复旦大学数学科学学院
数学综合报告会

报告题目：单细胞与空间组学数据分析相关算法

报告人： 刘丙强 教授 (山东大学)

时间：2025-11-26 星期三 15：30-16：30

地点：光华楼东主楼 1801

报告摘要：

利用单细胞和空间多组学数据研究生物体生命活动过程以及疾病发生发展过程已成为重要途径。RNA-seq定量反映样本的表达水平，为转录调控研究奠定了基础，单细胞多组学测序技术则为刻画细胞异质性调控提供了方向。进而，空间组学开创了革命性的方法来理解生物组织的复杂性，它不仅捕捉了基因表达的全景，还保留了至关重要的空间位置信息，使得在细胞乃至亚细胞层面解析组织功能成为现实。我们与合作者开发了整合多组学数据的异质图模型算法以预测细胞类型，特别是稀有细胞类型，进而研究细胞异质性及其调控网络。同时，我们引入图信号处理技术，开发了空间组学数据的新表示方法，为表达特征生成可解释的且融合空间信息的频域表示，应用于识别空间可变基因、增强基因表达信号、识别功能相关的组织单元等任务。进而，融合基因共表达与空间坐标双重维度关系的图傅里叶变换与深度学习框架，设计了新的空间域识别算法，在空间域识别和基因表达信号强化、去噪声和去批次方面均表现出优异的性能。上述研究将为复杂疾病异质性和调控机制研究提供很好的算法支持。

非线性数学模型与方法教育部重点实验室
中法应用数学国际联合实验室
上海市现代应用数学重点实验室
复旦大学数学研究所