



результате обучения классификатора были получены следующие результаты: к первому классу классификатор отнес 18 из 25, ко 2 – 20 из 25, к 3 – 22 из 25, к 4 – 19 из 25. Таким образом, классификатор определяет принадлежность изображений к классам с вероятностью от 0,72 до 0,85.

Литература

- 1 How Many Photos Do Americans Take a Year? – Hyperallergic [Электронный ресурс]. URL: <https://hyperallergic.com/48765/how-many-photos-do-americans-take-a-year/> (дата обращения: 04.04.2020).
- 2 Применение метода SURF – Habr [Электронный ресурс]. URL: <https://habr.com/ru/post/152679/> (дата обращения: 05.04.2020).
- 3 Гессиан функции – Wiki [Электронный ресурс]. URL: https://ru.wikipedia.org/wiki/Гессиан_функции (дата обращения: 05.04.2020).
- 4 Применение метода SURF – PVSM [Электронный ресурс]. URL: <https://www.pvsm.ru/programmirovanie/16929> (дата обращения: 05.04.2020).
- 5 Алгоритм машинного обучения. Метод Опорных Векторов (SVM) – Habr [Электронный ресурс]. URL: <https://habr.com/ru/post/428503> (дата обращения: 07.04.2020).
- 6 Метод опорных векторов (SVM) – университет ИТМО [Электронный ресурс]. URL: [https://neerc.ifmo.ru/wiki/index.php?title=Метод_опорных_векторов_\(SVM\)](https://neerc.ifmo.ru/wiki/index.php?title=Метод_опорных_векторов_(SVM)) (дата обращения: 07.04.2020).

В.В. Коневский, А.В. Гайдель

ТРЕКИНГ МИКРОСКОПИЧЕСКИХ ОБЪЕКТОВ В ВИДЕОПОТОКЕ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ СВЕРТОЧНЫХ НЕЙРОННЫХ СЕТЕЙ

(Самарский университет)

Понимание механизмов движения клеток является актуальной проблемой в биомедицинских исследованиях [1]. Правильная характеристика того, как клетки изменяют свою форму и двигаются по мере взаимодействия с окружающей средой, является ключом к пониманию клеточной миграции и ее последствиям [2]. Это важно, как для развития нормальной ткани, так и для многих заболеваний [1].

Сегментирование и отслеживание клеток вручную является чрезвычайно трудоемкой задачей из-за большого количества данных, полученных в ходе исследований живых клеток. Таким образом, анализ покадровых экспериментов все больше опирается на автоматизированные методы обработки изображений. Но большинство стандартных методов сегментации и отслеживания неэффективны в условиях низкого качества, присутствует высокая плотность клеток и их неоднородное окрашивание [3]. Клетка может погибнуть или поделиться. К этому добавляется



несовершенство оптических систем [4]. Все это стимулировало разработку алгоритмов, которые способны преодолеть эти проблемы.

Цель данной работы – создание приложения, способного решать проблемы трекинга микроскопических объектов в видеопотоке.

Методы отслеживания можно широко классифицировать на два типа: “отслеживание с помощью методов обнаружения” [5-7] и “отслеживание с помощью методов эволюции модели” [8-10].

Основная идея первого состоит в том, чтобы сначала обнаружить все ячейки во всей видеопоследовательности, а затем связать обнаруженные ячейки между последовательными кадрами, путем оптимизации вероятностной целевой функции.

Принцип второго заключается в нахождении клеток в первом кадре и обновлении их положения, формы и ориентации во всем промежутке времени, принимая во внимание результат предыдущего кадра. Каждая отслеживаемая клетка представлена моделью, которая эволюционирует во времени, чтобы соответствовать конкретной ячейке в последующих кадрах

В настоящее время преобладающим подходом к сегментации и отслеживанию является применение методов машинного обучения [11-12].

Набор данных состоит из двумерных видеопоследовательностей клеток, окрашенных в флуоресцентный цвет, движущихся сверху или погруженных в подложку [13].

Для экспериментов использовались клетки HeLa [14]. Это линия клеток, которая способна к бесконечному числу делений. Были получены из раковой опухоли человека [15]. Они используются во множестве научных исследований в области биологии и фармакологии [15].

Задача отслеживания состояла из двух этапов, сегментация видео последовательности и связывание клеток между собой.

Для сегментации была реализована сверточная нейронная сеть, построенная по U-Net архитектуре [16]. Входной кадр видео последовательности представлял собой набор клеток. Было необходимо отделить клетки от фона, а также разделить клетки между собой.

