

Ataskaitinė konferencija (2025/2026 II pusmetis)

MIGLĖ GERVYTĖ

2026-10-08

Mokslo kryptis: Informatika

Disertacijos tema: Statistinės galios skaičiavimo metodai erdvinės transkriptomikos duomenų tyrimams (Computational Frameworks for Statistical Power Analysis in Spatial Transcriptomics)

Vadovas: dr. Tadas Žvirblis

Doktorantūros pradžia: 2025

Doktorantūros pabaiga: 2029

Egzaminai ir publikacijos

Studijų metai	Egzaminai	
	Planas	Ivykdyta
I (2025/2026)	2	1*
II (2026/2027)	2	
III (2027/2028)		
IV (2028/2029)		
Iš viso	2	0

*egzaminą planuojama išlaikyti 2027 m. II ketvirtyje

Studijų metai	Dalyvavimas konferencijose				Publikacijos						
	Tarptautinėse		Nacionalinėse		Su citav. rodikliu			Be citav. rodiklio			Publikacijos tipas
	Planas	Ivykdyta	Planas	Ivykdyta	Planas	Ivykdyta	Būklė	Planas	Ivykdyta	Būklė	Su IF / Be IF
I (2025/2026)			1	1			Ruošiama	1	0		
II (2026/2027)	1										
III (2027/2028)								1			
IV (2028/2029)	1				2						
Iš viso								1			

Ataskaitinio pusmečio darbo planas ir jo vykdymas

Egzaminai 2025/2026 (I pusmetis)		
Planas	Įvykdyta	Būklė
2	1	-

Dalyvavimas konferencijose 2025/2026 (II pusmetis)		
Konferencija	Pranešimas	Konferencijos tipas
Lietuvos matematikų draugijos LXVII konferencija, 2026 m. birželio 22 d., Vilnius	Benchmarking of Methods for Detecting Differentially Expressed Genes in scRNA-seq Data. Miglė Gervytė, Audronė Jakaitienė, Tadas Žvirblis	Nacionalinė konferencija

Publikacijos 2025/2026 (I pusmetis)		
Planas	Įvykdyta	Būklė
-	-	-

Informacija apie tarptautinius renginius ir publikacijas

Dalyvavimas tarptautinėse konferencijose	
Aprašas	Įvykdyta
-	-

Publikacijos (tik su citavimo rodikliu)	
Bibliografinis aprašas	Būklė
-	-

Kita veikla

- Kartu su bendraautoriais parengti du pranešimai, kurie buvo pristatyti tarptautinėse konferencijose:
 - Stendinis pranešimas: Gervytė M., Jakaitienė A., Hjerling-Leffler J., Žvirblis T. „Developing Statistical Power Estimation Models for Spatial Transcriptomics“ Conference of the Central European Network of the International Biometric Society (CEN2026), 2026 m. gegužės 18–21 d., Varšuva, Lenkija
 - Žodinis pranešimas: Jakaitienė A., Gervytė M., Hjerling-Leffler J., Žvirblis T. „Statistical power modeling for spatial transcriptomics data“ 33rd International Biometric Conference (IBC2026), 2026 m. liepos 13–16 d., Seulas, Korėjos Respublika
- Pradėta rengti publikacija su citavimo rodikliu

Doktorantūros mokslinių tyrimų ir disertacijos rengimo etapai

Darbo pavadinimas		Atlikimo terminai		Pastabos
1	Mokslinių tyrimų disertacijos tema apžvalga ir analizė (Lietuvoje ir užsienyje):			
1.1.	Disertacijos tyrimo objekto detalizavimas: molekulinės biologijos procesų apžvalga ir vertinimas	2025 m. IV ketvirtis	2026 m. I ketvirtis	Apžvelgti ir vertinti pagrindiniai šizofrenijos genetiniai ir molekuliniai aspektai, erdvinė transkriptomika.
1.2.	Disertacijos tyrimo objekto detalizavimas: matematinių modelių apžvalga ir vertinimas	2026 m. I ketvirtis	2026 m. II ketvirtis	Parengta diferencinės genų ekspresijos analizėms naudojamų metodų apžvalga; Parengta metodų, naudojamų įvertinti ir palyginti erdvinės transkriptomikos kolokalizacijos ir gausumo skirtumus, apžvalga.
1.3.	Fundamentinių informatikos metodų, taikomų disertacijos tyrimo objektui nagrinėti, apžvalga	2026 m. II ketvirtis	2026 m. III ketvirtis	Parengta galios skaičiavimo metodų, naudojamų neerdvinės ir erdvinės transkriptomikos srityse, apžvalga.
1.4.	Tyrimo tikslo ir uždavinių suformulavimas	2026 m. III ketvirtis	2026 m. III ketvirtis	Suformuluotas tyrimo tikslas ir uždaviniai.
2	Mokslinio tyrimo vykdymas:			
2.1.	Tyrimo metodikos sudarymas:	2026 m. IV ketvirtis	2027 m. III ketvirtis	
2.2.	Teorinis tyrimas:	2027 m. I ketvirtis	2027 m. IV ketvirtis	
2.3.	Empirinis tyrimas:	2028 m. I ketvirtis	2028 m. II ketvirtis	
2.4.	Gautų duomenų analizė, apibendrinimas, išvadų parengimas:	2028 m. III ketvirtis	2029 m. I ketvirtis	
3	Atskirų daktaro disertacijos dalių (tyrimo metodikos, rezultatų, ginamų teiginių, išvadų, ir kt.) parengimas:	2026 m. III ketvirtis	2029 m. I ketvirtis	
3.1	Tikslų ir uždavinių suformulavimas	2026 m. III ketvirtis	2026 m. III ketvirtis	Suformuluotas tyrimo tikslas ir uždaviniai
4	Daktaro disertacijos parengimas ir svarstymas padalinyje:	2029 m. I ketvirtis	2029 m. II ketvirtis	
5	Daktaro disertacijos gynimas:	2029 m. III ketvirtis	2029 m. III ketvirtis	

