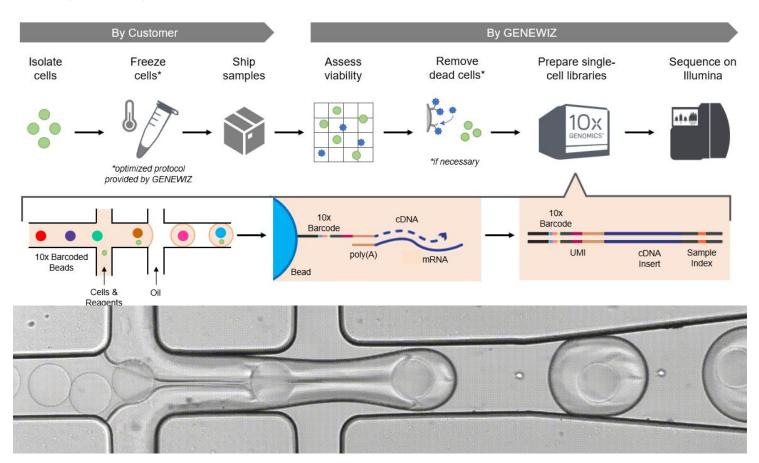
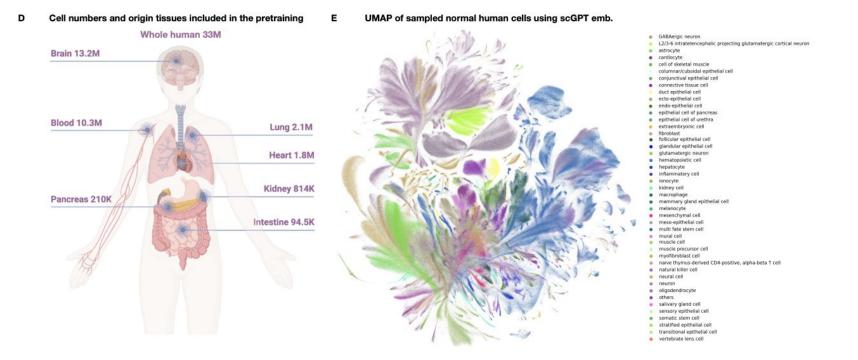
Single-cell аналіз

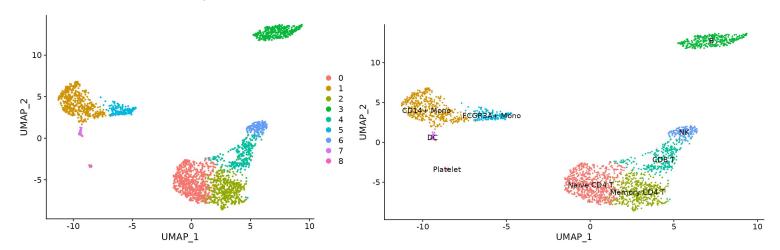
Підходи у секвенування



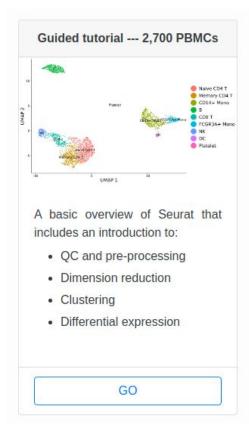


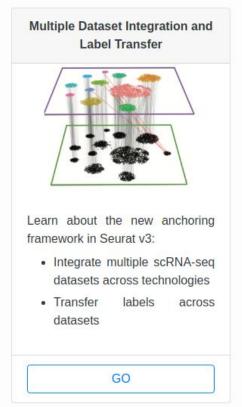
Про що поговоримо?

