（自定义代谢通量建模，从单细胞数据解析高精度代谢网络和低覆盖基因谱，揭示细胞代谢重编程。）

第 20 节：染色体拷贝数推断

inferCNVpy: python 版的 inferCNV

第 21 节：metaVIPER 自定义蛋白活性推断，整合多组学数据解析高精度调控网络和低信噪比样本，揭示关键驱动蛋白

第 22 节：drug2cell: 单细胞尺度解析药物扰动响应，量化靶点机制与细胞特异性药效网络

第 23 节：scAge: 单细胞水平解析衰老相关基因表达动态，量化细胞年龄状态与衰老轨迹

第 24 节：scTE：单细胞转座子表达分析工具，解析转座子活性与细胞异质性关联（转座元件分析）

第 25 节：MAGIC：使用数据扩散从单细胞数据中恢复基因的相互作用

第 26 节：CellOracle: 通过单细胞多组学（转录组+表观组）数据推断细胞命运调控网络的计算工具

第 27 节：scDRS: 将单细胞 RNA-seq 数据中的单个细胞与疾病 GWASs 相关联

第 28 节: 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)