Для создания связей между объектами были реализованы алгоритмы:

- алгоритм ближайшего соседа
- алгоритм ближайшего по площади
- алгоритм пороговых значений
- комбинированный алгоритм

Критерием оценки для сегментации изображения является способность алгоритма точно идентифицировать пиксели, занятые объектами на изображениях [17].

В области компьютерного зрения существуют методы для оценки эффективности алгоритмов обнаружения и отслеживания. Но они нацелены только на топологически устойчивые объекты, такие как человеческие лица, текстовые поля и транспортные средства. Поэтому их нельзя применять к



отслеживанию клеток, поскольку отслеживаемые объекты могут делиться с течением времени или исчезать после смерти клетки [17].

Для исследования мы использовали меру точности отслеживания, которая штрафует все возможные ошибки в результатах отслеживания и объединяет их в одно значение. Эта мера оценивает сложности преобразования, вычисленного ациклического ориентированного графа [17]. Такая сложность измеряется как взвешенная сумма наименьшего числа операций с графами, необходимых для того, чтобы графы были идентичными.

Результаты экспериментов:

Таблица 1 – Достоверность сегментации

Метод	Достоверность
Много классовая сегментация	0.039494
Комбинированная сегментация	0.649633

Таблица 2 – Достоверность трекинга

Метод	Достоверность
Алгоритм ближайшего соседа	0.920856
Алгоритм ближайшего по площади	0.809027
Алгоритм пороговых значений	0.860545
Комбинированный алгоритм	0.936965

Из-за маленького набора данных (84 кадра) нейронная сеть показала низкие результаты при много классовой сегментации, около 4 процентов. Поэтому был выбран подход, когда на первом этапе сегментации происходит отделение клеток от фона, а на втором этапе закрашивается каждая отдельная клетка, для этого используется алгоритм обхода в ширину. Такой подход позволил повысить точность в 16 раз.

Среди алгоритмов построение связей клеток, лучшие результаты показал комбинированный алгоритм. Суть алгоритма заключается в двух этапах.

На первом мы берем все клетки с n-1 кадра и сравнением с клетками с n кадра. Для каждой клетки с n-1 кадра мы ищем центры клеток с n кадра, которые вошли в области этой клетки. Таким образом мы можем получить 4 результата, в область клетки вошли 0, 1, 2 или n центров клеток. Если в область клетки вошел только 1 центр, то мы считаем, что клетка поменяла свое положение. Если в область клетки вошли два центра, то мы считаем, что клетка поделилась. Если в область клетки вошли 0 или n кадров мы считаем, что с клеткой произошла аномалия (клетка могла погибнуть, или отдалиться дальше своей области, или ее могли сместить соседние клетки) и помещаем данную в специальную коллекцию, которую будем обрабатывать на втором этапе.



На втором этапе мы берем все не помеченные клетки с n кадра и ищем клетку с наиболее подходящей площадью из аномальных клеток. Если коллекция аномальных клеток пуста, то мы считаем, что все оставшиеся клетки n кадра являются новыми клетками.

В ходе работы был разработан уникальный алгоритм трекинга, создана его реализация в виде приложения состоящего из двух сервисов на языках Java и Python, а также было проведено сравнение эффективности реализованных алгоритмов. Результат для сегментации 65%, для трекинга 94%.

Литература

1 C. Zimmer, On the digital trail of mobile cells [Текст] / C. Zimmer, B. Zhang, A. Dufour, A. Thebaud, S. Berlemont, V. Meas-Yedid, J.-C. Olivo-Marin // IEEE Signal Processing Magazine. – 2006. – Vol. 23(3). – p. 54-62.

2 R. Ananthakrishnan, The forces behind cell movement [Текст] / R. Ananthakrishnan, A. Ehrlicher // International Journal of Biological Sciences. – 2007. – Vol. 3(5). – P. 303-317.

3 C. Vonesch, The colored revolution of bioimaging [Текст] / C. Vonesch, F. Aguet, J.-L. Vonesch, M. Unser // IEEE Signal Processing Magazine. – 2006. – Vol. 23(3). – P. 20-31.

4 P. Sarder, Deconvolution methods for 3-D fluorescence microscopy images [Текст] / P. Sarder and A. Nehorai // IEEE Signal Processing Magazine. – 2006 – Vol. 23(3). – P. 32-45.

