
北京基因组所开发出基于深度学习的单细胞转录组分析模型

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/11721.html>

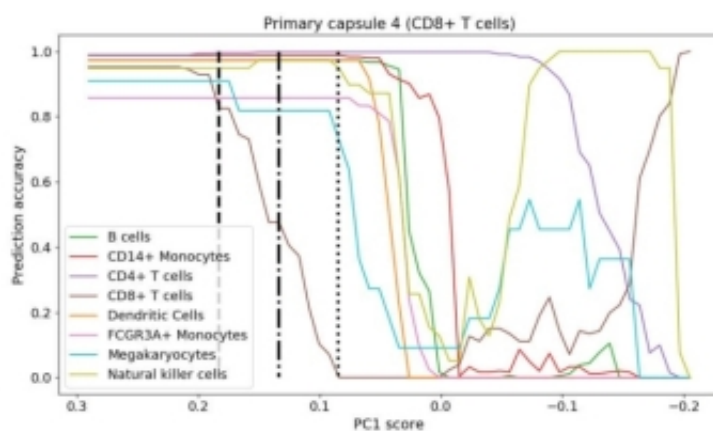
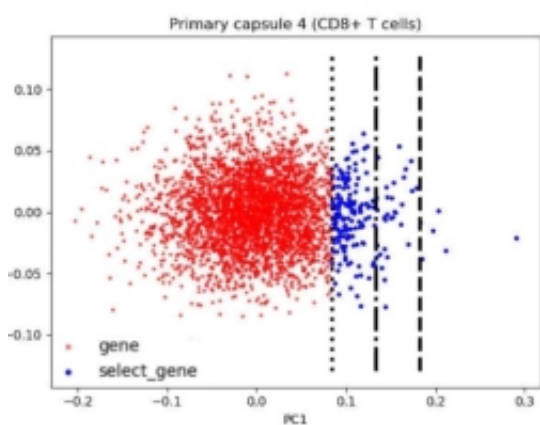
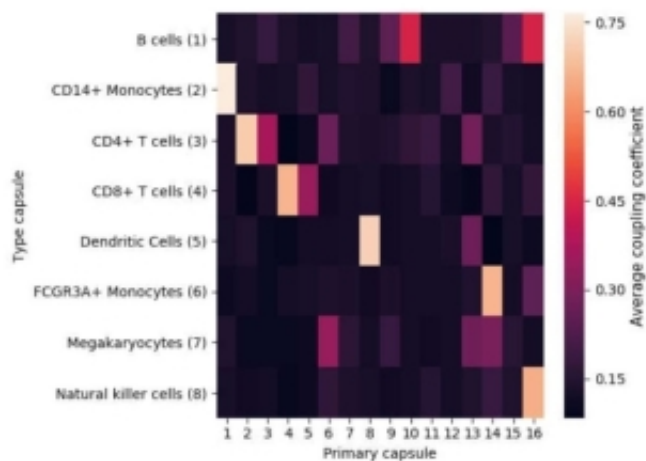
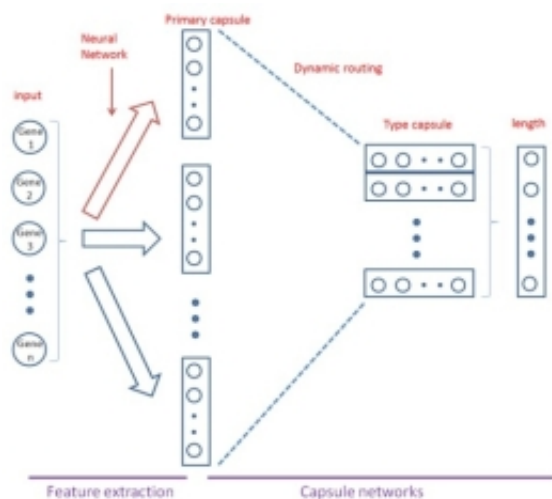
本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

单细胞转录组作为单个细胞的特征，可更加精确地定义细胞的类型。常规的基于单细胞转录组的分类方法首先是进行无监督的聚类，然后根据每个集群（Cluster）特异表达的细胞标记基因来对集群进行标注。虽然基于无监督的分类方法更容易发现新细胞类型，但是人工标注的过程费时费力。目前已有的基于监督学习的自动分类方法，大部分无法兼顾到方法的解释性以及新细胞类型的发现。

近日，中国科学院北京基因组研究所（国家生物信息中心）研究员蔡军研究组、北京师范大学教授张江研究组合作在Nature Machine Intelligence发表了题为An interpretable deep-learning architecture of capsule networks for identifying cell-type gene expression programs from single-cell RNA-sequencing data的研究成果，构建出决策过程可解释的深度学习网络模型，单细胞胶囊网络（single cell Capsule Network, scCapsNet），并用于单细胞转录组分析。相对于其他单细胞转录组自动分析工具，单细胞胶囊网络能更稳定更高效地分辨出属于新细胞类型的细胞。同时，单细胞胶囊网络能通过模型的内部参数找出细胞类型相关基因。通过细胞类型相关基因，单细胞胶囊网络能将基因与细胞类型直接联系起来，提高了深度学习模型的解释性。本质上，单细胞胶囊网络将基因的表达特征和细胞类型特征进行低维编码，这样的编码富含生物学意义。

蔡军与张江为论文共同通讯作者。北京基因组所博士王力飞为论文第一作者。研究工作得到科技部重点研发项目、中科院战略性先导科技专项、国家自然科学基金委员会等的资助。

[论文链接](#)



单细胞胶囊网络的结构以及模型的可解释性（细胞类型相关基因的发现）

研究团队单位：北京基因组研究所

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发