Применение методов компьютерного зрения для количественного анализа микробиоты в измененной среде

обитания

*Ключевые слова —* обработка изображений, сегментация, классификация, фильтрация изображения, нейронные сети

Жизнедеятельность человека в космосе является типичным примером жизнедеятельности в замкнутой среде обитания. Замкнутая среда обитания является провокатором различных дисбиотических состояний и может впоследствии быстро развиться в оппортунистическую (особо опасную) инфекцию. Особенно это актуально для профессий, связанных с экстремальными факторами воздействия внешней среды (водолазы, спасатели, работники крайнего Севера, космонавты и др.).

Данная тема является актуальной, так как члены экипажа КА могут самостоятельно отбирать пробы различных биотопов организма и в виде электронных фотоснимков отправлять их на Землю для последующего анализа в лаборатории врачами и микробиологами. Исследования ведутся в лаборатории микробной экологии человека ИМБП РАН под руководством чл.-корр. В.К.Ильина. Одной из проблем, разрабатываемых в ходе программы работы на МКС и наземных модельных экспериментах является дистанционное исследование динамики микробиоты в условиях замкнутой измененной среды обитания [1].

Входными данными в данной работе являются фотографии, на которых изображен набор микроорганизмов (бактерий) под микроскопом. Для выделения бактерий на фоне изображения и для их анализа применена окраска по методу Грама [2]. Особенностью поступающих на вход изображений является то, что характерный диаметр микроорганизмов зачастую не превышает пары десятков микрометров, что ведет к их крайне малому видимому размеру на изображении (порядка 20-30 пикселей).

В работе используется один из алгоритмов распознавания множественных объектов на изображении, восходящий к работам [3], [4]. Алгоритм содержит следующие шаги:

1. Получение изображения
2. Обработка входящего изображения
3. Сегментация изображения
4. Получение признаков из сегментированного изображения
5. Обучение классификатора на имеющихся признаках (или непосредственная классификация объекта по полученным признакам)
6. Формирование выходного изображения

На вход программы поступают цветные изображения размера 1616×1216 в трех цветовых каналах (RGB).

После обзора и проведенного исследования принято решение придерживаться следующего алгоритма обработки входного изображения:

1. Перевод оригинального трехканального изображения в один определенный канал (зеленый)
2. Применение билатерального фильтра
3. Пороговая обработка при помощи алгоритма треугольника (triangle algorithm) [5]

В качестве алгоритма сегментации рассматривались традиционные алгоритмы (к примеру алгоритм водораздела), так и алгоритмы, включающие в себя элементы машинного обучения [6].

В данной работе в качестве классификатора сегментированных изображений используется нейронная сеть. Проведены эксперименты с двумя типами архитектур: PreActResNet [7] и MobileNet [8]. После множественных запусков и проверок, было принято решение остановиться на одной из модификаций MobileNetV2. Данная модель смогла показать наилучшие результаты из всех имеющихся после её применения на изображениях.

Помимо самого алгоритма, создан прототип графического интерфейса, позволяющий пользователю загрузить изображение, обработать его, увидеть необходимую статистику, сохранить обработанное изображение для последующего анализа.

*Литература*

1. З. O. Соловьёва, B. K. Ильин, and A. M. Носовский, “Технологии обработки данных при анализе изображений микробных клеток,” *Технологии живых систем*, vol. 7, no. 2, pp. 38–43, 2010.
2. A. C. Лабинская, *Микробиология с техникой микробиологических исследований*. М.:Медицина, 1978.
3. N. A. Mohamad, N. A. Jusoh, Z. Z. Htike, S. L. Win, *et al.*, “Bacteria identification from microscopic morphology: a survey,” *International Journal on Soft Computing, Artificial Intelligence and Applications (IJSCAI)*, vol. 3, no. 1, pp. 2319–1015, 2014.
4. H. Yang, W. Liu, K. Xing, J. Qiao, X. Wang, L. Gao, and Z. Shen, “Research on insect identification based on pattern recognition technology,” in *2010 Sixth International Conference on Natural Computation*, vol. 2, pp. 545–548, IEEE, 2010.
5. G. W. Zack, W. E. Rogers, and S. A. Latt, “Automatic measurement of sister chromatid exchange frequency.,” *Journal of Histochemistry & Cytochemistry*, vol. 25, no. 7, pp. 741– 753, 1977.
6. K. J. Cutler, C. Stringer, T. W. Lo, L. Rappez, N. Stroustrup, S. Brook Peterson, P. A. Wiggins, and J. D. Mougous, “Omnipose: a high-precision morphology-independent solution for bacterial cell segmentation,” *Nature methods*, vol. 19, no. 11, pp. 1438–1448, 2022.
7. K. He, X. Zhang, S. Ren, and J. Sun, “Identity mappings in deep residual networks,” in *Computer Vision–ECCV 2016: 14th European Conference, Amsterdam, The Netherlands, October 11–14, 2016, Proceedings, Part IV 14*, pp. 630–645, Springer, 2016.
8. A. G. Howard, M. Zhu, B. Chen, D. Kalenichenko, W. Wang, T. Weyand, M. Andreetto, and H. Adam, “Mobilenets: Efficient convolutional neural networks for mobile vision applications,” *arXiv preprint arXiv:1704.04861*, 2017.