

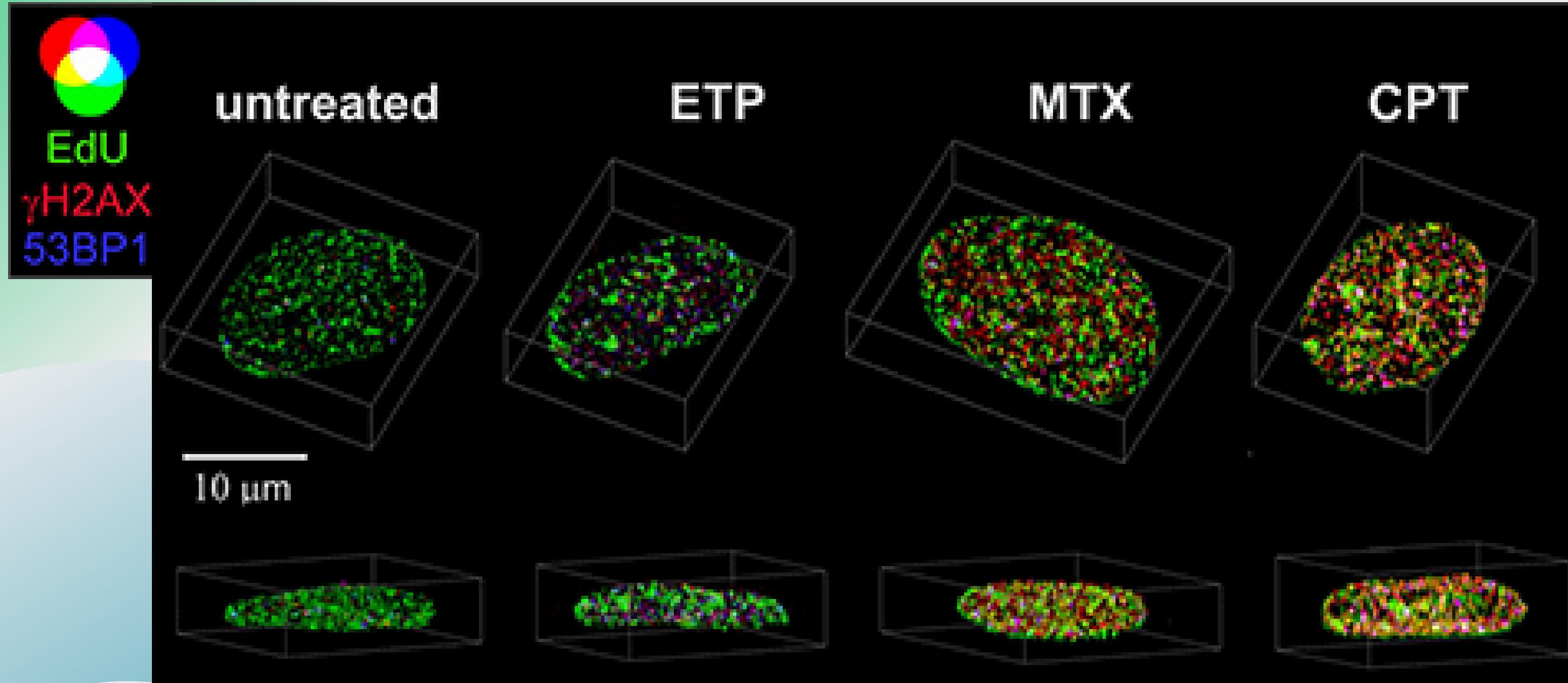


# Аналіз колокалізації у Н2АХ, 53ВР1 та фабрик реплікації в ядрах клітин А549

Аналіз мікроскопічних зображень за допомогою  
алгоритмів на основі машинного навчання

Автор: Дарина Якименко

Проект полягатиме на аналізі даних 3D зображень клітинних ядер, зареєстрованих за допомогою високороздільної конфокальної мікроскопії.



