

## Определение бактерий на изображении с помощью нейронной сети

Научный руководитель – Мухачев Андрей Яковлевич

Гусаров А.И.<sup>1</sup>, Домнин П.А.<sup>2</sup>

1 - Национальный исследовательский университет «МЭИ», Институт радиотехники и электроники, Москва, Россия, *E-mail: gusarov.alex3@ya.ru*; 2 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра биоинженерии, Москва, Россия, *E-mail: paveldomnin6@gmail.com*

### 1. Введение

Микроскопические изображения бактерий являются основным методом для микробиологических исследований. Как правило их обработка производится вручную. В нашей работе предложен нейросетевой метод обработки изображений.

### 2. Постановка задачи

Цель работы - подсчитать количество бактерий и получить распределение их форм. Метод заключается в построении нейросетевого решения для обнаружения каждой бактерии на изображении с достаточной точностью с учетом ее характеристик.

### 3. Исходные данные

Обучающий набор представлял собой набор из 2 изображений с культурой *Escherichia coli* штамм М-17. Образец экспонированной в жидкой питательной среде культуры при  $t=37$  в течении 24 часов с фиксированными бактериями по методике Леффлера. Снимки были сделаны с помощью светового микроскопа *Carl Zeiss Axio Scope A1* при помощи объектива  $\times 100$  с разрешением  $2560 \times 1920$  пикселей и глубиной цвета 24 бита (см. Рис 1 а и б). Нейронная сеть обучалась на бинарных масках. Каждый пиксель этой маски соответствует вероятности нахождения бактерии в пикселе входного изображения (см Рис.1 с и d). Изображения и соответствующие им маски были обрезаны на фрагменты размером  $200 \times 200$  точек с наложением, каждое изображение было разбито на 2028 перекрывающихся образцов. Нейронная сеть была обучена восстанавливать маски для таких небольших фрагментов.

### 4. Модель

Нейронная сеть основана на архитектуре U-Net(см. Рис.2). Размерность входного тензора равна  $[200 \times 200 \times 3]$ . Размерность выходного тензора -  $[200 \times 200 \times 1]$ . Функция активации для скрытых слоев ReLU. Сигналы на нейронах выходного слоя - вероятность нахождения бактерии. Количество обучаемых параметров сети: 32665.

## 5. Обучение сети

Обучение нейронной сети было проводилось на GPU с предварительной аугментацией. Оптимизация проводилась по методике adam при начальной скорости обучения  $10^{-4}$ , для критерия ошибки использовалась focal loss [6] с параметрами  $\alpha=0.25$  и  $\gamma = 2$ .

## 6. Результаты и обсуждение

После 100 итераций обучения была достигнута ошибка  $6e-04$ . Ниже приведены несколько примеров валидации набора данных, которые не были включены в обучение. Предсказание сетей представляет собой вероятность нахождения бактерий в данном пикселе от черного (0) до белого(1)(см. Рис. 3).

Точность обнаружения бактерий, достигаемая с помощью метода, достаточна для автоматического обнаружения бактерий. Существует несколько проблем, связанных с перекрывающимися бактериями, и метод может дать только карту сегментации, но не точные формы бактерий. Алгоритм [4] использовался для постобработки результатов нейронной сети, а именно обнаружения точных фигур с указанными выше ограничениями. Около каждой найденной бактерии описывался прямоугольник, его стороны использовались для оценки геометрических параметров бактерий, таких как длина, объем и т. д. Гистограмма для 34 изображений, обработанных этим методом, показана на рис.5. Видимая длина бактерии не является ее фактической длиной, поскольку видимая длина является проекцией на плоскость изображения. Фактическое распределение длины можно косвенно вывести из видимого распределения длины, оценив угол проекции. Угол проекции может быть получен из различной интенсивности свечения исходных бактерий (см Рис. 6)

## 7. Выводы

Архитектура нейронной сети может быть модифицирована для более детального анализа изображений бактерий, например для создания мультиклассификатора для классов бактерий. Архитектура U-Net даже в предложенном простейшем виде может дать ценные результаты для сегментации микроскопических изображений. Данный метод был применен для анализа гистологических изображений печени. Дополненные изображения, снабженные картами вывода сегментации DNN, являются мощным инструментом для статистического анализа изображений бактерий.

