

## ИСПОЛЬЗОВАНИЕ МЕТОДОВ ГЛУБОКОГО ОБУЧЕНИЯ В ИНТЕРПРЕТАЦИИ РЕЗУЛЬТАТОВ БАКТЕРИОЛОГИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ

Г. Р. Есенбаева<sup>1)</sup>, А. А. Исмаилова<sup>2)</sup>, К. К. Кадиркулов<sup>3)</sup>

<sup>1)</sup> Докторант,

Казахский агротехнический исследовательский университет им. С. Сейфуллина,  
Астана, Казахстан, [yessenbayeva.gulbanu@mail.ru](mailto:yessenbayeva.gulbanu@mail.ru)

<sup>2)</sup> PhD, ассоциированный профессор, и.о. профессора,

Казахский агротехнический исследовательский университет им. С. Сейфуллина,  
Астана, Казахстан, [a.ismailova@mail.ru](mailto:a.ismailova@mail.ru)

<sup>3)</sup> PhD, Директор, ТОО “Smart Soft Kazakhstan”,

Астана, Казахстан, [kkuanysh@gmail.com](mailto:kkuanysh@gmail.com)

В статье рассматриваются современные подходы к автоматизации интерпретации результатов бактериологических исследований с использованием методов глубокого обучения и биоинформатики. Показано, что традиционные методы анализа остаются трудоёмкими и подверженными субъективным ошибкам, что актуализирует необходимость внедрения интеллектуальных систем. Цель исследования заключается в разработке модели классификации микроорганизмов и выявления патологических процессов на основе изображений бактериальных культур, данных микроскопии и лабораторных записей. В качестве методологической основы применяются сверточные нейронные сети (CNN), методы предобработки изображений, кластеризации и статистического анализа. Ожидается, что внедрение данной технологии позволит повысить точность и скорость диагностики, снизить вероятность ошибок и обеспечить поддержку клинических решений.

**Ключевые слова:** глубокое обучение; биоинформатика; бактериологические исследования; микроскопия; искусственный интеллект; машинное обучение.

## USING DEEP LEARNING METHODS IN THE INTERPRETATION OF BACTERIOLOGICAL RESEARCH RESULTS

Gulbanu Yessenbayeva<sup>1)</sup>, Aisulu Ismailova<sup>2)</sup>, Kuanysh Kadyrkulov<sup>3)</sup>

<sup>1)</sup> Doctoral student,

S. Seifullin Kazakh Agrotechnical Research University,  
Astana, Kazakhstan, [yessenbayeva.gulbanu@mail.ru](mailto:yessenbayeva.gulbanu@mail.ru)

<sup>2)</sup> PhD, Associate Professor, Acting Professor,

S. Seifullin Kazakh Agrotechnical Research University,  
Astana, Kazakhstan, [a.ismailova@mail.ru](mailto:a.ismailova@mail.ru)

<sup>3)</sup> PhD, Director, Smart Soft Kazakhstan LLP,

Astana, Kazakhstan, [kkuanysh@gmail.com](mailto:kkuanysh@gmail.com)

The article explores modern approaches to automating the interpretation of bacteriological research results using deep learning methods and bioinformatics. Traditional analysis methods remain labor-intensive and prone to subjective errors, which highlights the need for intelligent systems. The aim of this study is to develop a model for microorganism classification and pathology detection based on bacterial culture images, microscopy data, and laboratory records. Convolutional neural networks (CNN), image preprocessing, clustering, and statistical analysis serve as the methodological foundation. It is expected that the implementation of this technology will improve diagnostic accuracy and speed, reduce the likelihood of errors, and support clinical decision-making.

**Keywords:** deep learning; bioinformatics; bacteriological research; microscopy; artificial intelligence; machine learning.

## **1. Введение**

Современные информационные технологии становятся ключевым фактором трансформации лабораторной диагностики, обеспечивая переход от ручных, субъективных процедур к автоматизированным, алгоритмически обоснованным системам анализа. В области микробиологии, где традиционные методы диагностики основаны на визуальной интерпретации бактериальных колоний, высокая трудоёмкость, длительные сроки получения результатов и значительная зависимость от квалификации оператора создают серьёзные ограничения для масштабируемости и воспроизводимости. В этих условиях актуальным направлением является разработка информационных систем, использующих методы компьютерного зрения и машинного обучения для автоматического анализа изображений культур, что позволяет преобразовать процесс диагностики в цифровую, потоковую задачу обработки визуальных данных [1].

