**HCA施工大队 · 2018年2月26日 会议记录**

|  |  |
| --- | --- |
| 记录人 | 花奎 |
| 发布时间 | 2018年2月26日 |
| 文件版本 | V1 |

**工作例会 (早)**

(会前热场讨论：当前工作重点，搭建一个可在本地运行的pipeline，留好接口，Web端的数据传输和可视化等放在后期考虑)

未到场：鄞启进 (英语课)、冯晨(请假)

重申今日任务：

1. 功能需求分析，苗准和李翔宇负责RNA-seq,魏征张威负责ATAC-seq
2. 其他技术团队的人员做相关工具调研(每人至少3个)，下午的例会集中讨论
3. 魏征斯杰讨论确定技术框架

**工作例会(晚)**

1. **汇报现有的scRNA-seq pipeline调研**

Upstream:

* Illumina pipeline (theoretical)
* scPipe (R package)
* Celloline (python, https://github.com/Teichlab/celloline)

Downstream:

* Granatum (R script web) (集成度高，功能全)
* ASAP (Java,python,R mixed web app)
* SINCERA (R package）
* OMIC TOOLS (pipeline wiki)
* Ginkgo
* SAKE
* Single Cell Portal (文献的wiki)
* scRNA-tools
* Seurat (R package)
* Monocle (pseudotime)
* Galaxy
* GenePattern (可以自己设计pipeline)

1. **冯晨介绍10X genomics 测序技术的基本原理**
2. **张威介绍scATAC-seq数据分析流程及相关的软件**
3. **讨论程序框架的具体实现方法**

**今日小结**

1. 确定了pipeline面向的数据类型(Smart-seq, 10X, ATAC-seq)
2. 调研了现有的scRNA-seq和scATAC-seq数据分析流程，初步确定了我们pipeline使用的软件
3. 初步确定了pipeline的代码思路

**下一步任务**

1. 魏征、斯杰根据现有跑程序的脚步搭建程序框架
2. 其余人分组跑通不同数据类型的分析流程，鄞启进、宋绍铭、陈盛泉负责Smart-seq，冯晨和刘昌毅负责10X，张威负责ATAC-seq