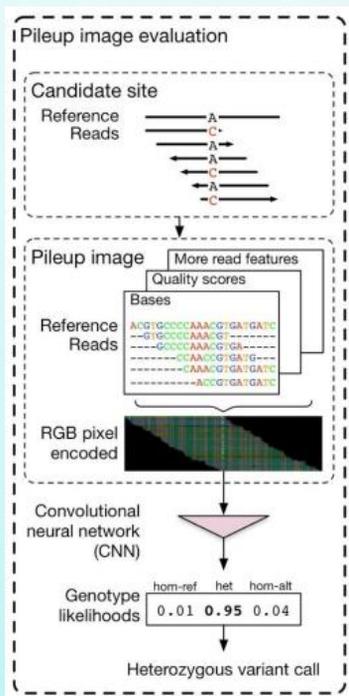


深度學習於定序數據分析

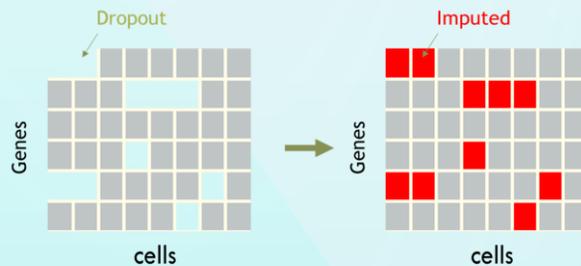
Deep Learning for Sequencing Data Analysis

近年來，深度學習應用於高通量定序數據的分析，陸續有各種研究的成果，在此次演講中，我們將討論已有的深度學習方法於下列任務的成效，並且分享我們使用的經驗：

(1) variant calling：DeepVariant 使用卷積類神經網路模型，對定序與參考基因體的堆疊圖像，進行分類，鑑別變異點的原理。



(2) scRNA-seq imputation：使用生成模型，如生成競爭網路 (generative adversarial networks, GAN) 或是自動編碼器 (autoencoder)，對單細胞表現體數據進行補值、去除批次效應，以更準確地推論基因表現的調控、和細胞的類型。



講者：陽明交通大學生物 醫學資訊所 黃彥華助理教授

時間：2023 年 04 月 13 日 10:30~11:30

主辦單位：陽明交通大學 系統與合成生物學研究中心

活動方式：線上演講，請預先報名

<http://bct.binfo.org.tw/node/132>

