



# 中国矿业大学

CHINA UNIVERSITY OF MINING AND TECHNOLOGY

## 学术报告

受人工智能研究院、信息与控制工程学院、中国矿业大学生物信息研究所邀请，华中师范大学张晓飞副教授在我校举行学术报告。欢迎广大师生参加！

**报告题目：**基于机器学习方法的单细胞 RNA 测序数据缺失值填充

**时 间：**7 月 6 日下午 16: 00

**地 点：**腾讯会议 会议号：127688915

**主办单位：**人工智能研究院，信息与控制工程学院，中国矿业大学生物信息研究所。

### 报告人简介：

张晓飞，男，博士。华中师范大学数学与统计学学院副教授，博士研究生导师。主要从事基于机器学习方法的大规模生物医学组学数据挖掘研究。现主持国家自然科学基金面上项目 1 项，参与国家重点研发计划“精准医学研究”重点专项 1 项，参与国家自然科学基金重点项目 1 项。国家自然科学基金信息学部二处、三处通讯评审专家。已在 Bioinformatics（第一作者或通讯作者发表 7 篇）、IEEE transactions on Cybernetics（第一作者或通讯作者发表 2 篇）、IEEE Transactions on Image Processing、BMC Bioinformatics、BMC Genomics、IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics 等重要学术期刊发表学术论文 40 余篇。

### 报告摘要：

Single-cell RNA sequencing (scRNA-seq) methods make it possible to reveal gene expression patterns at single-cell resolution. Due to technical defects, dropout events in scRNA-seq will add noise to the gene-cell expression matrix and hinder downstream analysis. Therefore, it is important for recovering the true gene expression levels before carrying out downstream analysis. In this talk, we will introduce a new imputation method, called scTSSR, to recover gene expression for scRNA-seq. Several experiments will be conducted to show the competitive performance of the proposed method.