### Источники и литература

- 1)
- 2) Olaf Ronneberger, Philipp Fische, Thomas Brox, *U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation*, Computer Science Department and BIOS Centre for Biological Signalling Studies, University of Freiburg, Germany, 2015.
- 3)
- 4) Suzuki, S. and Abe, K., *Topological Structural Analysis of Digitized Binary Images by Border Following*. CVGIP 30 1, pp 32-46 (1985)
- 5)
- 6) Tsung-Yi Lin, Priya Goyal, Ross B. Girshick, Kaiming He, Piotr Doll *Focal Loss for Dense Object Detection* CoRR,2017

### Иллюстрации

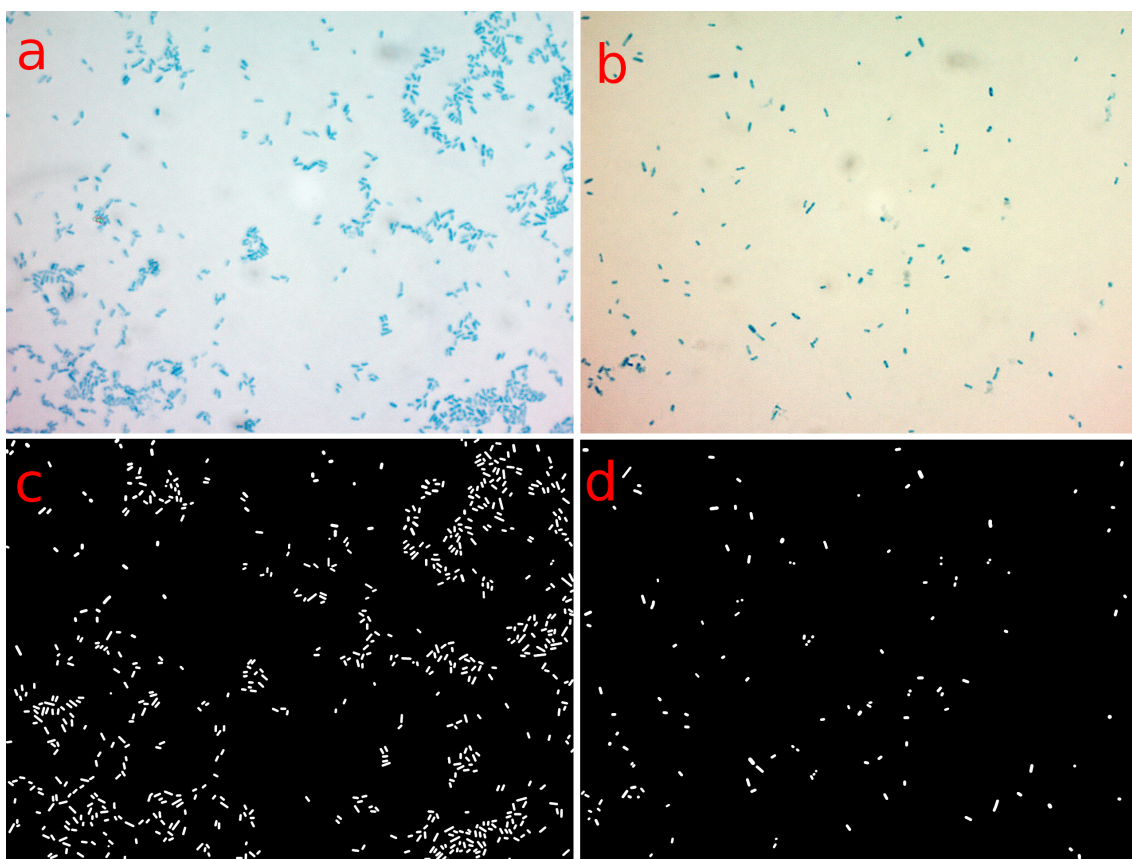


Рис. 1. Микроскопические изображения 100х. а и в - Входные изображения, с и d - Выходные битовые маски