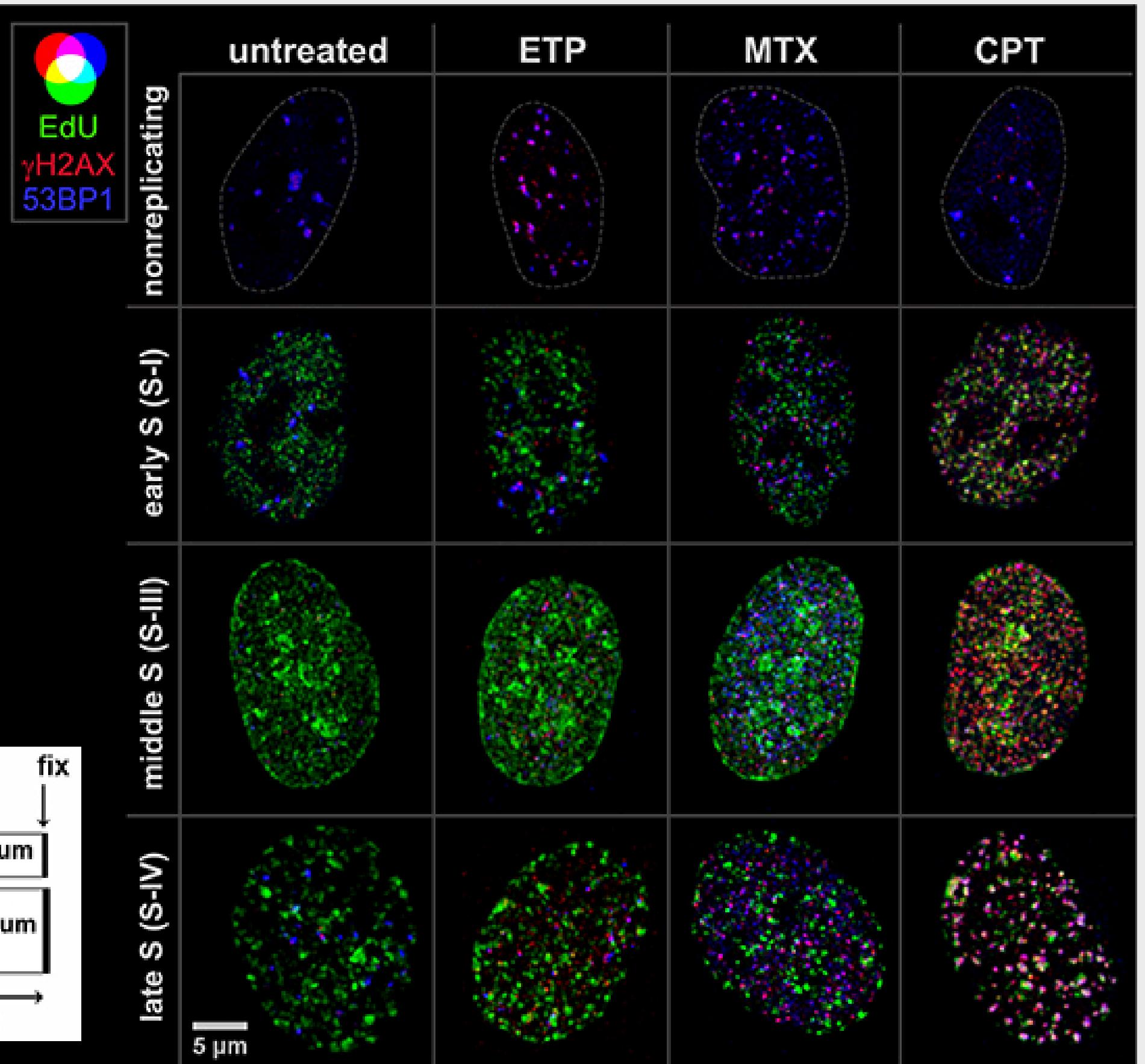
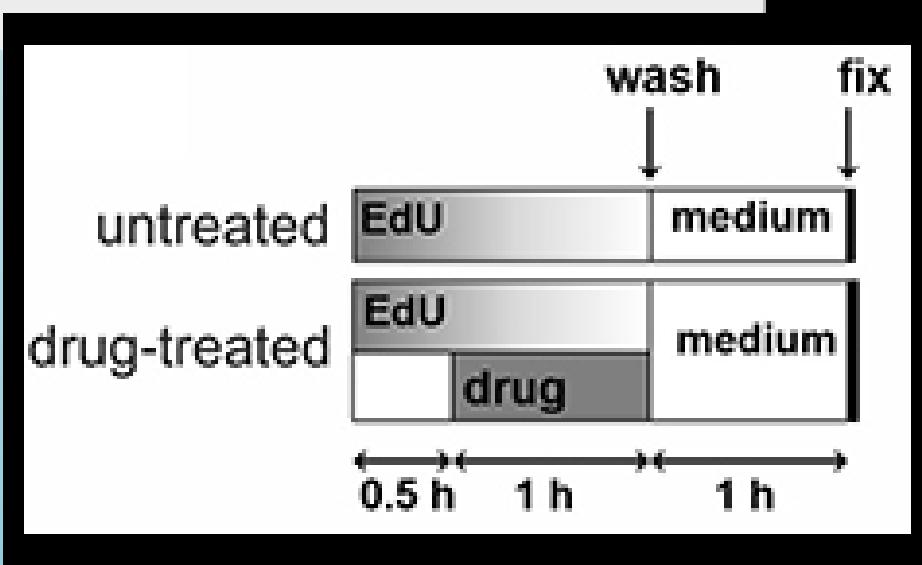
**Дані з праці:** Rybak P. et al. Low level phosphorylation of histone H2AX on serine 139 ( $\gamma$ H2AX) is not associated with DNA double-strand breaks. Oncotarget. 2016; 7: 49574-49587

