

Классификация наиболее распространенных условно-патогенных микроорганизмов на СЭМ-изображениях с использованием нейросетевой модели YOLO

В.Н. Гридин

Центр информационных технологий
в проектировании РАН
Одинцово, Россия
info@ditc.ras.ru

И.А. Новиков

Центр информационных технологий
в проектировании РАН
Одинцово, Россия
i.novikov@niigb.ru

Б.Р. Салем

Центр информационных технологий
в проектировании РАН
Одинцово, Россия
isub97@gmail.com

В.И. Солодовников

Центр информационных технологий
в проектировании РАН
Одинцово, Россия
vovka_online@mail.ru

Аннотация — Актуальной и крайне востребованной проблемой современной медицины во многих ее сферах является своевременное обнаружение и распознавание патогенных микроорганизмов и микробных сообществ в тканях пациента для скорейшего назначения правильной из взаимноисключающих тактик применения медикаментов. Переход на новый уровень по скорости визуализации содержимого взятых проб и точности диагностики возможен благодаря применению лантаноидного контрастирования в сочетании со сканирующей электронной микроскопией для получения серий снимков высокого пространственного разрешения с последующим автоматическим выделением и классификацией микробиологических объектов. В данной работе представлены результаты применения нейросетевой модели YOLOv5 для обнаружения 15 различных наиболее распространенных условно-патогенных классов бактерий на 380 изображениях. В итоге удалось достичь 71,5% средней точности и 69,8% полноты при использовании базовой модели YOLOv5 без заморозки слоев.

Ключевые слова — обнаружение объектов, классификация, машинное обучение, нейронная сеть, компьютерное зрение.

1. ВВЕДЕНИЕ

Неоднократно предпринимались попытки использования методов машинного обучения, в частности нейросетевого подхода, для классификации бактерий на изображениях, полученных посредством сканирующей электронной микроскопии СЭМ [1,2]. Их ключевым недостатком являлось рассмотрение изображений только чистых эталонных монокультур, тогда как в повседневной врачебной практике в основном встречаются совокупности различных микроорганизмов. Более того, одноклеточные микроорганизмы при стандартизированной технике подготовки препарата поверхностными силами натяжения слипаются в похожие кластеры, что делает невозможной диагностику смесей, клинических образцов, а так же образцов, приготовленных при отличающихся условиях и/или на других средах. В свою очередь, использованная в работе пробоподготовка методом лантаноидного контрастирования существенно увеличивает информативность визуальных данных за

счет приобретения индивидуальных черт схожими микроорганизмами, у каждого из которых появляется характерный паттерн контрастирования. Данная особенность делает возможным обнаружение и распознавание патогенных микроорганизмов в исследуемом биоматериале. Однако нерешенной остается проблема объективизации получаемого результата, что связано с необходимостью автоматизации обработки получаемых изображений, обнаружением и распознаванием различных видов микроорганизмов в режиме реального времени, представлением результата в доступной для интерпретации форме. В текущей работе в качестве инструментария рассмотрено применение одной из современных и наиболее популярных нейросетевых моделей для решения задач обнаружения объектов на изображениях YOLOv5 [3], которая основана на модели YOLOv3 [4] с добавлением метода мозаичной аугментации [5] и auto learning bounding box anchors[6].

2. ИСХОДНЫЕ ДАННЫЕ

Исходный набор включал 380 изображений с 15 различными наиболее распространенными условно-патогенными классами бактерий. Ранее предложенный метод полуавтоматической разметки исходных изображений [7] позволил значительно ускорить процесс подготовки данных для обучения. Полученный набор размеченных изображений был поделен на тренировочную и валидационную выборки в пропорциях 75/25. Точные значения разбиения каждого из классов представлены в таблице 1.

Таблица 1. РАЗБИЕНИЕ ИСХОДНЫХ ДАННЫХ НА ТРЕНИРОВОЧНУЮ И ВАЛИДАЦИОННЫЕ ВЫБОРКИ

Род бактерий	Количество изображений в тренировочной выборке	Количество изображений в валидационной выборке
Achromobacter xylosoxidans	14	5
Acinetobacter baumannii	15	6
Bacillus cereus	4	2
Burkholderia cepacia	17	5
Corynebacterium diphtheriae	4	1
Escherichia coli	39	10
Klebsiella pneumoniae	20	4

Род бактерий	Количество изображений в тренировочной выборке	Количество изображений в валидационной выборке
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	40	10
<i>Rothia mucilaginosa</i>	10	4
<i>Salmonella enterica</i>	29	7
<i>Serratia marcescens</i>	17	5
<i>Shigella sonnei</i>	34	8
<i>Staphylococcus aureus</i>	16	4
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	23	4
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	19	4

На каждом изображении был представлен один класс бактерий с различным числом их представителей – от единичных экземпляров до нескольких сотен, что позволило эффективно использовать малое количество изображений с представителями классов за счёт высокой концентрации бактерий на одном изображении. Примерно 40% изображений были размечены с использованием сценария полуавтоматической разметки изображений [7].