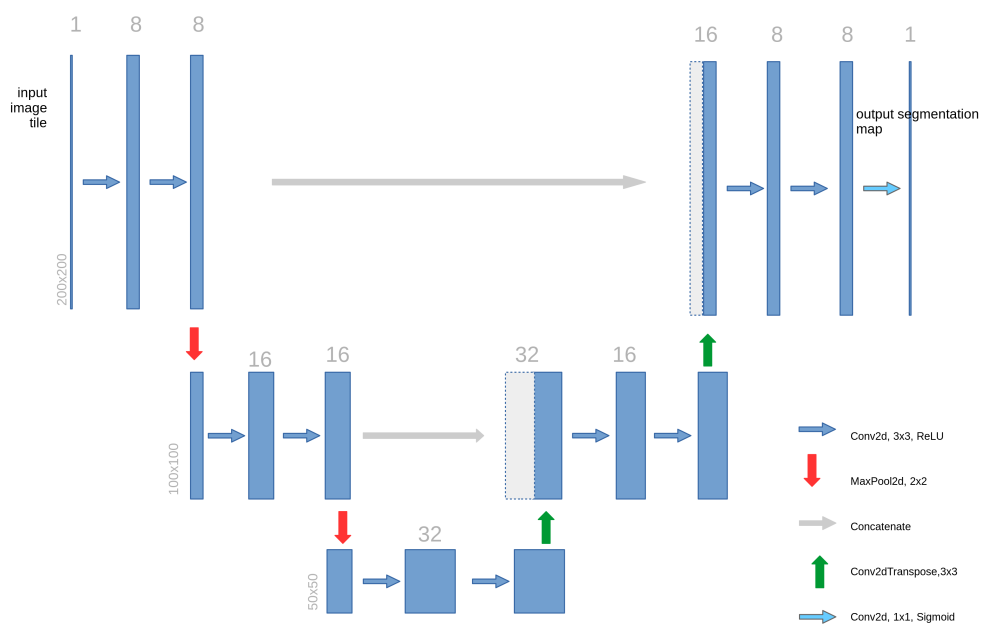
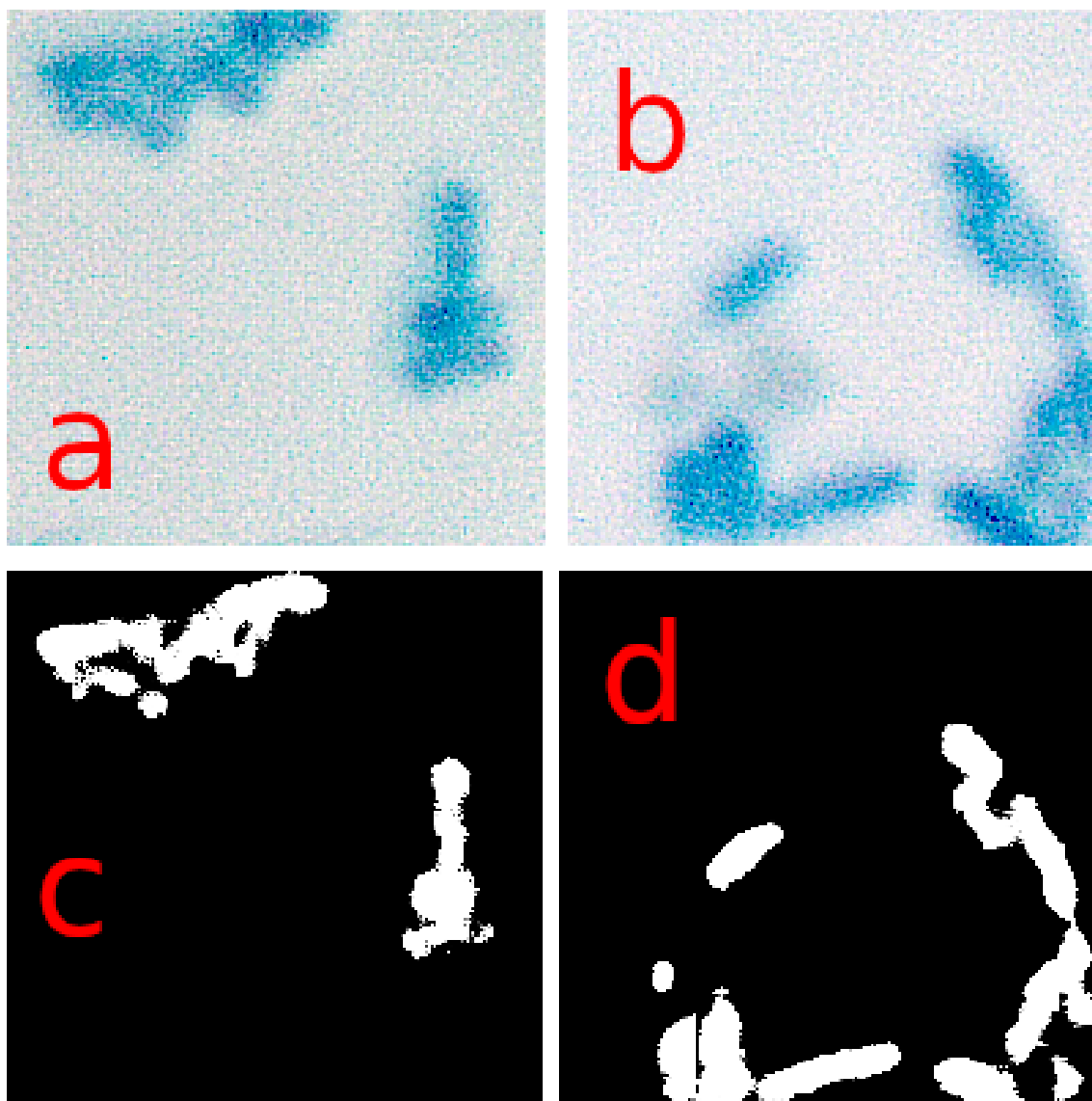


