

СЕГМЕНТАЦИЯ И ТИПИРОВАНИЕ ТУЧНЫХ КЛЕТОК В ДАННЫХ ГИСТОЛОГИИ МЕТОДАМИ ГЛУБОКОГО ОБУЧЕНИЯ

Каримов А.Ф.¹, Власова А.^{1,2}, Манбатчурина Р.Р.¹, Мишин А.Р.¹,
Симонова К.А.¹, Храмцова Ю.С.^{1,2}, Ушенин К.С.^{1,2*}

¹) Уральский федеральный университет имени первого Президента России Б.Н. Ельцина, г. Екатеринбург, Россия

²) Институт иммунологии и физиологии УрО РАН, г. Екатеринбург, Россия

*E-mail: konstantin.ushenin@urfu.ru

SEGMENTATION AND CLASSIFICATION OF MAST CELLS AT HISTOLOGICAL IMAGES USING DEEP LEARNING

Karimov A.F.^{1*}, Vlasova A.^{1,2}, Manbatchurina R.R.¹, Mishin A.R.¹,
Simonova K.A.¹, Khramtsova Y.S.^{1,2}, Ushenin K.S.^{1,2}

¹) Ural Federal University, Yekaterinburg, Russia

²) Institute of Immunology and Physiology, Yekaterinburg, Russia

In this work, we propose a method for automatic segmentation of mast cells on histological images. The method includes a segmentation step and a classification step. The first step is performed by a neural network with UNet architecture, and the second step is performed by the convolutional neural network. Quality of classification reaches 0.68 at the validation dataset in the categorical accuracy metric.

Анализ тучных клеток на гистологических изображениях является востребованной задачей в иммунологических исследованиях, так как их активность связана со многими заболеваниями человека и животных. В данной работе предложен подход для автоматической сегментации тучных клеток на гистологических изображениях с использованием методов глубокого обучения нейронных сетей.

Набор входных данных алгоритма состоял из 82 фотографий гистологических срезов семенных пузырьков и придатков самцов крыс Wistar. Окрашивание было выполнено толуидиновым синим. Каждый кадр содержал от 1 до 8 тучных клеток. Разметка данных осуществлялась экспертом вручную.

Для обработки данных были использованы две нейронные сети, первая из которых сегментировала клетки на изображении (искала в поле зрения), а вторая классифицировала (типировала) их. Для задачи сегментации была выбрана архитектура нейронной сети UNET [1]. Для ее обучения изображения были разрезаны на фрагменты с размером 512x512. Затем была выполнена аугментация данных, путем зеркального отображения и поворота с шагом в 15 градусов. Аугментированные данные были разделены на обучающую и валидационную выборку в отношении 80% и 20%. Результаты сегментации совмещались для получения бинарного изображения оригинального размера. Каждый регион с клеткой, полученный по результату сегментации, был вырезан по размеру 128x128 пикселей для создания набора данных перед вторым этапом. На втором этапе сверточная

нейронная сеть [2] была обучена для классификации изображений на пять классов, четыре из которых соответствовали четырем типам тучных клеток, а пятый был эквивалентен гистологическим артефактом и некорректной сегментации. Аугментация данных и разделение выборок проводилось аналогично.

Результаты обучения UNet составляли 92% для валидационных данных в Dice-метрике, и 84% после склеивания изображения целиком. Точность классификации клеток на валидационной выборке составила 64% в категорической метрике.

Благодарности: работа выполнена в рамках госзадания ИИФ УрО РАН (тема № АААА-А18-118020590108-7) и поддержана Актом правительства РФ №211 от 16 марта 2013 года (соглашение 02.А03.21.0006).

1. Ronneberger O., Fischer P., Brox T. U-net: Convolutional networks for biomedical image segmentation //International Conference on Medical image computing and computer-assisted intervention. – Springer, Cham, 2015. – С. 234-241.
2. Goodfellow I., Bengio Y., Courville A. Deep learning. – MIT press, 2016.

ПРИМЕНЕНИЕ МЕССБАУЭРОВСКОЙ СПЕКТРОСКОПИИ В БИМЕДИЦИНСКИХ ИССЛЕДОВАНИЯХ

Касьянова В.В.^{1*}, Оштрах М.И.¹, Бажукова И.Н.¹

¹⁾ Уральский федеральный университет имени первого Президента России Б.Н. Ельцина, г. Екатеринбург, Россия

*E-mail: ValentinaKasianova@yandex.ru

BIOMEDICAL APPLICATION OF MÖSSBAUER SPECTROSCOPY

Kasyanova V.V.^{1*}, Oshtrakh M.I.¹, Bazhukova I.N.¹

¹⁾ Ural Federal University, Yekaterinburg, Russia

Annotation. The interrelation of Mossbauer parameters, the electronic structure of the iron ion, and its stereochemistry in various iron-containing biomolecules and their analogs has been studied. The Mossbauer spectra of several samples were approximated using different models. The Mössbauer parameters were analyzed on the basis of available information on the structure of biomolecules.

Хорошо известно, что практически все химические реакции, протекающие в живой клетке, происходят с участием белков. Среди них особую роль выполняют железосодержащие белки, наиболее яркими представителями которых являются гемоглобины и ферритины. Функциональные свойства данных молекул непосредственно связаны с состоянием иона железа в них [1]. Одним из наиболее точных и информативных методов исследования электронной структуры иона железа является мессбауэровская спектроскопия.