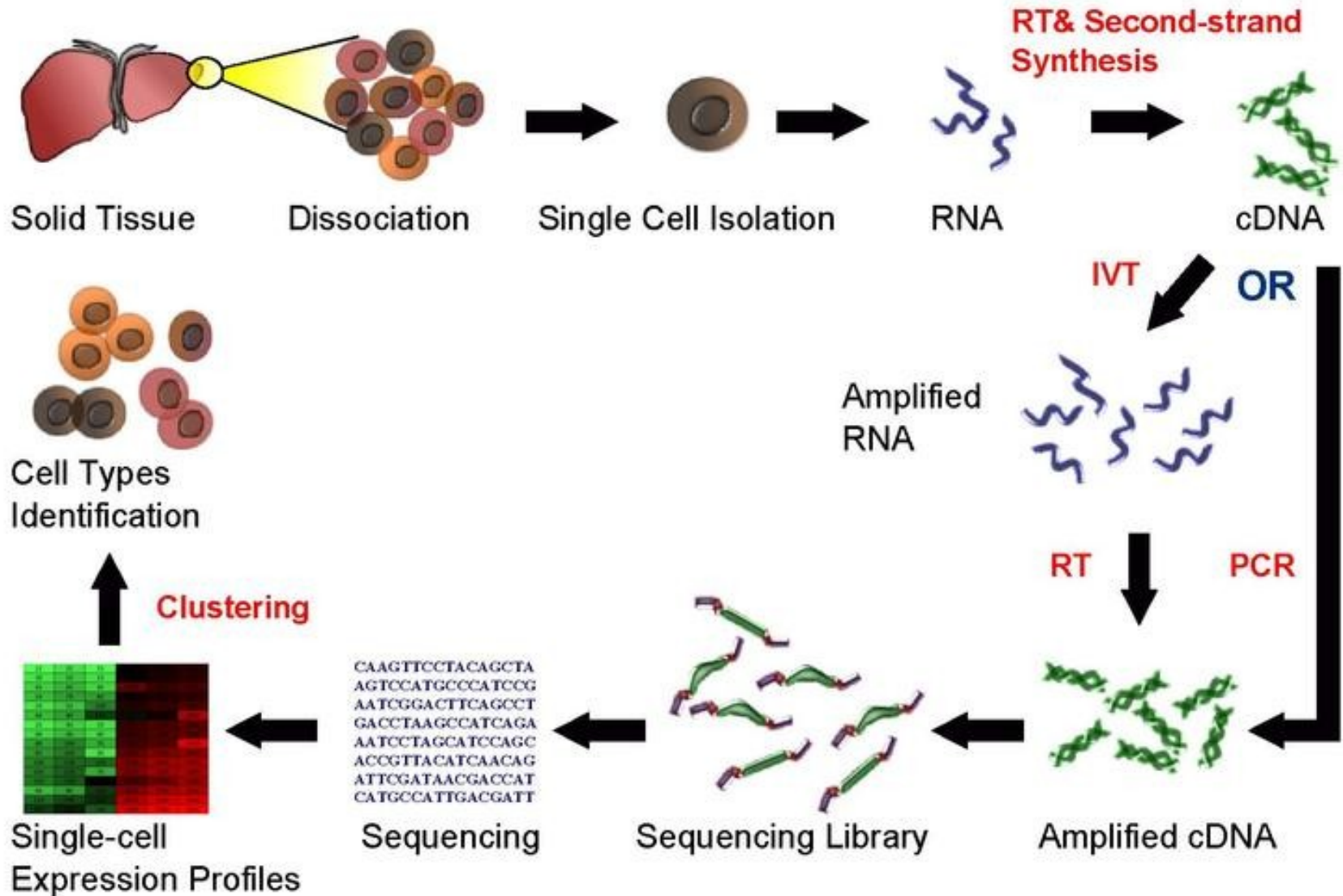


# Анализ данных single-cell RNA-Seq

«It opens the door to reveal intercellular heterogeneity and has been employed to a variety of applications, ranging from characterizing cancer cells subpopulations to elucidating tumor resistance mechanisms»

Single-Cell Transcriptomics Bioinformatics and Computational Challenges. Poirion, Zhu, Ching, Garmire. Frontiers in Genetics, 2016

