

СЕГМЕНТАЦИЯ И КЛАССИФИКАЦИЯ БИОЛОГИЧЕСКИХ КЛЕТОК МЕТОДАМИ МАШИННОГО ОБУЧЕНИЯ

Н. П. Жемойтяк¹⁾, О. А. Лаврова²⁾

¹⁾Белорусский государственный университет, Беларусь, Минск,
natalliazhamaitsiak@gmail.com

²⁾Белорусский государственный университет, Беларусь, Минск, *lavrovaoa@bsu.by*

В работе сравниваются два подхода сегментации биологических клеток двух целевых классов на малом наборе данных. Первый подход (сегментация с дообучением) заключается в обучении общей модели для сегментации клеток на общедоступных данных (один общий класс) и последующей корректировке весов сети. Во втором подходе (сегментация с классификацией) используется вышеуказанная общая модель в сочетании с моделью классификации фрагмента изображения с единой клеткой.

Ключевые слова: Компьютерное зрение; классификация; сегментация; сверточные нейронные сети; биологические клетки.

SEGMENTATION AND CLASSIFICATION OF BIOLOGICAL CELLS BY MACHINE LEARNING METHODS

N. P. Zhamaitsiak¹⁾, O. A. Lavrova²⁾

¹⁾Belarussian state university, Belarus, Minsk, *natalliazhamaitsiak@gmail.com*

²⁾Belarussian state university, Belarus, Minsk, *lavrovaoa@bsu.by*

This paper compares two approaches for segmenting biological cells of two target classes on a small dataset. The first approach (segmentation with pre-training) consists of training a general model for cell segmentation on publicly available data (one general class) and then adjusting the weights of networks. The second approach (segmentation with classification) uses the above mentioned general model combined with a single cell image region classification model.

Keywords: Computer vision; image classification; segmentation; convolutional neural networks; biological cells.

Введение

Задача сегментации представляет собой одну из самых распространенных и, в то же время, сложных задач в области компьютерного зрения [1]. Для обучения глубокой нейронной сети требуется огромный набор качественно размеченных изображений. К сожалению, исследователи не всегда располагают ресурсами, достаточными для осуществления качественного сбора корректных данных.

Современная медицина зачастую сталкивается с необходимостью в автоматической обработке изображений биологических образцов, таких как снимки тканей, клеток или органов, полученных с помощью микроскопии или томографии. При этом весьма ощутимым препятствием является отсутствие необходимого количества данных и/или средств для качественной разметки изображений. Следует отметить, что специфика сегментируемых объектов обуславливает необходимость осуществления разметки изображений специалистами в области медицины или под их руководством.

Подход 1: сегментация с дообучением

Рассмотрим задачу, в которой необходимо выделить на изображении клетки двух целевых классов, имея 16 размеченных изображений [2]. Из-за неравномерной плотности клеток на изображениях статистические методы компьютерного зрения не справляются с данной задачей, см, например, результаты исследований в [3], и появляется необходимость в обучении глубокой сверточной нейронной сети, для которой нужно большое количество данных. Например, в открытом доступе находится набор данных для сегментации клеток других классов с 600 изображениями [4].

Классический подход к решению задачи заключается в обучении общей модели для сегментации клеток как единого класса и последующем ее обучении с целевыми данными для разделения клеток на желаемые классы с использованием нескольких итераций. На рис. 1 видно, что два набора данных имеют похожий фон, форму клеток и плотность клеток на изображениях, что позволяет предположить, что их можно объединить для обучения общей модели сегментации клеток. Однако, данный подход не гарантирует переобучение модели на малом наборе данных и может привести к низким показателям точности.

В качестве основы была взята модель YOLO11n-seg [5]. Процесс обучения состоял из 200 итераций для сегментации общего класса клеток и еще 20 дополнительных итераций на целевых данных. В таблице описаны результаты о качестве предсказаний.