# Мета проекту:

Дослідження просторових закономірностей колокалізації:

- місць фосфорилювання гістону H2AX & вогнищ напливу репаративного білка 53BP1, викликаних появою дволанцюгових розривів ДНК (DSB, DNA double-strand breaks) в місцях реплікації під дією інгібіторів топоізомераз:
- камптомотецину/CPT,
- мітоксанtronу/MTX
- етопозиду/ETP,

з метою витягнення висновків на тему **кількості спровокованих ними DSB на різних стадіях фаз G/S клітинного циклу**, а також кінетики вищезгаданих процесів.



# План:

I

**Знайомство з даними, методикою і контекстом дослідження**



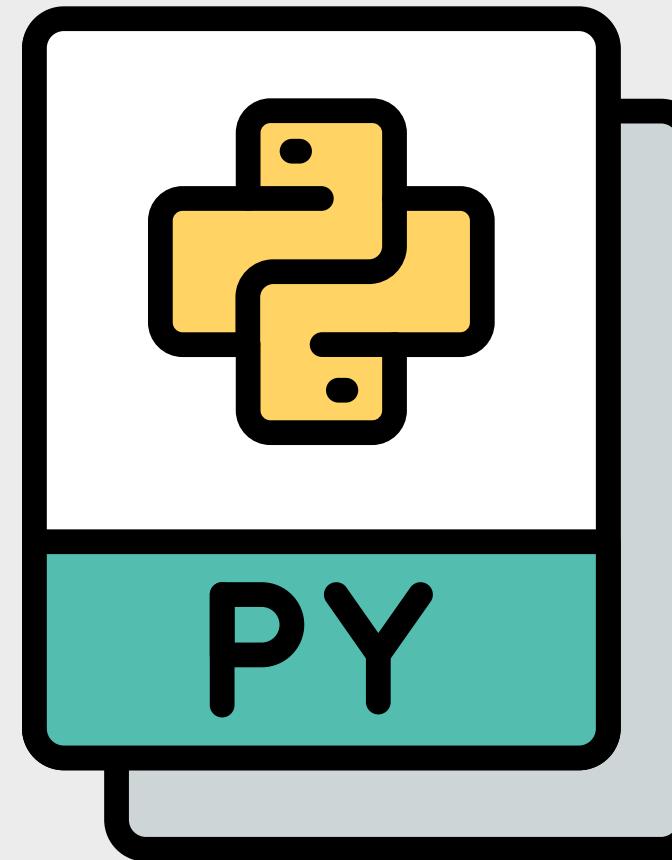
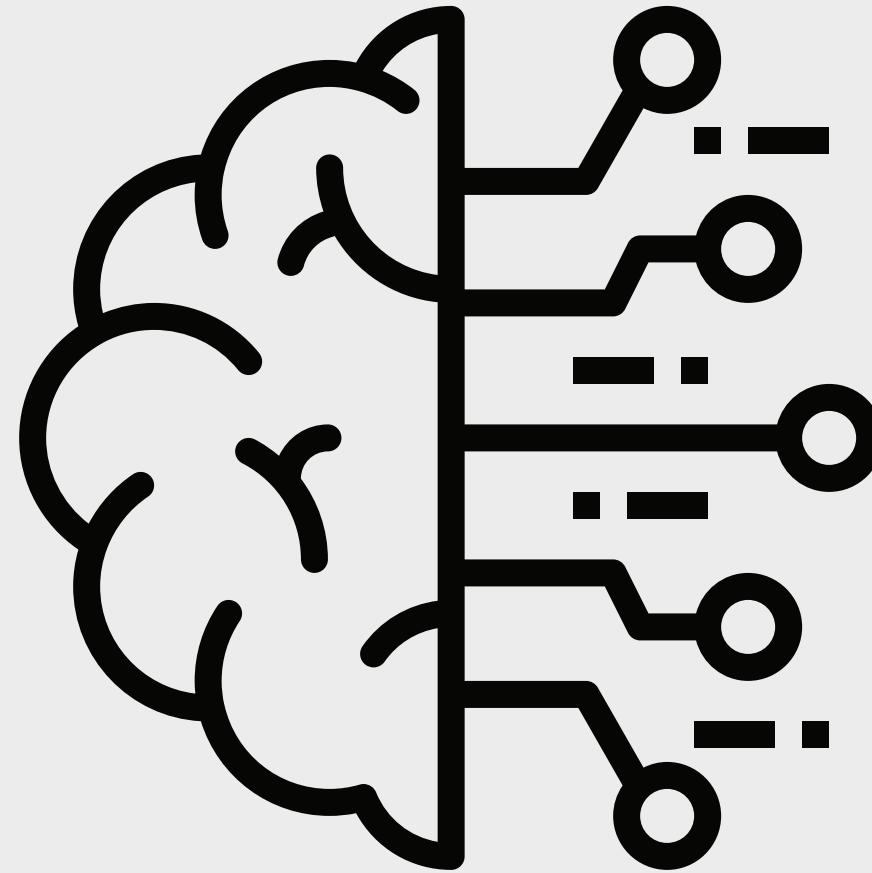
# План:

I

Знайомство з даними, методикою і контекстом дослідження

II

**Вступ до аналізу мікроскопічних зображень в Python і можливостей застосування в ньому вибраних алгоритмів машинного навчання**

