

单细胞进阶班

- 1: 单细胞 ATAC 分析: peak calling、差异 peak 分析、peak 注释
- 2: scATAC:motif 富集分析、染色质共可及性、转录因子的 footprint
- 3: scATAC 的伪时间分析 【Nat Genet】
- 4: 以 Nature 文章为例系统讲解 scRNA-seq 与 scATAC-seq 联合分析 【Nat Genet】
- 5: CITE-seq 对单细胞转录组和膜蛋白进行定量分析 【Nat Med】
- 6: scRepertoire 系统分析 TCR 和 BCR 数据 【Nature】
- 7: Scissor、BayesPrism 进行 Bulk 和单细胞的联合分析 【Science】
- 8: scRNA-seq 和 bulk RNA-seq 数据联合分析推断细胞类群互作网络 【Cell】
- 9: MAGIC 利用流形学习还原单细胞的基因表达 【Cell】
- 10: hdWGCNA 单细胞转录组加权基因共表达网络分析 【Cell】
- 11: 使用 VISION 算法推断单细胞代谢活性 【Cancer Discovery】
- 12: 百万细胞数分析方法: Metacell
- 13: CellRanger 处理单细胞上游数据, loom 文件生成

14: CytoTRACE 进行拟时间分析，基因表达量随 PC1 轴的变化 【Cell】

15: 3D Diffusion Pseudotime Analysis diffusion component 【Cell Stem Cell】

16: Monocle2 拟时间与 CytoTRACE 结合的个性化绘图 【Nat Med】

17: Monocle3 在三维空间轨迹与 scVelo 结合 【Nature】

18: Differences in pathway activities scored per cell by GSVA 【Nat Med】

19: SCEVAN 表征细胞的克隆结构 【Science】

20: inferCNV 结合 UPhyloplot2 分析肿瘤进化

21: geneNMF 鉴定不同的生物学功能 【Cell】，不同 cluster 的异质性确定 【Cancer Cell】

22: CNS 文章作图美化

23: scTenifoldKnk: 单细胞 RNA 测序数据进行虚拟基因敲除分析，预测特定基因在某一细胞群体中敲低后的整体基因表达谱变化

24: scPagwas 采用多基因回归模型对一组性状相关基因进行优先排序，并通过将途径活性转化的单细胞 RNA 测序 (scRNA-seq) 数据与全基因组关联研究 (GWAS) 汇总数据相结合，揭示性状相关的细胞亚群。

25: Beyondcell 进行药敏分析和药物治疗预测

26: SoupX: 进行 RNA 污染检测和矫正

27: 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)