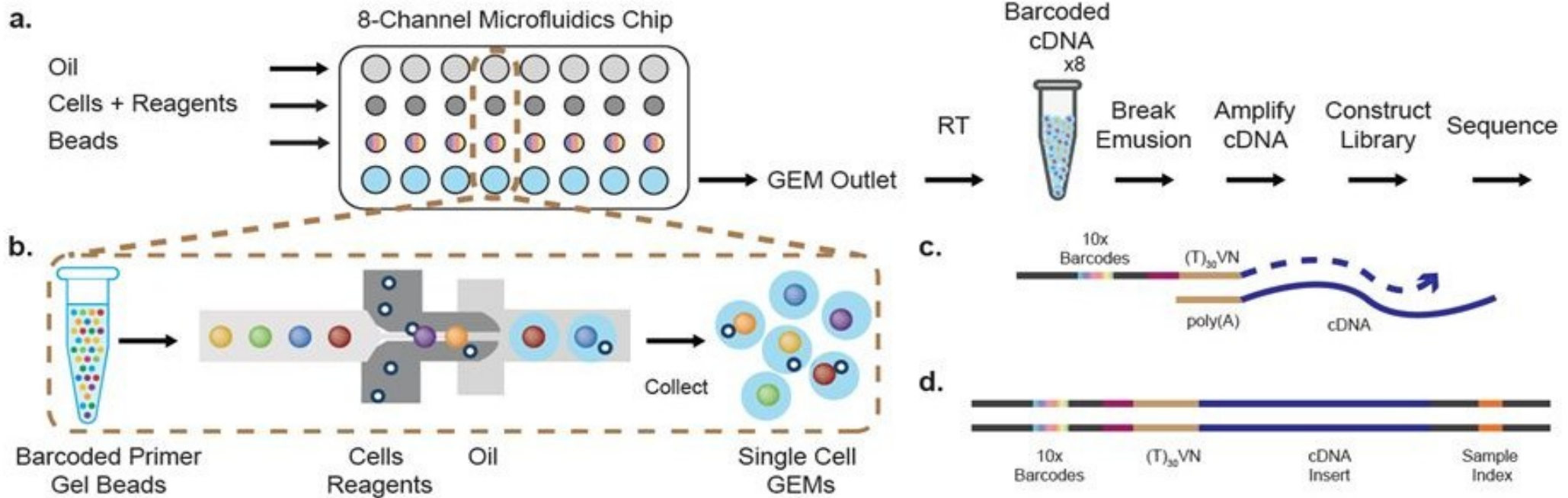
# The technology



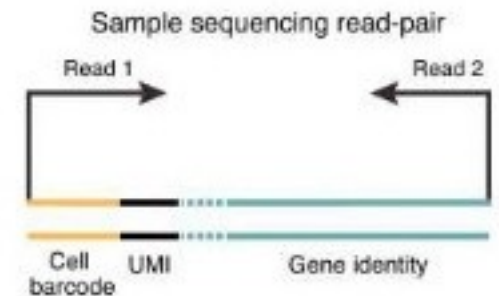
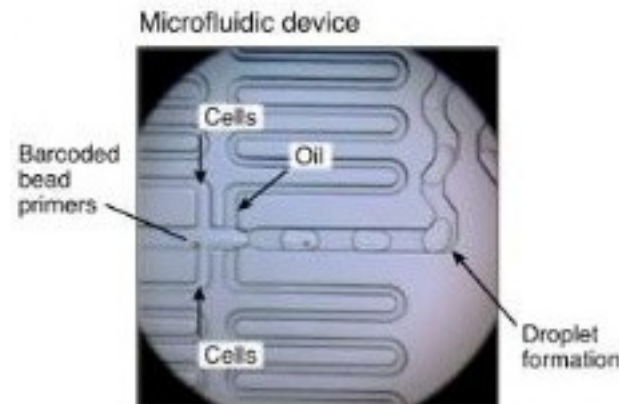
- Pick a sample tissue
- Isolate individual cell
- Extract RNA
- Perform RT using individual barcode

[https://en.wikipedia.org/wiki/File:RNA-Seq\\_workflow-5.pdf](https://en.wikipedia.org/wiki/File:RNA-Seq_workflow-5.pdf)