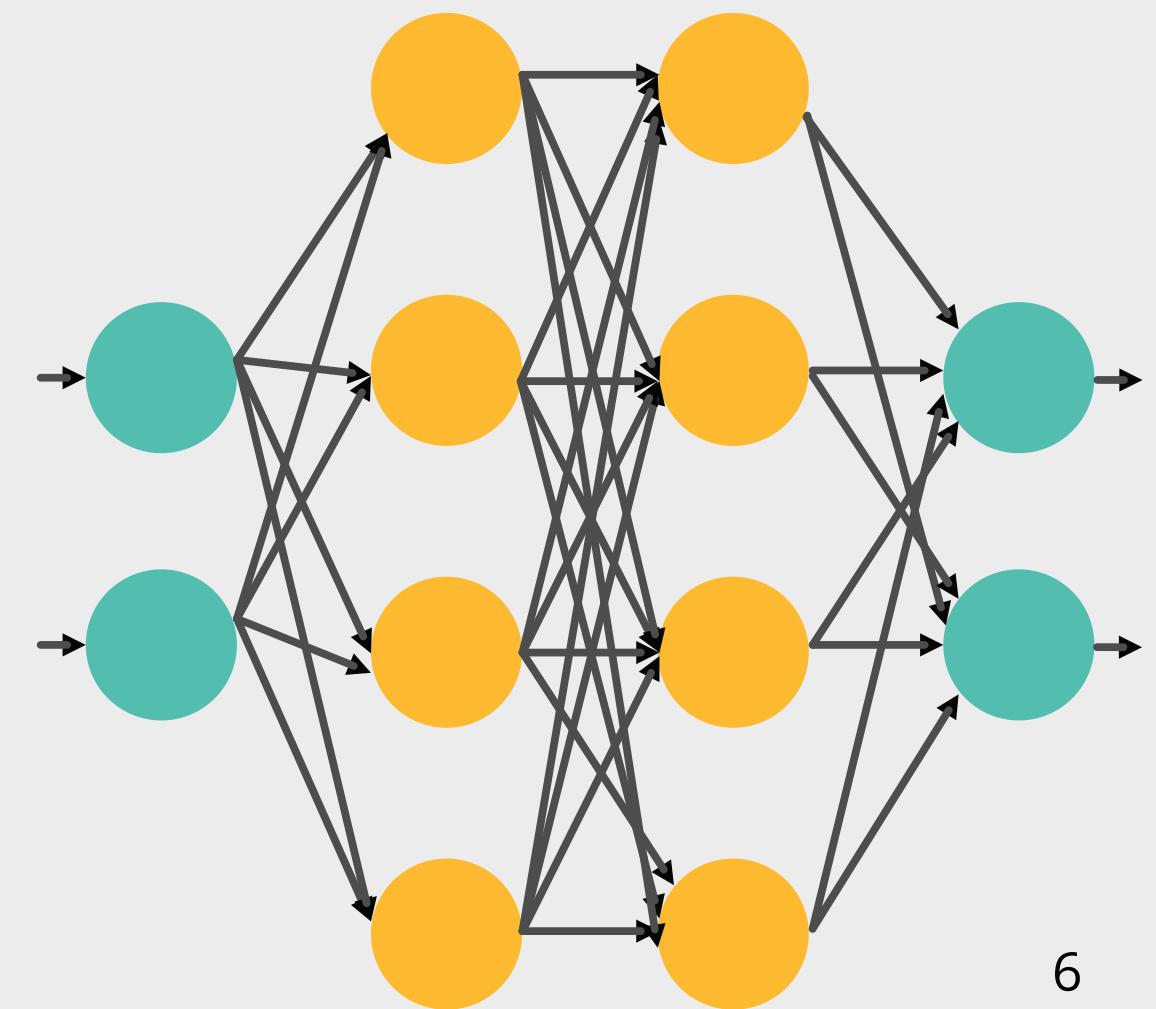


# План:

I Знайомство з даними, методикою і контекстом дослідження

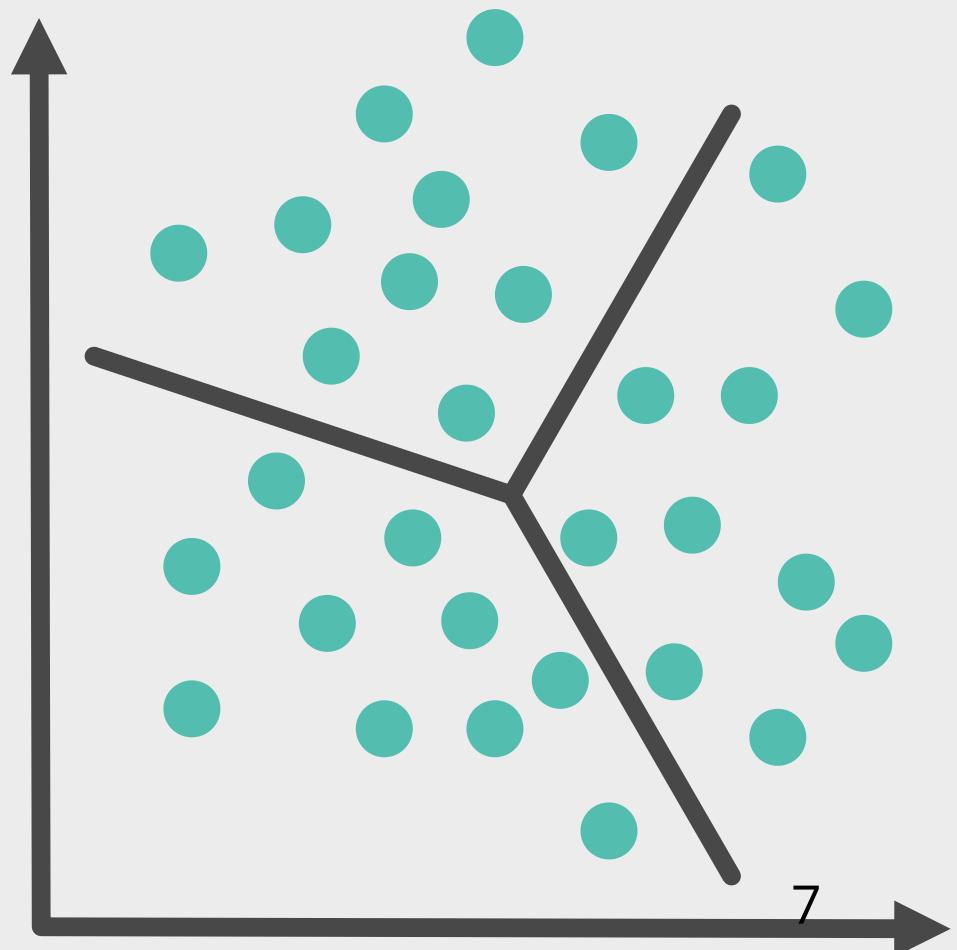
II Вступ до аналізу мікроскопічних зображень в Python і можливостей застосування в ньому вибраних алгоритмів машинного навчання

