

IRIS (Integrative and Reference-Informed tissue Segmentation) — это новый метод на основе машинного обучения. Он позволяет исследователям получать более точную информацию о развитии тканей, патологии заболеваний и структуре опухолей.

IRIS анализирует данные пространственной транскриптомики и использует данные секвенирования РНК отдельных клеток в качестве опорной информации. Это позволяет одновременно изучать различные слои ткани с высокой точностью и скоростью.

Традиционные методы анализа тканей усредняют данные, а IRIS предоставляет детализированную картину, выявляя тысячи областей в одном образце. Алгоритмы IRIS сортируют данные, выделяя функциональные области, такие как опухоли, и раскрывают механизмы взаимодействия клеток и развития болезней.