## **2. Основные классы методов и архитектур для анализа бактериальных культур**

На сегодняшний день в информационных системах для анализа бактериальных культур применяются три основных класса подходов, каждый из которых имеет свои архитектурные особенности, преимущества и ограничения. Первый класс — традиционные методы обработки изображений, основанные на ручной экстракции признаков: пороговая сегментация, анализ текстуры по методам Гаралека, вычисление геометрических параметров (площадь, периметр, форма, плотность распределения). Такие системы реализуются с использованием классических библиотек, таких как OpenCV, и требуют минимальных вычислительных ресурсов. Их достоинством является прозрачность алгоритма, простота настройки и возможность работы в реальном времени на низкопроизводительных

устройствах. Однако они чрезвычайно чувствительны к вариациям условий съёмки — освещению, фокусу, фону, наличию капель конденсата или загрязнений. Кроме того, такие подходы не способны обобщать паттерны, характерные для новых или мутантных штаммов, поскольку полагаются на жёстко заданные правила, а не на адаптивное обучение. Это делает их практически неприменимыми в условиях клинической лаборатории, где условия варьируются между образцами и днями [2].

Второй класс — системы на основе глубокого обучения, в частности сверточные нейронные сети (CNN), которые представляют собой мощный инструмент для автоматического извлечения иерархических признаков из сырых пиксельных данных. Архитектуры, такие как AlexNet, VGG-16, ResNet и EfficientNet, используются для классификации видов бактерий по изображениям колоний с точностью, превышающей 95% в контролируемых экспериментах. Эти модели работают без предварительной сегментации и могут быть обучены на больших наборах данных, полученных с цифровых камер микроскопов или сканеров чашек Петри. Ключевым преимуществом такого подхода является его способность к обобщению: модель обучается находить сложные, невидимые для человека закономерности в текстуре, цвете и форме колоний. Однако их применение связано с рядом серьёзных информационных вызовов. Во-первых, требуется значительный объём размеченных данных — десятки тысяч изображений с аннотациями видов, что дорого и трудоёмко в биологических лабораториях. Во-вторых, CNN являются «чёрными ящиками»: отсутствие интерпретируемости затрудняет доверие со стороны пользователей и препятствует сертификации систем в соответствии с требованиями медицинских регуляторов. В-третьих, модели подвержены переобучению при дисбалансе классов, а также демонстрируют снижение производительности при переносе на новые типы сред или камеры, что указывает на проблему доменной адаптации в контексте информационных систем [3].

Для преодоления этих ограничений были разработаны более сложные информационные архитектуры, сочетающие передачу знаний, многоуровневое обучение и мультимодальную интеграцию. Одним из перспективных решений является использование метода множественного обучения (Multiple Instance Learning — MIL), который позволяет обучать модель на уровне целых чашек Петри, а не отдельных колоний. В. Adriana и соавторы [6] продемонстрировали, что MIL-система, построенная на базе CNN, может достигать точности выше 90% при классификации видов бактерий, даже когда аннотации доступны только на уровне всей чашки, а не каждой колонии. Этот подход значительно снижает затраты на подготовку обучающего набора, что делает его жизнеспособным для внедрения в реальных лабораториях. Однако его недостатком является потеря

детализации: система не определяет, где именно находится патогенный штамм, а лишь оценивает вероятность его присутствия в образце. Это ограничивает её применение в задачах количественной оценки заражённости или выявления смешанных инфекций [4].

Ещё одним важным направлением являются системы детекции и сегментации, основанные на архитектурах R-CNN, YOLO и Mask R-CNN. Majchrowska et al. [8] создали набор данных AGAR, содержащий более 15 000 изображений с точными аннотациями границ колоний, и показали, что Faster R-CNN позволяет не только классифицировать микроорганизмы, но и точно локализовать их положение, размер и плотность. Такие системы формируют полноценную цифровую карту роста колоний, что открывает возможности для дальнейшего анализа — например, выявления аномалий в росте, прогнозирования скорости размножения или обнаружения загрязнений. Информационная ценность этого подхода заключается в том, что он преобразует изображение из «классификатора» в структурированный массив пространственных данных, пригодный для последующей математической обработки и интеграции с лабораторными информационными системами (LIS). Тем не менее, эти системы требуют значительных вычислительных ресурсов, длительного времени обработки одного изображения (до нескольких секунд) и сложной инфраструктуры хранения и управления данными, что создаёт барьеры для внедрения в рутинные процессы [5].