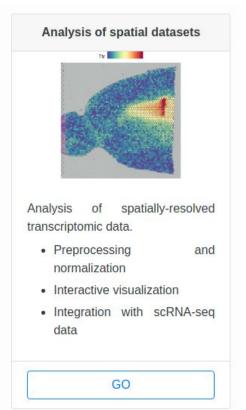
- 1. Як проводити аналіз окремих клітин без програмування?
- 2. Робота з даними в R. З чого почати?
- 3. Типи об'єктів для single-cell аналізу
- 4. Як самостійно робити single-cell аналіз?
- 5. Бази даних та ресурси



Що будемо робити на курсі?





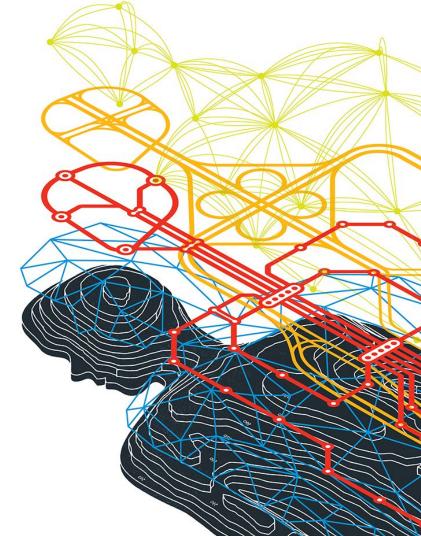


Чому ми навчимося?

- 1. Створення об'єктів
- 2. Аналіз експресії генів
- 3. Дослідження та анотація типів клітин
- 4. Дослідження ділянок відкритого хроматину
- 5. Інтеграція даних багатьох омік (мультиоміка)
- 6. Диференційна експресія генів
- 7. Міжклітинні взаємодії (комунакація)

Single-cell аналіз

Maryna Korshevniuk PhD candidate in personalized medicine and single-cell multiomics TranSYS ITN, UMCG, Groningen







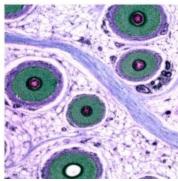
Cell Type A **Cell Type B SCRNA Seq**

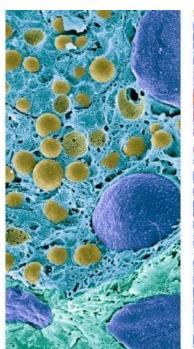
Чому важливо розуміти процеси на рівні окремих клітин?