Подход 2: сегментация с классификацией

В отсутствие ограничений на оперативную память и время выполнения, к вышеуказанным моделям может быть добавлена нейронная сеть, классифицирующая клетки в отдельности. Таким образом, после сегментации клетки с использованием общей модели из изображения вырезается прямоугольник, описывающий биологическую клетку, который в дальнейшем используется в качестве входного изображения в классифицирующую нейронную сеть. Поскольку каждое изображение размещает клетки

в количестве более десяти, то количество имеющихся данных возрастет, что позволит сделать наиболее общую модель для классификации клеток с меньшей вероятностью возникновения необходимости ее переобучения.

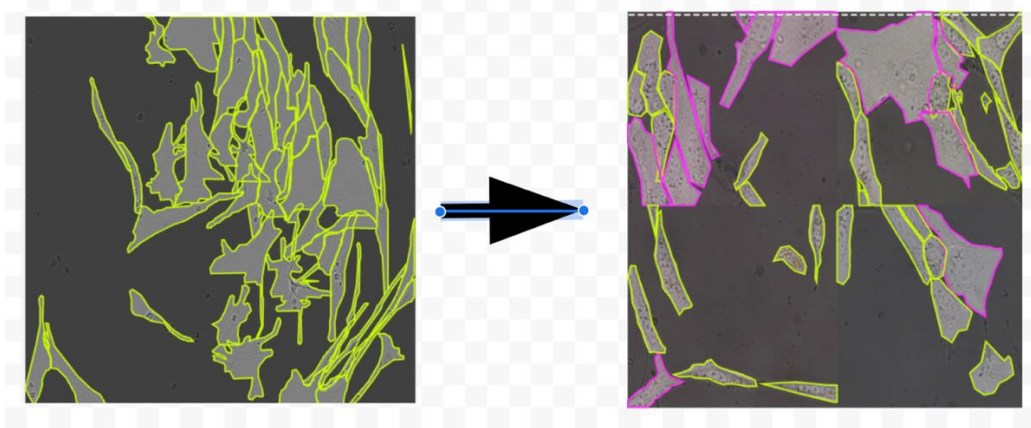


Рис. 1. Обучающие данные для общей модели сегментации (слева) и модели сегментации клеток двух классов (справа)

Процесс выделения описывающего прямоугольника одной клетки состоит в нахождении четырех параметров полигональной границы биологической клетки $x_{\min}$, $x_{\max}$, $y_{\min}$, $y_{\max}$ по формулам:

$$x_{\min} = \min(x_i | x_i \in X), \quad x_{\max} = \max(x_i | x_i \in X), \\ y_{\min} = \min(y_i | y_i \in Y), \quad y_{\max} = \max(y_i | y_i \in Y),$$

где X , Y – это множества x - и y -координат вершин, задающих границы клетки. Указанные четыре параметра используются для задания описывающего прямоугольника. На рис. 2 показан результат разбиения исходного изображения на отдельные изображения с клетками. Таким образом размер набора данных увеличился от 16 изображений до 500.

Для классификации изображений с биологическими клетками была взята модель ResNet50 [6]. Процесс обучения состоял из 150 итераций. Результаты представлены в таблице ниже.

Результаты сравнения двух подходов

Для сравнения подхода 1 и подхода 2 выбраны следующие метрики:

- точность сегментации IoU (Intersection Over Union) – это отношение площади пересечения $Area_of_Overlap$ предсказанного полигона с истинным значением к их объединению $Area_of_Union$:

$$IoU = \frac{Area_of_Overlap}{Area_of_Union};$$

- точность классификации *Accuracy* – это отношение правильных предсказаний *pred_correct* ко всем предсказаниям *pred_total* :