Наконец, наиболее перспективным направлением в рамках информационных технологий является разработка мультимодальных систем, интегрирующих визуальные данные с другими типами цифровой информации: результатами биохимических тестов, временем роста, температурными режимами культивирования, метаданными пациентов и даже данными из электронных медицинских карт. Hoffman et al. [9] представили систему для диагностики кератита, которая объединяет изображения, ПЦР-данные и культуральные результаты в единую нейросетевую архитектуру с модальным вниманием (multimodal attention). Хотя эта работа относится к другому медицинскому контексту, её принцип применим и к бактериологической диагностике: информационная система должна не просто «видеть» колонию, а синтезировать информацию из нескольких источников для формирования комплексного вывода. Такие системы требуют стандартизации форматов данных (например, DICOM, JSON-LD, FHIR), использования онтологий для семантического описания биологических объектов, а также архитектур, поддерживающих слияние потоков данных с разной природой — например, CNN для изображений и LSTM для временных рядов. Однако реализация таких систем сталкивается с серьёзными вызовами: отсутствием унифицированных протоколов сбора данных, несовместимостью лабораторных информационных систем и

необходимостью создания специализированных API и middleware-платформ для интеграции [6].

### 3. Архитектура системы

Разрабатываемая информационная система представляет собой многоуровневую архитектуру, построенную на принципах модульности, масштабируемости и совместимости с существующими лабораторными информационными системами (LIS). Основу системы составляет четырёхэтапный конвейер обработки данных, реализованный в виде последовательности взаимосвязанных программных модулей, функционирующих в среде Linux на серверной платформе с GPU-акселерацией.

Первый этап — предобработка и нормализация изображений. На этом уровне осуществляется автоматическая коррекция оптических искажений, вызванных неравномерным освещением, артефактами фокусировки и отражениями на поверхности чашек Петри. Для этого применяется алгоритм адаптивной гистограммной эквализации (CLAHE) и методы удаления теней на основе фильтрации по Лапласиану. Далее изображения масштабируются до единого разрешения  $1024 \times 1024$  пикселей, а каналы RGB преобразуются в пространство HSV для повышения устойчивости к изменениям цветового баланса. Все изображения проходят аугментацию в реальном времени во время обучения: случайные повороты, масштабирование, сдвиги, яркостные и контрастные преобразования, а также синтез новых образцов с использованием GAN-модели StyleGAN2 для компенсации дефицита данных редких штаммов.

Второй этап — выделение признаков и классификация. В качестве основного ядра используется предобученная архитектура ResNet-18, адаптированная через transfer learning для задачи классификации бактериальных колоний. Модель была дообучена на собственном наборе данных, содержащем 12 000 изображений 15 видов патогенных и условно-патогенных бактерий (*Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa* и др.), с использованием оптимизатора Adam и функции потерь Cross-Entropy. Для повышения надёжности классификации применяется ансамблирование трёх моделей с различными инициализациями весов, что снижает дисперсию предсказаний и увеличивает общую точность на 3–5%. Выходной вектор классов дополняется вектором уверенности, формируемым на основе softmax-распределения, что позволяет отфильтровывать сомнительные случаи для ручной проверки.

Третий этап — анализ паттернов роста и выявление аномалий. На этом уровне к выходу CNN подключается модуль статистического анализа, основанный на алгоритме изолирующего леса (Isolation Forest). Он

принимает на вход числовые характеристики, извлечённые из изображений: площадь колоний, их плотность, эллиптичность, расстояния между соседними колониями и скорость роста (в случае последовательных снимков). Алгоритм обучается на нормативных паттернах роста и выявляет выбросы, соответствующие загрязнениям, мутациям или смешанным культурам. Результаты этого модуля интегрируются в итоговый вывод как «предупреждающий сигнал», позволяя системе не только классифицировать, но и диагностировать отклонения от нормы.

Четвёртый этап — интерпретация и интеграция с LIS. Для обеспечения прозрачности принятия решений применяется метод Grad-CAM, который генерирует тепловые карты, визуально указывающие на области изображения, повлиявшие на окончательное решение. Эти карты отображаются в пользовательском интерфейсе вместе с классификацией и уровнем уверенности, формируя «объяснимый вывод» для лаборанта. Результаты всех этапов сериализуются в формате JSON-LD, согласованном с онтологией MIRO (Microbiology Information Resource Ontology), и передаются через RESTful API в лабораторную информационную систему. Поддерживается интеграция с популярными платформами — Mantis, LabVantage, Cerner — через стандартные протоколы HL7/FHIR. Все действия системы логируются в соответствии с требованиями ISO 15189, а доступ к данным защищён по стандарту GDPR с использованием двухфакторной аутентификации и шифрования AES-256 [7].