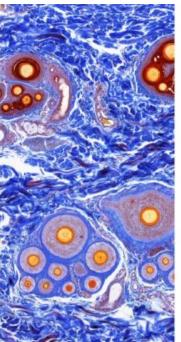


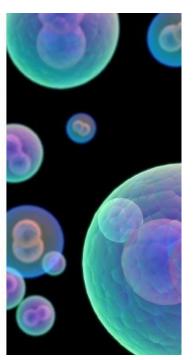
HUMAN CELL ATLAS

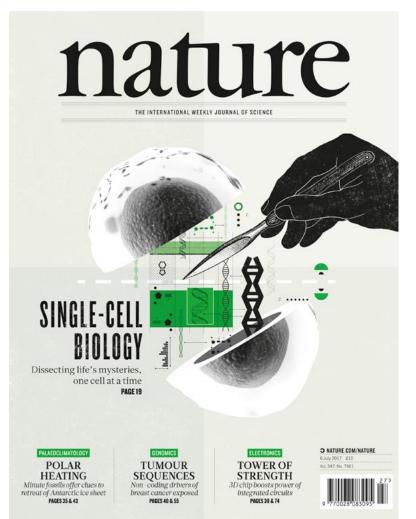




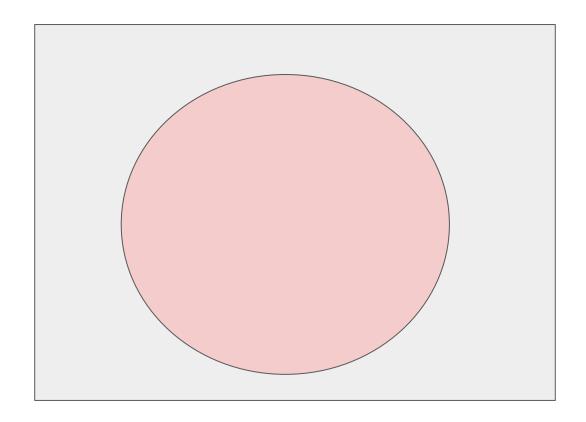


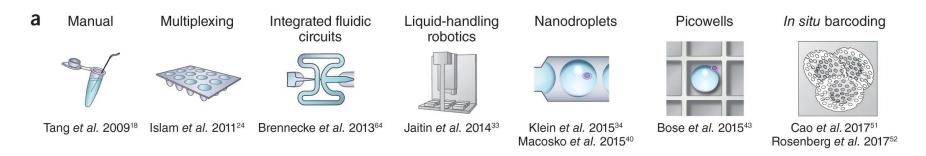


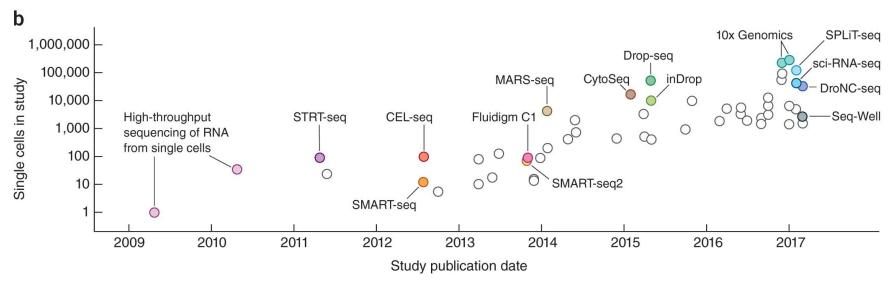






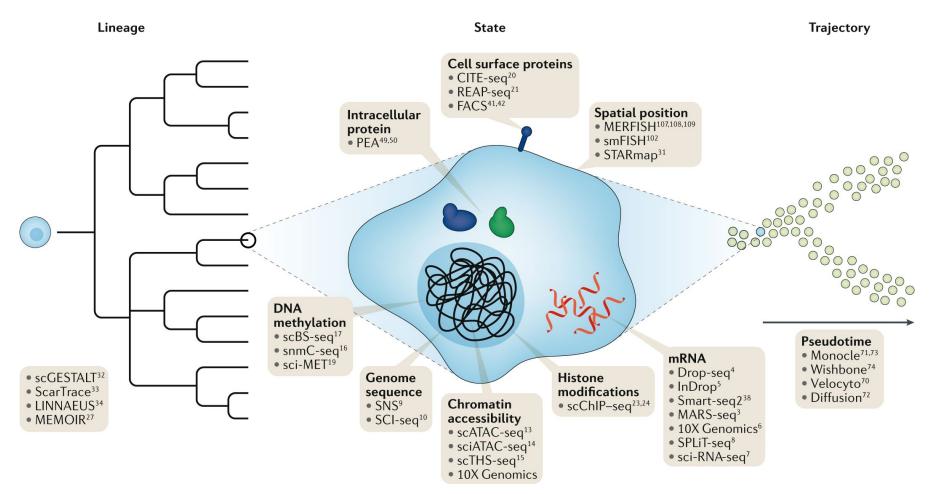






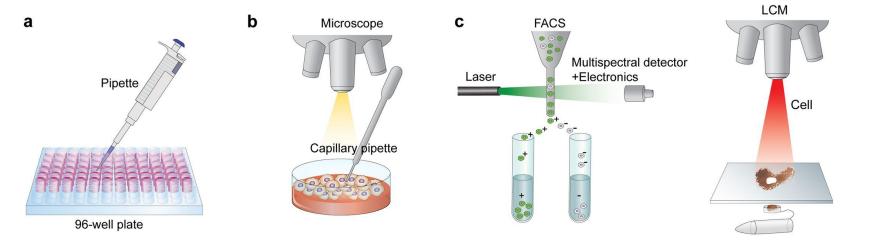
Svensson V, Vento-Tormo R, Teichmann SA. Exponential scaling of single-cell RNA-seq in the past decade. Nature Protocols. 2018;13(4):599-604.doi:10.1038/nprot.2017.149