Рис. 2. Архитектура сети[2]



**Рис. 3.** Пример работы сети на микроскопических изображениях  $\times 100$ . а и б - изображения поданные на вход сети. с и d - сегментация выполненная обученной нейронной сетью

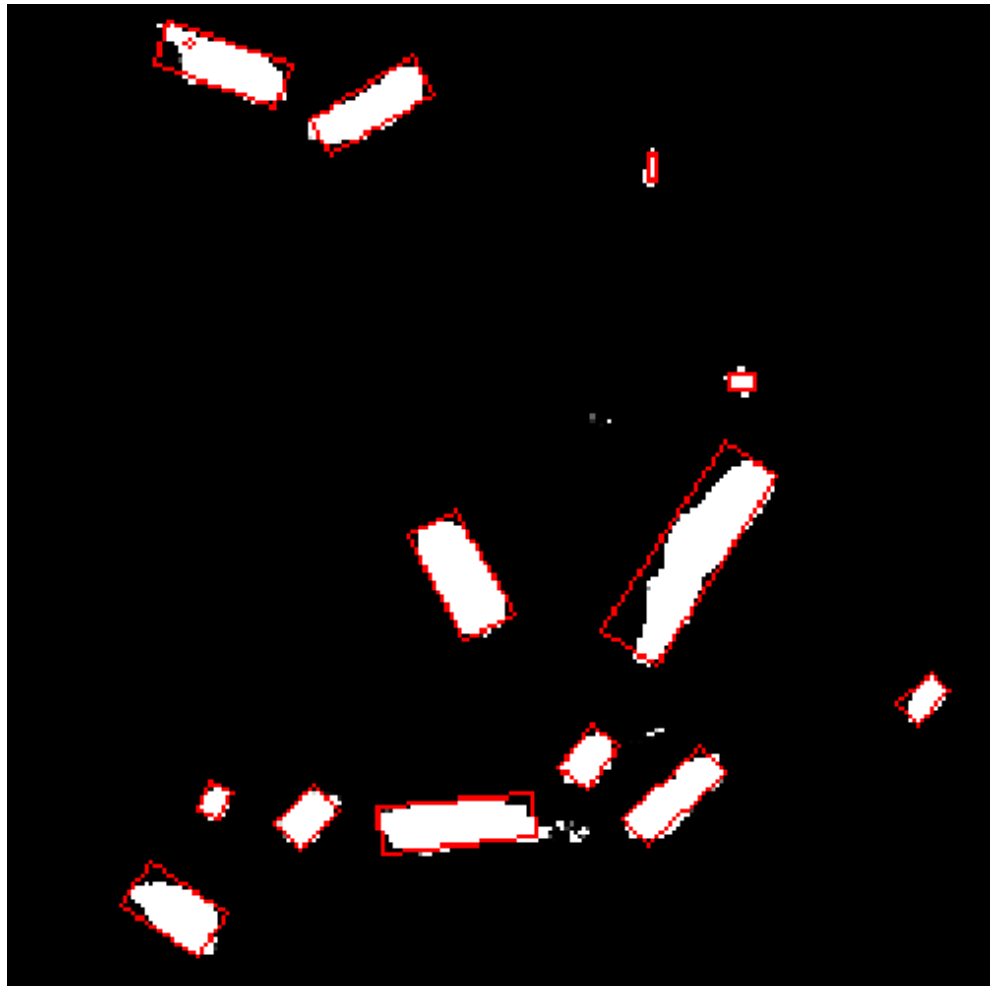