# 10X Genomics droplet-based protocol



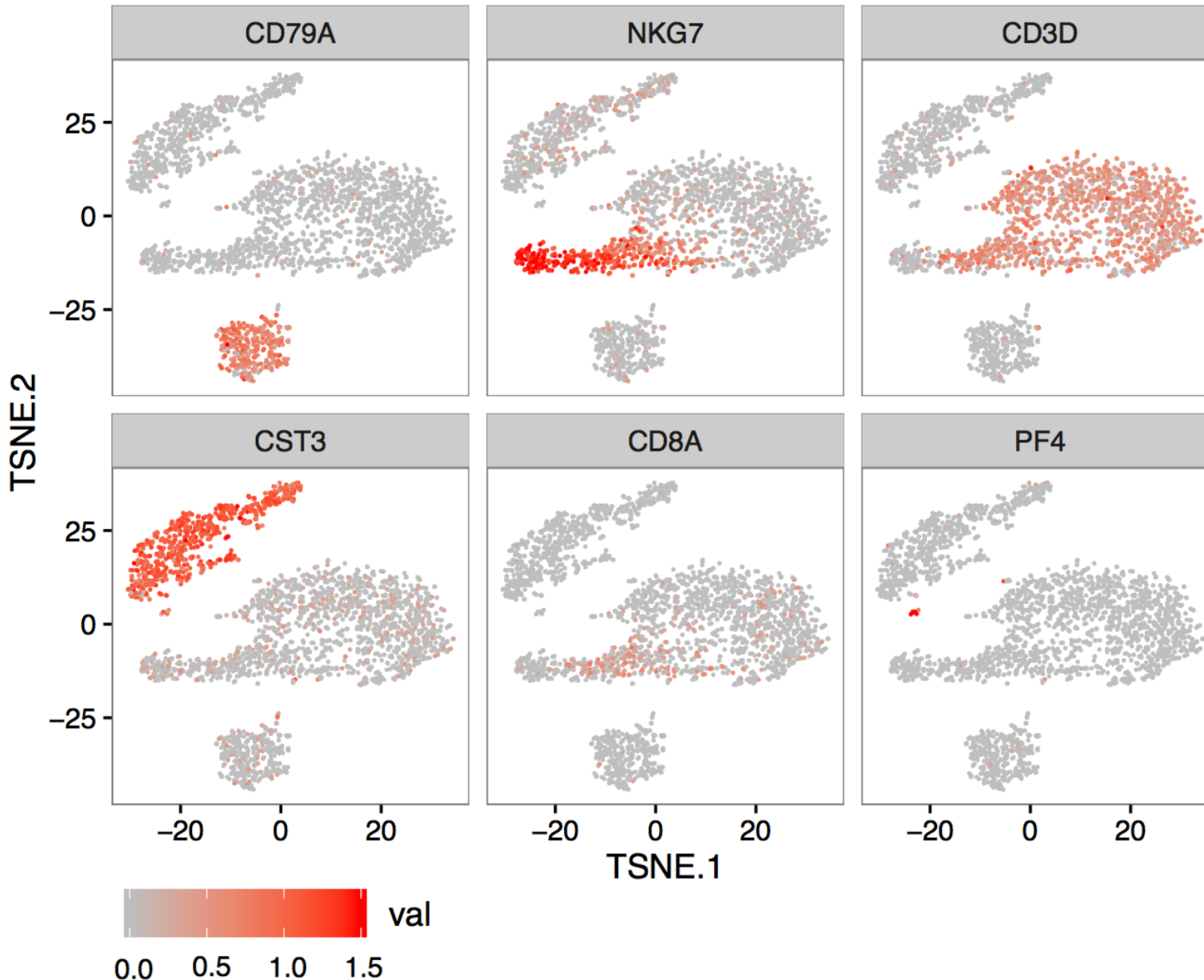
Encapsulates up to 48 000 cells in 10 minutes



<http://slideplayer.com/slide/10925442/>

<https://www.slideshare.net/TimothyTickle/introduction-to-singlecell-rnaseq>

# Biological value



- Determine expression profile of individual cells
- Reveal rare cell types within a cell population
- Identify uncommon RNA with low copy number
- Calculate copy-number distribution of the whole mRNA population in individual cells

# Задачи участников

- Поставить биологическую задачу. Самостоятельно выбрать данные для анализа.
- Получить матрицы экспрессии с помощью пакета CellRanger на кластере компании EPAM
- Выполнить префильтрацию и кластеризацию матрицы экспрессии. Сравнить алгоритмы машинного обучения
- Провести валидацию полученных результатов
- Описать полученные субпопуляции клетки