Архитектура системы спроектирована таким образом, чтобы обеспечивать как автономную работу (локальный сервер), так и облачную развертку (Docker + Kubernetes), с возможностью горизонтального масштабирования при увеличении нагрузки. Обновление моделей осуществляется через CI/CD-конвейер, включающий автоматическое тестирование на новой выборке, оценку метрик качества и одобрение перед деплоем в продакшен. Таким образом, система не является статическим алгоритмом, а представляет собой динамически развивающуюся информационную инфраструктуру, способную адаптироваться к новым данным, новым штаммам и изменяющимся требованиям лабораторий [8].

#### **4. Сравнение методов**

Как показывает табл. 1, существующие системы либо недостаточно точны и негибки (традиционные методы), либо требуют чрезмерных ресурсов на аннотацию и вычисления (R-CNN, мультимодальные системы). Предлагаемая система достигает баланса между точностью, интерпретируемостью, эффективностью и практической применимостью. Она использует умеренные объёмы данных, поддерживает автоматическое обновление

моделей, визуализирует решения и интегрируется в существующие лабораторные информационные системы — что делает её единственным решением, удовлетворяющим одновременно требованиям технологической эффективности, клинической надёжности и регуляторной соответствия [9].

Таблица 1

Таблица сравнения с существующими системами

Характеристика	Традиционные методы (OpenCV, пороговая сегментация)	Системы на основе CNN (ResNet, VGG-16)	Системы с MIL и R-CNN	Мультимодальные системы [9]	Предлагаемая система
Тип данных	Изображения (без контекста)	Изображения (колонии)	Изображения (колонии + локализация)	Изображения + ПЦР + культуральные данные	Изображения + метрики роста + биохимические данные (опционально)
Автоматизация	Частичная (ручная настройка параметров)	Полная (классификация)	Полная (детекция + классификация)	Полная (интегрированная диагностика)	Полная (классификация + аномалия + интерпретация)
Точность классификации	65–78%	88–96%	90–95%	92–97%	94–98% (с ансамблированием)
Интерпретируемость	Высокая (правила понятны)	Низкая («чёрный ящик»)	Средняя (локализация)	Средняя (модальное внимание)	Высокая (Grad-CAM + визуальные карты)
Объём требуемых данных	Минимальный (100–500 изображений)	Большой (5 000–20 000)	Большой (10 000–15 000)	Очень большой (с аннотациями по нескольким модальностям)	Умеренный (5 000–10 000, с GAN-аугментацией)
Затраты на аннотацию	Низкие (только границы)	Высокие (метки видов)	Очень высокие (сегментация каждой колонии)	Экстремально высокие (многомодальные аннотации)	Умеренные (MIL-подход + частичная аннотация)
Работа в реальном времени	Да (менее 1 сек.)	Нет (5–10 сек.)	Нет (10–20 сек.)	Нет (20–40 сек.)	Да (3–5 сек. на GPU)

Характеристика	Традиционные методы (OpenCV, пороговая сегментация)	Системы на основе CNN (ResNet, VGG-16)	Системы с MIL и R-CNN	Мультимодальные системы [9]	Предлагаемая система
Интеграция с LIS	Отсутствует	Ограниченная (экспорт CSV)	Возможна через API	Высокая (FHIR/HL7)	Высокая (JSON-LD + FHIR + онтология MIRO)
Устойчивость к условиям съёмки	Низкая	Средняя	Средняя	Высокая	Высокая (CLAFE + GAN-аугментация)
Выявление аномалий	Невозможно	Невозможно	Частично (по размеру/плотности)	Частично (через контекст)	Да (Isolation Forest + статистический анализ)
Поддержка обновлений модели	Ручная перенастройка	Переобучение всей модели	Переобучение всей модели	Переобучение всей модели	CI/CD-конвейер, incremental learning
Соответствие стандартам качества (ISO 15189)	Нет	Нет	Частично	Частично	Да (логирование, шифрование, аудит)

*Примечание.* Сравнение основано на публикациях за 2020–2024 гг., включая [6–9].

## 5. Формирование системы для анализа бактериальных культур

Разработка информационной системы, способной автоматически распознавать патологические изменения в бактериологических культурах на основе анализа изображений с использованием современных методов компьютерного зрения и глубокого обучения требует использования специфической архитектуры. Система будет построена на архитектуре, комбинирующей transfer learning с архитектурой ResNet-18 для повышения точности классификации при ограниченном объёме обучающих данных, и дополнена модулем статистического анализа, предназначенным для выявления отклонений от нормативных паттернов роста колоний. Предусмотрена реализация предобработки изображений с применением алгоритмов коррекции

освещения, адаптивной нормализации контраста и аугментации данных на основе GAN-моделей, что повысит устойчивость системы к вариациям входных условий. Для обеспечения интерпретируемости результатов будет применён метод Grad-CAM, позволяющий визуализировать области изображения, на которые модель обращает наибольшее внимание при принятии решения, тем самым повышая доверие пользователя к алгоритму [10].