Kito pusmečio planas

- Išlaikyti 2 egzaminai
- Parengta publikacija (su citavimo rodikliu)
- Rengiama disertacijos tyrimo metodologinė dalis
- Pradėtas kurti imties dydžio apskaičiavimo algoritmas

Tyrimo tikslas ir uždaviniai

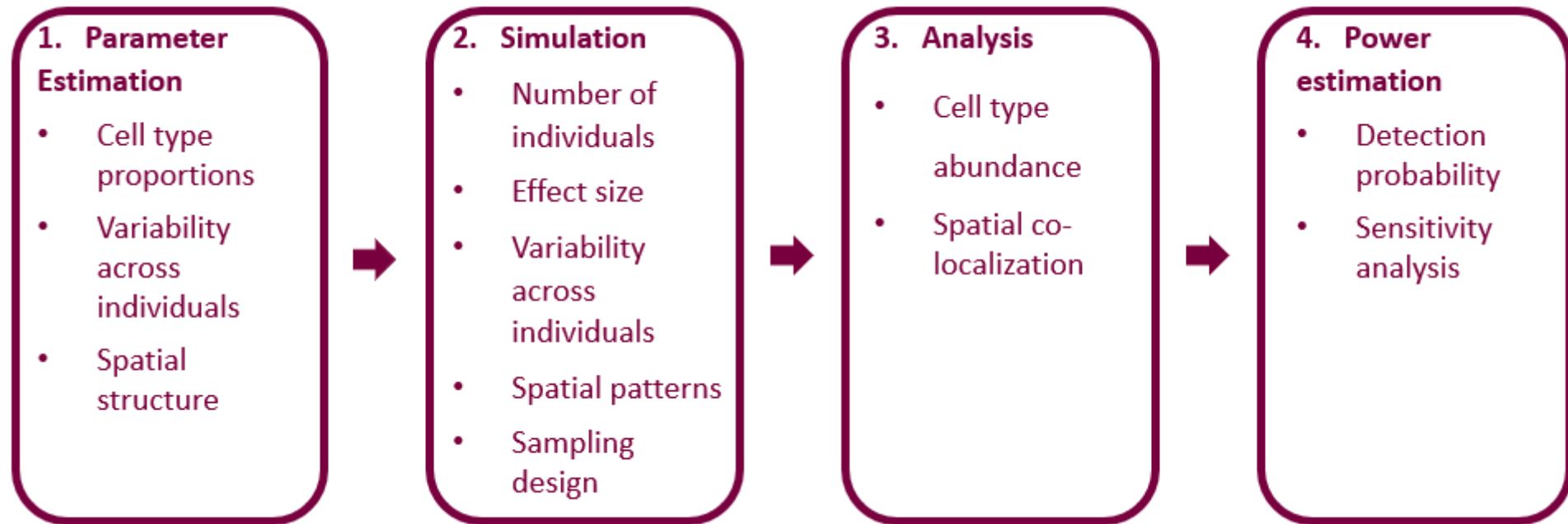
Aim:

To develop computational approaches for evaluating statistical methods and statistical power in transcriptomics, with a focus on spatial transcriptomics.

Objectives:

- To evaluate methods for differential gene expression within a defined data context and characterize their performance.
- To investigate the statistical power of differential expression methods under different sample sizes and experimental designs.
- To assess how experimental and spatial factors influence statistical power in spatial transcriptomics.
- To develop a framework for statistical power analysis in spatial transcriptomics.