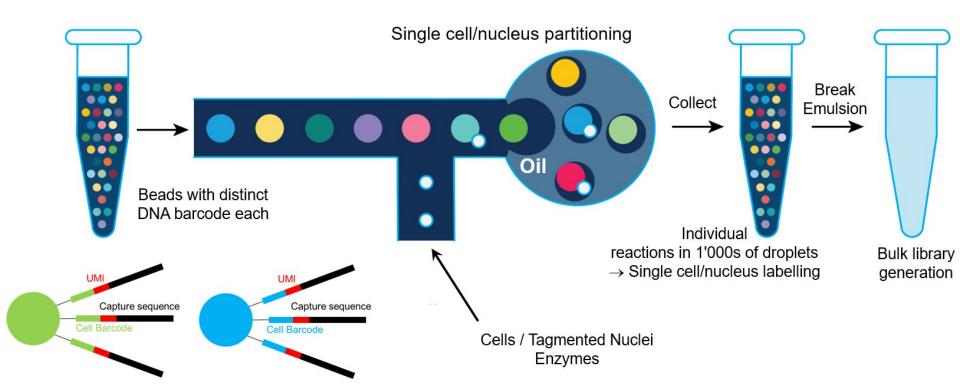
Які властивості клітин можуть бути проаналізовані та що для цього потрібно?



Stuart T, Satija R. Integrative single-cell analysis. Nature Reviews Genetics. 2019;20(5):257-272. doi:10.1038/s41576-019-0093-7

Як можна виділяти ці окремі клітини?

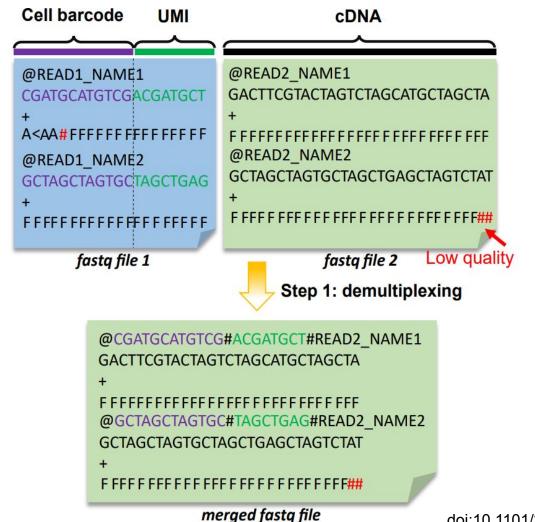




Аналіз "сирих" даних

PRE-PROCESSING Raw data processing Cells Count matrices

- Cell RangerDropSeq Tools
- PIGx



Capture sequence

Cell Barcode

@CGATGCATGTCG#ACGATGCT#READ2_NAME1
GACTTCGTACTAGTCTAGCATGCTAGCTA

+

+

merged fastq file



Step 2: sequence QC

@GCTAGCTAGTGC#TAGCTGAG#READ2_NAME2 GCTAGCTAGTGCTAGCTGAGCTAGTCT

+

FFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFF

filtered fastq file



Step 3: alignment

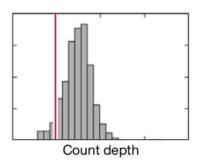
UMI	gene
TAGCTGAG	A4GALT
TACGTCGG	CD79B
GGGCTTAA	CD79B
CGTAGGTA	ABR
TACGTCGG	BBC3
	TAGCTGAG TACGTCGG GGGCTTAA CGTAGGTA