Рис. 4. Построение прямоугольников около бактерий

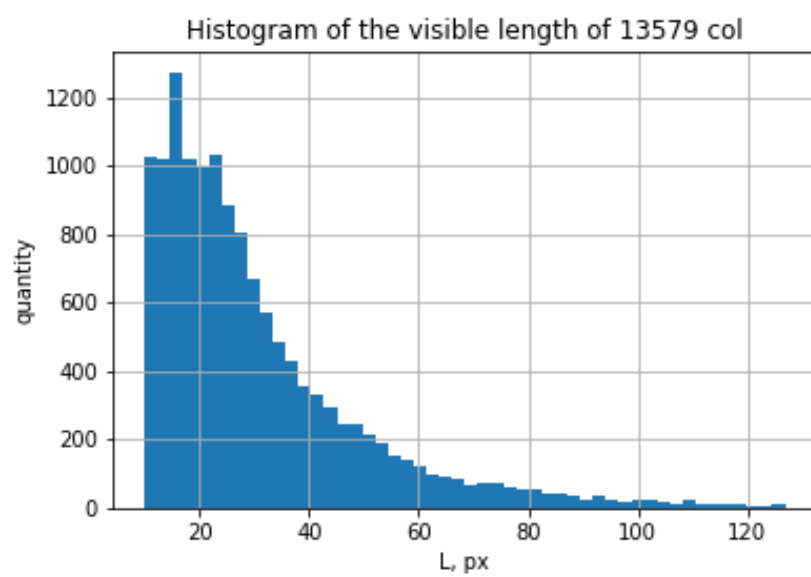
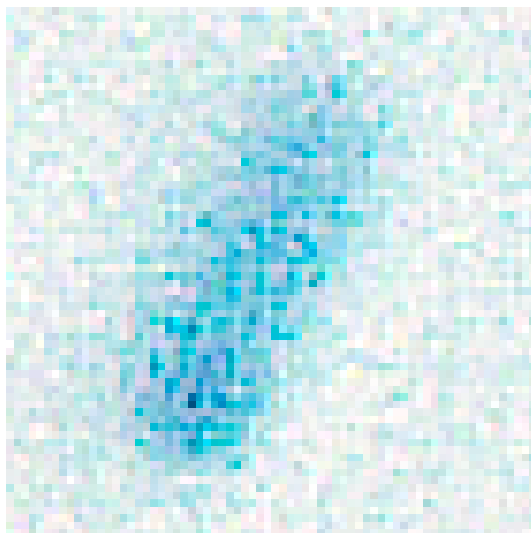


Рис. 5. Гистограмма видимой длины. Выбросы исключены



**Рис. 6.** Микрофотография, объектив 100х. Различная интенсивность по свечению на концах палочки.