5 C. Ortiz-de-Solorzano, Towards a Morphodynamic Model of the Cell: Signal processing for cell modeling [Текст] / C. Ortiz-de-Solorzano, A. Muñoz-Barrutia, E. Meijering, M. Kozubek // IEEE Signal Processing Magazine. – 2015. – Vol. 32(1). – P. 20-29.

6 F. Li, Multiple nuclei tracking using integer programming for quantitative cancer cell cycle analysis [Текст] / F. Li, X. Zhou, J. Ma, S. T. C. Wong // IEEE Transactions on Medical Imaging. – 2010 – Vol. 29(1). – P. 96-105.

7 D. Padfield, Coupled minimum-cost flow cell tracking for high-throughput quantitative analysis [Текст] / D. Padfield, J. Rittscher, B. Roysam // Medical Image Analysis. – 2011 – Vol. 15(1). – P. 650-668.

8 A. Dufour, 3D active meshes: fast discrete deformable models for cell tracking in 3D time-lapse microscopy [Текст] / A. Dufour, R. Thibeaux, E. Labruyere, N. Guillen, J-C Olivo-Marin // IEEE Trans. Image Process. – 2011. – Vol. 20(19) – P. 25-37.

9 M. Maška, Segmentation and shape tracking of whole fluorescent cells base don the Chan-Vese model [Текст] / M. Maška, O. Daněk, S. Garasa, A. Rouzaut, A. Muñoz-Barrutia, C. Ortiz-de-Solorzano // IEEE Transactions on Medical Imaging. – 2013. – Vol. 32(6) – P. 995-1006.

10 O. Dzyubachyk, Advanced level-set-based cell tracking in time-lapse fluorescence microscopy [Текст] / O. Dzyubachyk, W. A. van Cappellen, J.



Essers, W. J. Niessen, and E. Meijering // IEEE Transactions on Medical Imaging. – 2010 – Vol. 29(3) – P. 852-867.

11 T. He, Cell tracking using deep learning neural networks with multi-task learning [Текст] / T. He, H. Mao, J. Guo, Z. Yi // Image and Vision Computing – 2016 – Vol. 60 – P. 142-153.

12 F. Xing, Deep Learning in Microscopy Image Analysis: A Survey [Текст] / F. Xing, Y. Xie, H. Su, F. Liu, L. Yang // IEEE Transactions on Neural Networks and Learning Systems. – 2017. – Vol. 29 – P. 4550-4568.

13 Ulman V., An objective comparison of cell-tracking algorithms [Текст] / Ulman V., Maška M., Magnusson K. // Nat Methods. – 2017. – Vol. 14 – P. 1141–1152.

14 Ulman V., A benchmark for comparison of cell tracking algorithms [Текст] / Ulman V., Maška M., Magnusson K. // Bioinformatics. – 2014. – Vol. 30(11) – P. 1609–1617.

15 HeLa cell lines – robust cellular models for in vitro testing [Электронный ресурс] // Tebu-bio: сайт. – Электрон. дан. – 2017. – URL: <https://www.tebu-bio.com/blog/2017/11/28/hela-cells-the-first-cell-line> (дата обращения: 19.11.2019).

16 Olaf Ronneberger, U-Net : Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation [Текст] / Olaf Ronneberger, Philipp Fischer, Thomas Brox // Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI), Springer, LNCS. – 2015. – Vol. 9351 – P. 234-241.

17 Cell Tracking Accuracy Measurement Based on Comparison of Acyclic Oriented Graphs [Электронный ресурс] // PLoS ONE: сайт. – Электрон. дан. – 2015. – URL: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0144959> (дата обращения: 01.02.2020).

Д.В. Лещева¹, В.А. Семенова^{2,3}

УПРАВЛЕНИЕ ДАННЫМИ ПРИ КЛАСТЕРИЗАЦИИ ОБЪЕКТОВ МНОГОМЕРНЫХ НАБЛЮДЕНИЙ И ЭКСПЕРИМЕНТОВ

(¹ Поволжский университет телекоммуникаций и информатики

² Институт проблем управления сложными системами
Самарского научного центра РАН

³ Самарский государственный технический университет)

Одной из фундаментальных задач научного познания предметной области (ПрО) любой природы является систематизация данных наблюдений и экспериментов (в самом широком смысле последнего слова). И здесь, прежде всего, имеет значение *кластеризация объектов* исследуемой ПрО (уместно сослаться на мнение знаменитого французского естествоиспытателя Жана Батиста Ламарка о том, что «всякая наука начинается с классификации»).