3. РЕЗУЛЬТАТЫ

Результатом применения модели YOLOv5 являются выделенные бактерии на изображениях с обозначением выделенного класса, в таблице 2 представлены метрики для каждого класса бактерий.

Таблица II. МЕТРИКИ ТОЧНОСТИ И ПОЛНОТЫ ДЛЯ КАЖДОГО КЛАССА БАКТЕРИЙ

Род бактерий	Точность	Полнота
<i>Achromobacter xylosoxidans</i>	0,58	0,62
<i>Acinetobacter baumannii</i>	0,60	0,69
<i>Bacillus cereus</i>	0,93	0,44
<i>Burkholderia cepacia</i>	0,78	0,36
<i>Corynebacterium diphtheriae</i>	0,86	0,93
<i>Escherichia coli</i>	0,61	0,54
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0,68	0,90
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	0,77	0,73
<i>Rothia mucilaginosa</i>	0,85	0,62
<i>Salmonella enterica</i>	0,76	0,58
<i>Serratia marcescens</i>	0,68	0,65
<i>Shigella sonnei</i>	0,61	0,8
<i>Staphylococcus aureus</i>	0,91	0,95
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	0,94	0,97
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	0,66	0,59
Усредненные метрики по классам , где тренировочных изображений > 10	0,715	0,698

Из представленных в таблице 2 классов можно выделить бактерии: *Bacillus cereus*, *Corynebacterium diphtheriae*, *Rothia mucilaginosa* как слабо репрезентативные классы из-за малого количества экземпляров в исходных данных соответствующих родов бактерий. Каждый из вышеуказанных классов имел меньше 10 изображений, по этой причине не был включен в финальный подсчёт общих метрик точности и полноты по всем классам. Модель YOLOv5 продемонстрировала показатели точности – 71,5% и

полноты 69,8%. Предположительно существует возможность улучшения показателей отдельных классов за счёт дополнительных процедур предобработки данных, а также при дальнейшем пополнении объема выборки изображений микроорганизмов с применением лантаноидного контрастного агента.

4. ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Апробация нейросетевой модели обнаружения объектов YOLOv5 для решения задачи классификации бактерий подтвердила допустимость применения комплексных архитектур компьютерного зрения в задачах обработки изображений, полученных со сканирующего электронного микроскопа с пробоподготовкой методом лантаноидного контрастирования, достигнув значений точности и полноты 71,5% и 69,8% соответственно. Полученные результаты позволяют создать фундамент для дальнейших исследований в направлении обработки СЭМ-изображений микробиологических объектов и могут быть использованы для создания принципиально нового масштабируемого программно-аппаратного комплекса экспресс-диагностики патогенных микроорганизмов для применения в различных сферах медицинской практики. В рамках текущего применения модели YOLOv5 для решения задачи классификации на имеющихся исходных данных планируется провести дополнительные исследования влияния настройки гиперпараметров модели, возможностей дополнительной предварительной обработки изображений, заморозки некоторых слоев архитектуры на качество работы стандартной модели обнаружения объектов.

БЛАГОДАРНОСТИ

Работа выполняется в рамках темы № FFSM-2019-0001.

ЛИТЕРАТУРА

- [1] Wahid, M.F. Deep convolutional neural network for microscopic bacteria image classification / M.F. Wahid, M.J. Hasan, M.S. Alom // 5th International Conference on Advances in Electrical Engineering. – 2019. – P. 866.
- [2] Kotwal, S. Automated Bacterial Classifications Using Machine Learning Based Computational Techniques: Architectures, Challenges and Open Research Issues / S. Kotwal, P. Rani, T. Arif, J. Manhas, S. Sharma // Archives of Computational Methods in Engineering. – 2022. – Vol. 29(4). – P. 2469-2490.
- [3] Андриянов, Н.А. Обнаружение объектов на изображении: от критериев Байеса и Неймана–Пирсона к детекторам на базе нейронных сетей EfficientDet / Н.А. Андриянов, В.Е. Деметьев, А.Г. Ташлинский // Компьютерная оптика. – 2022. – Т. 46, № 1. – С. 139-159.
- [4] Redmon, J. YOLOv3: An Incremental Improvement / J.Redmon, A. Farhadi // arXiv [abs/1804.02767], 2018.
- [5] Hao, W. Improved Mosaic: Algorithms for more Complex Images / W. Hao, S. Zhili // Journal of Physics: Conference Series. – 2020. – Vol.1684(1). – P. 012094.
- [6] Ma, T. Object Detection with Auto-Learning Anchor Algorithm / T. Ma, W. Tian, Y. Xie // 4th International Conference on Advances in Image Processing. – 2020. – P.27–34.
- [7] Salem, B.R. Semi-automatic one-class image labeling using a neural network object detection model / B. R. Salem, V. I. Solodovnikov, I. A. Novikov, V. N. Gridin // 8th International Conference on Information Technology and Nanotechnology, ITNT. – 2022. – P. 1–5.