Suggested theoretically founded framework for statistical power analysis of cell type abundance and spatial co-localization in spatial transcriptomics



Pirmieji rezultatai (sample size simulation)

- How does increasing the number of patients per group affect DIMPLE's ability to detect the observed co-localization effect?
- Simulation design:
 - Sample sizes: 8 (original), 12, 16, 20 patients per group
 - Bootstrap resampling of patients with replacing
 - Apply DIMPLE to each simulated dataset
 - 100 simulations per sample size scenario
 - Estimated power – proportion of simulations with $p\text{-value} < 0.05$ (Cohen, 1992)

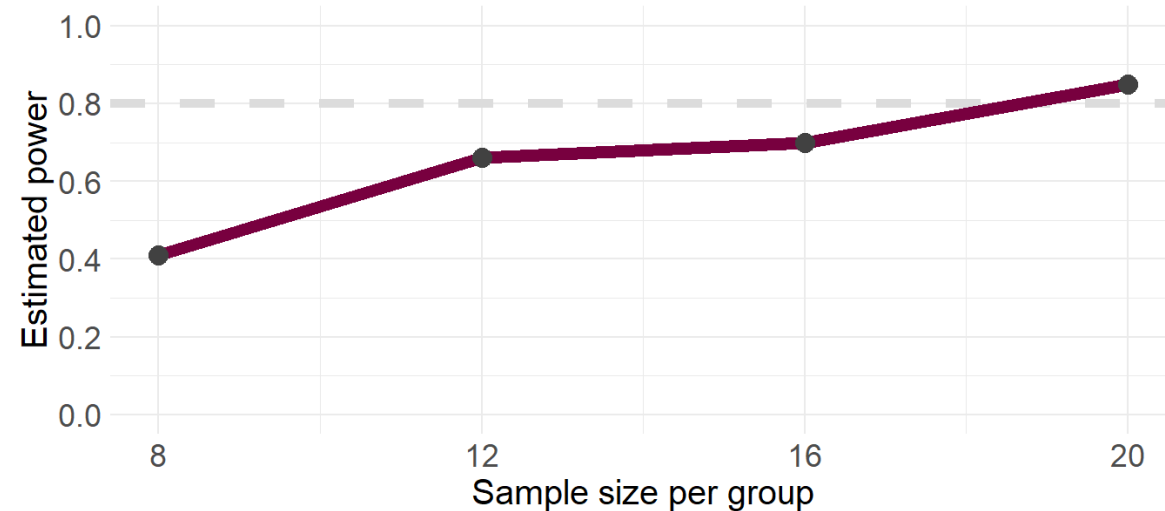


Figure 1. Estimated power by sample size

Pirmieji rezultatai (effect size simulation)

- How does increasing the simulated co-localization effect influence the statistical significance of DIMPLE?
- Simulation design:
 - Increase spatial co-localization by moving astrocyte coordinates toward the nearest excitatory neuron
 - Effect size: 0-0.5
 - Apply DIMPLE to each simulated dataset
 - Compare DIMPLE p-values across different effect sizes

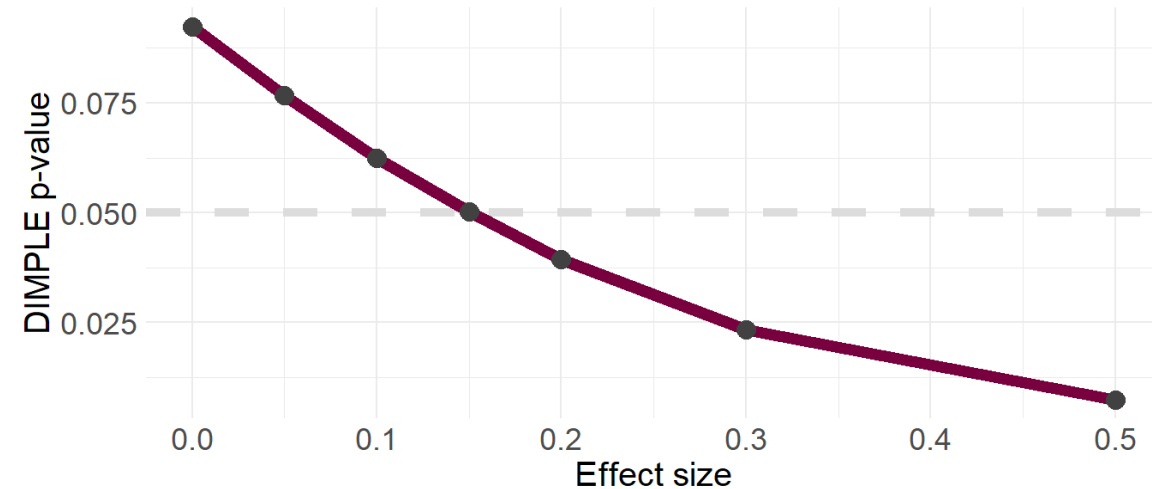


Figure 4. DIMPLE p-values across simulated effect sizes