Step 4: transcript quantification

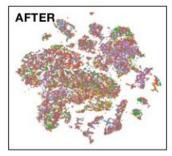
	GCTAGCTAGTGC	CCCATGGTTGGA	
A4GALT	1	0	
CD79B	0	0	
ABR	0	0	
BBC3	3	18	

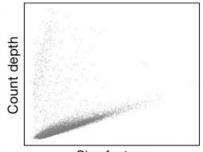
Аналіз підготовлених даних



Data correction (e.g. batch)

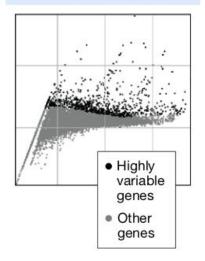






Size factors

Feature selection



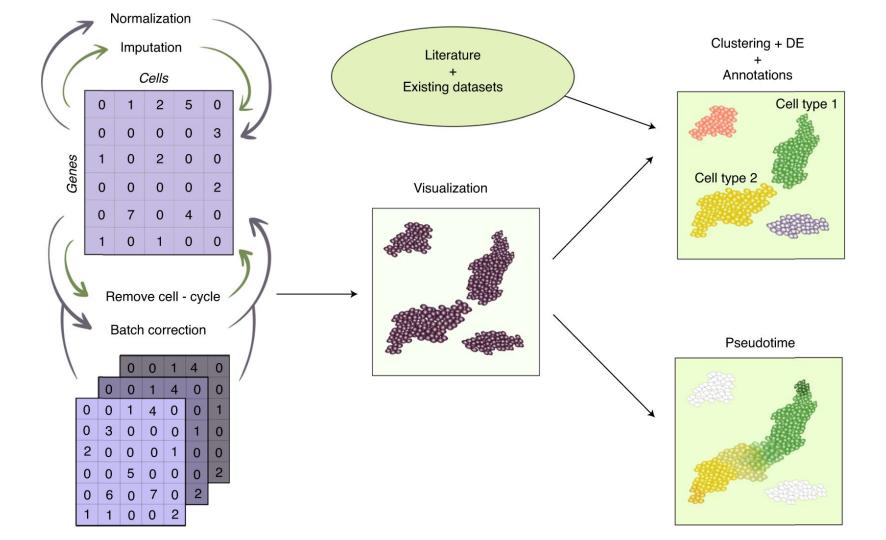
- Seurat (R)
- Scanpy (Python)

Клітини

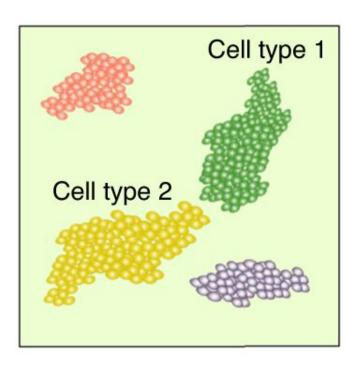
0	1	2	5	0
0	0	0	0	3
1	0	2	0	0
0	0	0	0	2
0	7	0	4	0
1	0	1	0	0

Гени

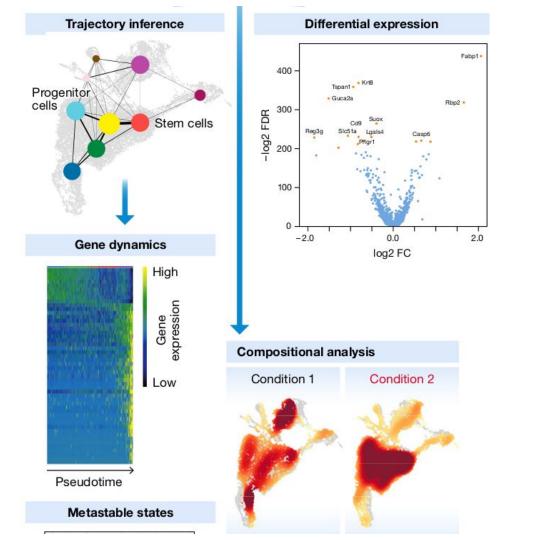
Чим відрізняються клітини між собою?



