

# 学术报告会

时间：2025年4月18日 10:00-11:30

地点：电信群楼3-414会议室

## 在单细胞分辨率解析抗肿瘤药物动态作用 机制的计算方法

古槿  
清华大学



### 摘要:

理解肿瘤细胞的异质性和可塑性对于克服药物耐药性至关重要。单细胞技术使得在特定条件下分析细胞状态成为可能，但将静态细胞快照串联起来以表征动态药物反应仍然具有挑战性。“计算+组学”是生物医学研究的新范式，我们提出了scStateDynamics算法，基于流形学习和最优传输的原理将不同时间点的细胞命运进行“虚拟”对齐，进而可以详细解析肿瘤细胞的异质性与原发耐药、获得性耐药的的关系。在多个模拟数据和谱系示踪数据上进行测试，结果均表明scStateDynamics的可靠性与性能优势。图模型有更为灵活和强大的数据表示能力，适用于关系型数据的处理以及多源异质信息的融合，针对肿瘤药物作用条件下的动态单细胞组学数据的特点，我们提出了跨时间节点的多（双）层图模型scConGraph算法，节点为细胞、边分为同一时刻内以及跨相邻时刻的细胞间相似性或相互作用，然后将跨时刻的边当作上下文信息用图表示学习计算节点的嵌入表示。使用scConGraph识别了与胰腺癌原发耐药与适应性耐药的关键信号通路与基因，并得到了实验验证。

### 简介:

古槿，清华大学自动化系，长聘副教授。课题组针对生命遗传密码与复杂系统调控规律解析的关键难题，发展新的信息理论与智能技术，推动恶性肿瘤等重大疾病诊疗的精准化与个体化，已在Nature Cell Biology、Cell Stem Cell、Genome Biology等杂志上发表论文60余篇。现任中国自动化学会智能健康与生物信息专业委员会秘书长、中国人工智能学会生物信息学与人工智能专业委员会常务委员。主持国家自然科学基金优秀青年科学基金、重点项目、国家重点研发计划课题等国家级科研项目。