$$Accuracy = \frac{pred_correct}{pred_total}.$$

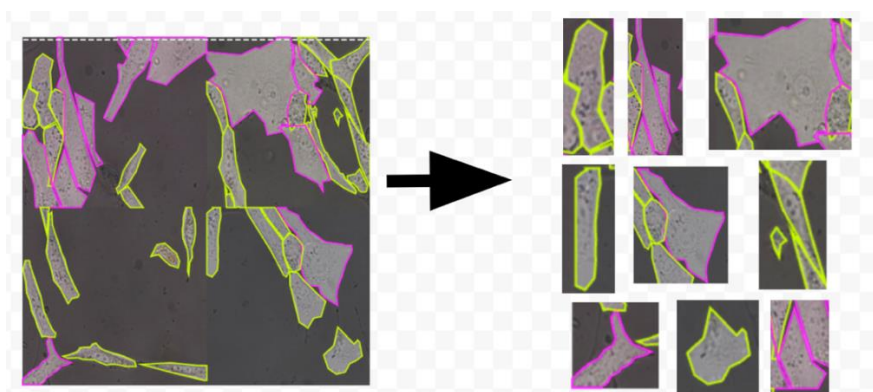


Рис. 2. Процесс построения набора данных для задачи классификации изображений: слева – исходное изображение, справа – изображения с отдельными клетками, полученные на основе исходного изображения.

Результаты в таблице показывают, что по качеству классификации подход 2 демонстрирует лучший результат по точности, но является более затратным по времени из-за использования двух последовательных сверточных нейронных сетей.

Сравнение качества двух подходов

Подход	<i>IoU</i>	<i>Accuracy</i>	Время выполнения предсказания (секунды)
1: сегментация с дообучением	0.70	0.56	0.2
2: сегментация с классификацией	0.71	0.75	0.65

Заключение

В данной работе исследованы два подхода для решения задачи сегментации экземпляра биологической клетки на изображении. Подход 1 использует предобученную нейронную сеть для сегментации клетки как

одного объекта и корректирует веса под целевые классы с помощью дальнейшего обучения на малом наборе данных. В подходе 2 задача сегментации биологических клеток на два класса подразделяется на задачу общей сегментации клетки и задачу классификации каждой клетки в отдельности по методу классификации изображения. Подход 2 способен улучшить качество классификации по сравнению с подходом 1, однако является более затратным по времени вследствие использования двух нейронных сетей, см. таблицу.

Библиографические ссылки

1. What is instance segmentation [Electronic resource]. URL: <https://blog.roboflow.com/instance-segmentation/>. (date of access: 01.03.2025).
2. Goranov V., Siutsou I., Lavrova O., Zhamaitsiak N., Pineiro Y., Rivas J., Romano M., Almasaleekh M. J., Di Bucchianico S., Bergese P., Kostal J. Mathematical prediction of polydopamine-coated spio-nanoparticle biocompatibility using cytotoxic tests in vitro, International Conference on Bioinformatics, Biomedicine, Biotechnology and Computational Biology. 27 – 28 June 2023, Pilsen, Czech Republic. 3p.
3. Жемойтяк Н. П., Лаврова О. А. Обработка изображений с биологическими клетками, Веб-программирование и интернет-технологии (WebConf2024) : материалы 6-й Междунар. науч.-практ. конф., Минск, 15–16 мая 2024 г. / Белорус. гос. ун-т ; редкол.: И. М. Галкин (гл. ред.) [и др.]. Минск : БГУ, 2024. С. 266-270.
4. Sartorius - Cell Instance Segmentation [Electronic resource]. URL: <https://www.kaggle.com/competitions/sartorius-cell-instance-segmentation> (date of access: 14.10.2021).
5. Khanam R, Hussain M. YOLOv11: An Overview of the Key Architectural Enhancements; Huddersfield University. 9p.
6. He K., Zhang X., Ren S., Sun J. Deep Residual Learning for Image Recognition 2015, arXiv: 1512.03385. [Online]. URL: <https://arxiv.org/abs/1512.03385> (date of access: 10.04.2025).