**Сегментація зображень за допомогою попередньо навченої моделі глибокого навчання з BioImage Model Zoo.  
Ознайомлення з пакетами Zarr, Dask як методами оптималізації часу виконання розрахунків**



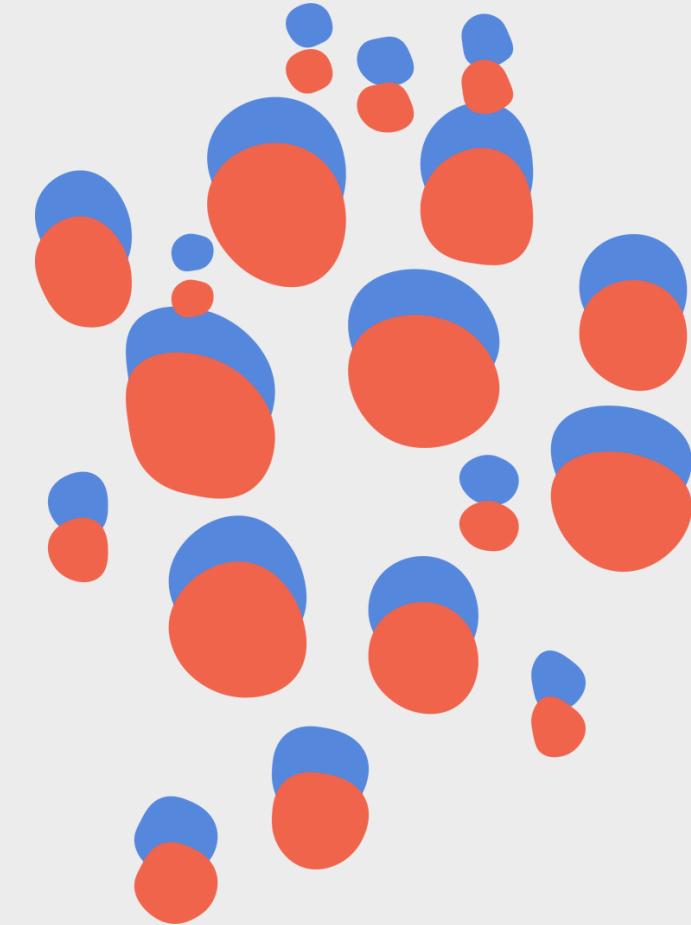
# План:

- I Знайомство з даними, методикою і контекстом дослідження
- II Вступ до аналізу мікроскопічних зображень в Python і можливостей застосування в ньому вибраних алгоритмів машинного навчання
- III Сегментація зображень за допомогою попередньо навченої моделі глибокого навчання з BioImage Model Zoo. Ознайомлення з пакетами Zarr, Dask як методами оптималізації часу виконання розрахунків
- IV **Відокремлення поодиноких вогнищ сигналу з каналів з γН2АХ і 53ВР1 як точкових об'єктів. Поділ вогнищ γН2АХ на класи з огляду на характеристики такі як розмір і інтенсивність емісії флюоресценції вогнища (K-Means, DBSCAN)**