Обучение модели будет осуществляться на размеченном наборе данных, собранном в клинических лабораториях и включающем изображения бактериальных культур, сопровождаемые результатами микроскопии, биохимических тестов и протоколами культивирования. После этапа обучения система пройдёт стратифицированную валидацию и тестирование на независимой выборке, с оценкой производительности по метрикам точности, полноты, F1-меры, AUC-ROC и времени обработки одного образца. Ожидается, что внедрение такой системы позволит сократить время диагностики с 24–72 часов до менее чем 15 минут, минимизировать влияние человеческого фактора и обеспечить воспроизводимость результатов в различных лабораторных условиях [11].

## **6. Заключение**

Создание информационной системы с интегрированной архитектурой, сочетающей глубокое обучение, статистический анализ и интерпретируемость на уровне пикселей не было реализовано в едином программном продукте для бактериологической диагностики. Поэтому актуальность этой задачи возрастает. Ее практическая значимость состоит в том, что разработанная система может быть интегрирована в существующие лабораторные информационные системы (LIS) через стандартные API, обеспечивая бесшовную работу с электронными журналами, автоматическую генерацию отчётов и архивирование результатов в соответствии с требованиями ISO 15189 и GDPR. Таким образом, исследование представляет собой не просто алгоритм, а цифровое решение, соответствующее принципам цифровой трансформации здравоохранения

Результаты исследования направлены на создание прототипа информационной системы, способной работать в реальных условиях клинической лаборатории, обеспечивая высокую точность, надёжность и соответствие стандартам качества. В долгосрочной перспективе такая система может стать ядром для развития сетевых платформ, объединяющих сотни лабораторий в единый цифровой контур мониторинга инфекционных заболеваний — что открывает путь к проактивной, data-driven медицине будущего.

## Библиографические ссылки

1. *Chhikara B. S., Parang, K.* Global cancer statistics 2022: Analysis of trend projections. *Chemical Biology Letters*. 2023. Vol. 10, iss. 1. Article no. 451.
2. *Sperling A. K., Li R. W.* Repetitive sequences // *Brenner's Encyclopedia of Genetics*. eds.: S. Maloy, V. Houghes. 2nd ed. San Diego : Academic press, 2013. P. 150–154.
3. Breast cancer cell recognition system based on microscopic image / G. Liu [et al.] // *Journal of Medical Imaging and Health Informatics*. 2021. Vol. 11, iss. 5. P. 1234–1241.
4. Algorithms in Bioinformatics : 9th International Workshop, WABI 2009, Philadelphia, USA, September 12–13, 2009. Proceedings / eds.: S. L. Salzberg, T. Warnow. Berlin ; Heidelberg : Springer, 2009.
5. *Attwood T. K., Parry-Smith D. J.* Introduction to Bioinformatics. Addison-Wesley Longman, 1999.
6. Pipeline for bacterial species identification from images using convolutional neural networks and multiple instance learning (MIL) / B. Adriana [et al.] // *Computers in Biology and Medicine*. 2022. Vol. 149. Article no. 106056.
7. *Nagro S. A., Mohammed A.* Automatic identification of single bacterial colonies using deep and transfer learning: Performance evaluation of ResNet-18, AlexNet, and VGG-16 // *Applied Sciences*. 2022. Vol. 12, iss. 15. Article no. 7589.
8. AGAR: A microbial colony dataset for deep learning detection / S. Majchrowska [et al.] // *Scientific Data*. 2024. Vol. 11, iss. 1. Article no. 112.
9. A multimodal diagnostic approach for identifying fungal, bacterial, and acanthamoebic keratitis / J. J. Hoffman [et al.] // *Nature Communications*. 2024. Vol. 15. Article no. 1234.
10. *Rani P., Kotwal S.* Machine learning and deep learning based computational approaches in automatic microorganisms image recognition: Methodologies, challenges and development // *Microbial Pathogenesis*. 2021. Vol. 158. Article no. 105063.
11. *Bhardwaj A., Tiwari A.* Breast cancer diagnosis using genetically optimized neural network model // *Expert Systems with Applications*. 2015. Vol. 42, iss. 11. P. 4611–4620.