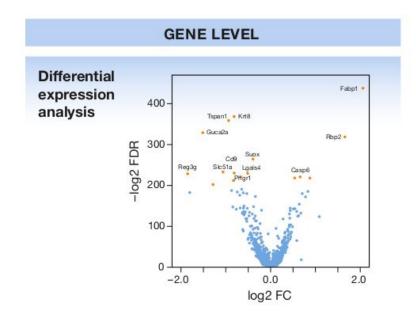
Яку інформацію можна отримати після попереднього аналізу?

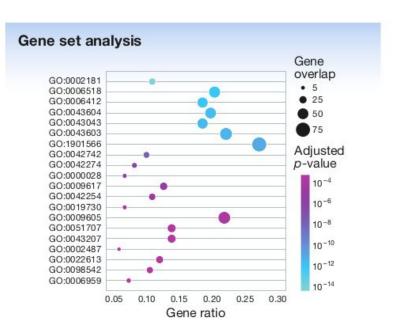


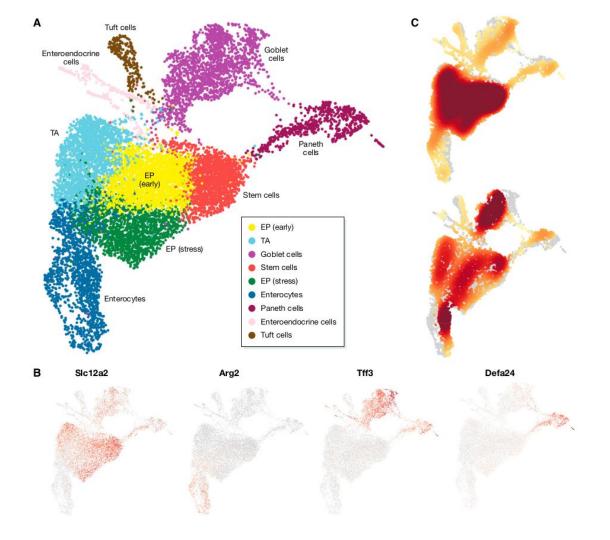
DOWNSTREAM ANALYSIS Clustering Marker identification **Cluster annotation** Tuft cells Goblet cells EEC EP (early) Paneth cells Stem cells EP (late) Enterocytes



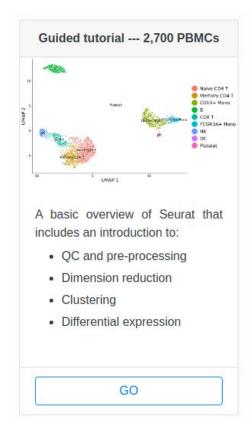
Інші підходи до аналізу

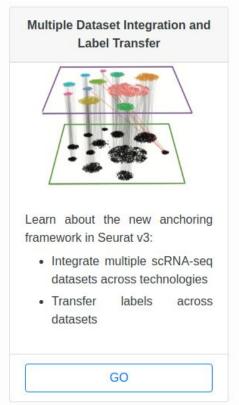


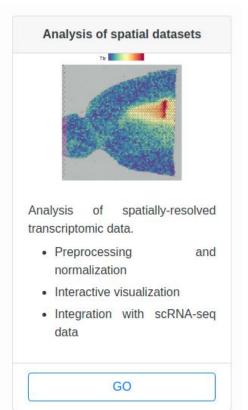




Що будемо робити на курсі?







Де навчитись single-cell аналізу?







Computational Genomics with R