# План:

- I Знайомство з даними, методикою і контекстом дослідження
- II Вступ до аналізу мікроскопічних зображень в Python і можливостей застосування в ньому вибраних алгоритмів машинного навчання
- III Сегментація зображень за допомогою попередньо навченої моделі глибокого навчання з BioImage Model Zoo. Ознайомлення з пакетами Zarr, Dask як методами оптималізації часу виконання розрахунків
- IV Відокремлення поодиноких вогнищ сигналу з каналів з γH2AX і 53BP1 як точкових об'єктів. Поділ вогнищ γH2AX на класи з огляду на характеристики такі як розмір і інтенсивність емісії флюoresценції вогнища (K-Means, DBSCAN)
- V **Квантифікація місць колокалізації сигналу реплікації (EdU-Click), 53BP1 і “яскравого” класу γH2AX в різних біологічних зразках**



# План:

I

Знайомство з даними, методикою і контекстом дослідження

II

Вступ до аналізу мікроскопічних зображень в Python і можливостей застосування в ньому вибраних алгоритмів машинного навчання

III

Сегментація зображень за допомогою попередньо навченої моделі глибокого навчання з BioImage Model Zoo. Ознайомлення з пакетами Zarr, Dask як методами оптималізації часу виконання розрахунків

IV

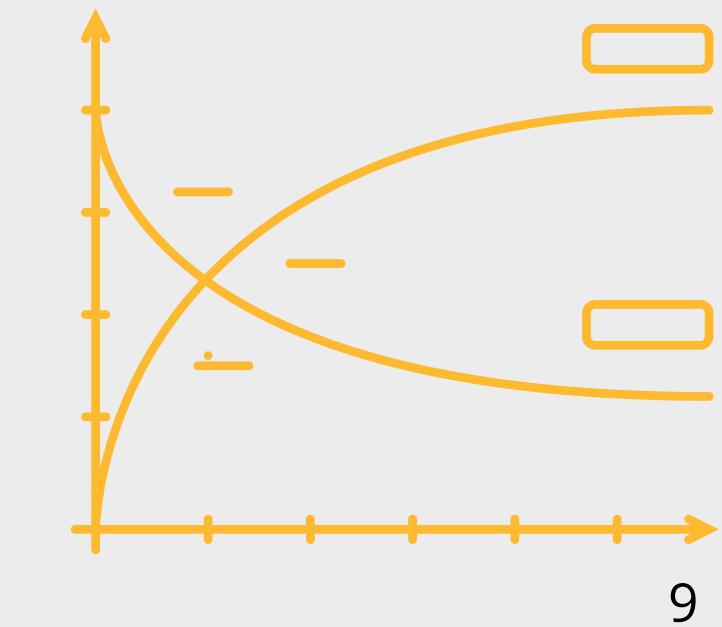
Відокремлення поодиноких вогнищ сигналу з каналів з γH2AX і 53BP1 як точкових об'єктів. Поділ вогнищ γH2AX на класи з огляду на характеристики такі як розмір і інтенсивність емісії флюоресценції вогнища (K-Means, DBSCAN)

V

Квантифікація місць колокалізації сигналу реплікації (EdU-Click), 53BP1 і “яскравого” класу γH2AX в різних біологічних зразках

VI

**Порівняння різниць поміж зразками підданими дії різних ліків, з можливістю витягнення подальших внесків на тему кінетики досліджуваних процесів репарації ДНК**



# Ви навчитеся:

- застосовувати попередньо навчену модель глибокого навчання до даних конфокальної мікроскопії для сегментації об'єктів,
- витягувати ознаки, що описують об'єкти (вогнища флуоресцентного сигналу), та обробляти отримані числові дані в Python,
- аналізувати та візуалізувати результати за допомогою статистичних методів і технік машинного навчання для порівняння розподілу сигналів та дослідження потенційної кластеризації або класифікації на основі метрик, отриманих з зображень.

**Необхідні для участі в проєкті:**

- Python (щонайменше на базовому/середньому рівні);
- Базові знання математики, статистики;
- Уявлення про базові принципи дії алгоритмів машинного навчання.

**Дякую за увагу!**