

Élet a pixelek mögött: daganat- és víruskutatás mesterséges intelligenciával

HORVÁTH PÉTER

¹Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biokémiai Intézet,
Szintetikus és Rendszerbiológiai Egység

²Institute for Molecular Medicine Finland, HiLIFE, University of Helsinki, Finland

³Helmholtz Munich, AI4Health Institute, Germany

Előadásomban áttekintést adok a nagyléptékű fénymikroszkópos kísérletek egysejt szintű feldolgozásának számítástechnikai lépéseiről. Először egy új mikroszkópos képkorrekciós eljárást mutatok be, mely kijavítja a nem egyenletes megvilágításból származó képi hibákat, így támogatva a fényintenzitás alapú mérések helyességét. Ezután új, differenciál geometriára, energia minimalizációs módszerekre és mesterséges intelligenciára alapuló egysejt szegmentálási módszereket ismertetek. Bemutatom az Advanced Cell Classifier (ACC) gépi tanulási szoftvert, melyet azért fejlesztettünk, hogy a képi jellemzőkből származó információ felhasználásával sejtes fenotípusokat azonosítsunk. Az ACC egy olyan interaktív felületet biztosít, mely segítségével a felhasználók hatékonyan képesek intelligens algoritmusokat sejtek automatikus fenotipizálására tanítani. Azon esetekre, ahol nem lehetséges diszkrét fenotípus kategóriák létrehozása, bemutattunk egy multi-parametrikus regresszióon alapuló, eljárást, mely képes biológiai folyamatok elemzésére. A tanulási gyorsaság és a pontosság növelése érdekében egy olyan aktív tanulási sémát dolgoztunk ki, amely kiválasztja a legtöbb információval rendelkező sejt mintákat.

A fejlesztett módszerek kombinációit felhasználva különböző egysejt kinyerési stratégiákat mutattunk be. Ismertetem a frissen elért sikeres eredményeinket egysejt DNS és RNS szekvenálás, proteomikai, lipidomikai és célzott elektrofiziológiai elemzések területén.

Új európai kezdeményezések az ipari matematikában

HORVÁTH ZOLTÁN

Széchenyi István Egyetem

A matematikai technológiák – például adat és fizikai alapú modellezés, szimuláció, optimalizáció – kulcsszerepet játszanak interdiszciplináris alkalmazások, ipari folyamatok, innovációk egész sokaságában. Európai hatáskörrel több szervezet is segíti a matematikai technológiák elterjesztését, hasznosítását, és ezáltal a matematikus kutatócsoportok minőségi, matematikát igénylő projektekhez juttatását. Az előadásban két matematikai szervezet, az EMS CAIR és az EU-MATHS-IN idevágó tevékenységeit mutatjuk be, azzal a céllal,

hogy a magyar matematikai közösség megismerje és megértse a szervezetek folyamatait, az általuk nyújtott és potenciálisan nyújtható lehetőségeit és kapcsolódási pontjait, nyitott pozícióit.

Önmagukban is hasznos információként és a fentiek megértését megalapozandó, bemutatjuk

- az EU fő kutatási és innovációs keretprogramjait, működési mechanizmusait, legfontosabb szereplőit,
- elemezzük a sikeres pályázás módjait,
- egy konkrét nemzetközi projekt, a HiDALGO2 Centre of Excellence-ben lévő matematikusi részvétel példáját a fent elemzett pályázási módszertan sikerességére,
- egy konkrét stratégiai projektet, amellyel az EU-MATHS-IN a Destination Earth keretprogram kialakításához járul hozzá tevékenyen.

Miért érdemes járványt modellezni?

OROSZI BEATRIX

¹Epidemiológiai és Surveillance Központ, Semmelweis Egyetem

²Egészségbiztonság Nemzeti Laboratórium

Az emberiség történetében mindig voltak és lesznek fertőző betegségek, amelyek járványokat idéznek elő, gyakran sok halálesetet okozva. A népesség életben maradt hányadánál immunitás alakul ki, erre a járvány visszaszorul, esetleg évekkel később mégis visszatér, amikor a fogékonyak száma újra megszorozódik. Az epidemiológusok célja először a betegség okainak megértése, majd a betegség lefolyásának előrejelzése, végül pedig a betegség elleni védekezés módjainak kidolgozása, beleértve a különböző lehetséges stratégiák összehasonlítását. A felmerülő kérdéseket adatokkal alátámasztva, tények segítségével kell(ene) megválaszolni. Járványok során a beavatkozás időablaka szűk, gyorsan kell cselekedni. A valóságban ilyenkor soha nem áll rendelkezésre elegendő adat a pontos helyzetértékeléshez és tervezéshez. A járványmodellek segíthetnek kombinálni a szűkösen rendelkezésre álló adatot, a fertőző betegségről ismert elméleti tudást és számos előfeltételezést, amiről azt gondoljuk, hogy helyes. Ily módon kvantitatív eredményekhez juthatunk.

A járványmodellezésnek a COVID-19 világjárvány elleni küzdelem során sokkal jelentősebb szerep jutott, mint a megelőző években. Például egész társadalmakra rendelték el lezárásokat a modellezők előrejelzései alapján. Az előadás bemutat néhány kulcsfontosságú járványmodellezési eredményt, amelyek jelentősen hozzájárultak az emberek egészségének védelméhez és a pandémia okozta károk enyhítéséhez. Bemutat néhány olyan modellezési vizsgálatot is, amelynek népegészségügyi hozzáadott értéke nem volt. Példákkal szemlélteti, hogy miért fontos figyelembe venni a kontextust, a társadalmi, gazdasági, kulturális