



中国矿业大学

CHINA UNIVERSITY OF MINING AND TECHNOLOGY

学 术 报 告

报告题目：基于单细胞表观转录组的细胞轨迹与调控网络分析

报告人：孟佳

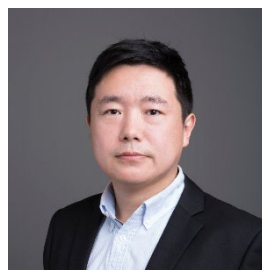
时 间：2024年11月29日上午10:00

地 点：文昌校区教4楼400

主办单位：信息与控制工程学院

报告人简介：

孟佳在美国德克萨斯大学圣安东尼奥分校获得电子工程学博士学位(生物信息学方向),后加入美国麻省理工学院和伯德研究所从事生物信息学研究工作。孟佳于2013年加入西交利物浦大学生物科学系,现任生物科学与生物信息学系(原生物科学系)主任,生物信息研究中心(苏州独墅湖高教区重点科研平台)主任,英国利物浦大学的兼职博导。孟佳长期从事生物信息数据特别是高通量数据的分析和研究工作,已发表论文专著等100余篇,先后入选江苏省双创计划,江苏省六大人才高峰,苏州市优秀教育工作者,英国皇家公共卫生协会会员等高层次人才计划及荣誉。孟佳目前主要专注于RNA修饰和表观转录组的生物信息学研究。



报告摘要：

作为基因表达调控的基本机制,转录后RNA甲基化在多种生物过程和疾病机制中发挥多样化的作用。近年来,单细胞技术的进展使得能够在数千个细胞中同时分析全转录组范围内的RNA甲基化,这为深入了解RNA甲基化的动态、功能和调控提供了可能。然而,如何最佳地分析单细胞表观转录组学数据仍然是一个重大挑战。在本研究中,我们开发了SigRM,这是一种计算框架,可有效挖掘具有大量细胞的单细胞表观转录组学数据集,例如通过SMART-seq2平台的scDART-seq技术生成的数据集。SigRM不仅在RNA甲基化位点检测方面在模拟和真实数据集上均优于最先进的模型,还提供了严格的RNA甲基化水平量化指标。这促进了包括RNA甲基化动态的轨迹推断和调控网络重建在内的多种下游分析。

