

инструментом поддержки принятия врачебных решений. Полученные результаты подтверждают целесообразность дальнейшего развития такого подхода и его апробации на расширенных клинических выборках.

Список использованных источников

1. Early diagnosis of cutaneous melanoma: revisiting the ABCD criteria / N. R. Abbasi, H. M. Shaw, D. S. Rigel [et al.] // *Jama*. – 2004. – Vol. 292, № 22. – P. 2771-2776.
2. Melanoma and Nevus Skin Lesion Classification Using Handcraft and Deep Learning Feature Fusion via Mutual Information Measures / J.A. Almaraz-Damian, V. Ponomaryov, S. Sadovnychiy [et al.] // *Entropy*. – 2022. – Vol. 22, Issue 4. – P. 484.

Парфенова Екатерина Сергеевна, студ. гр. 6403-010302D, katya.parfenova.2005@yandex.ru.
Матвеева Ирина Александровна, к.т.н., доцент каф. ЛБС, matveeva.ia@ssau.ru.

УДК 004.891.3:543.424.2:616-71

КЛАССИФИКАЦИЯ РАМАНОВСКИХ СПЕКТРОВ КОЖИ МЕТОДОМ СЛУЧАЙНОГО ЛЕСА ДЛЯ НЕИНВАЗИВНОЙ ДИАГНОСТИКИ ПОЧЕЧНОЙ НЕДОСТАТОЧНОСТИ

К.Е. Томникова

«Самарский национальный исследовательский университет имени
академика С.П. Королёва», г. Самара

Ключевые слова: почечная недостаточность, метод разрешения многомерных кривых, неинвазивная диагностика, случайный лес.

Хроническая болезнь почек (ХБП) является важной социальной проблемой в современном мире. ХБП встречается у 200-500 человек из миллиона. В настоящее время эти цифры растут, количество больных увеличивается на 10-12% ежегодно [1]. Терминальная стадия ХБП представляет собой тяжелое состояние, характеризующееся потерей функции почек, что требует диализа или трансплантации органа [2].

Перспективным решением является рамановская спектроскопия, позволяющая с высокой точностью выявлять изменения молекулярного состава кожи, вызванные системными метаболическими нарушениями при ХБП. Однако клиническое внедрение метода сдерживается сложностью анализа спектральных данных, характеризующихся высокой размерностью, зашумленностью и индивидуальной вариабельностью [3]. В связи с этим целью работы является разработка неинвазивного метода диагностики ХБП, основанного на комбинации рамановской спектроскопии кожи и алгоритма случайного леса, с акцентом на интерпретируемость признаков классификации.

Исследование проводилось на двух группах испытуемых: целевой группе, состоящей из 85 пациентов с почечной недостаточностью, находящихся на гемодиализе (90 спектров), и взрослой контрольной группе,

состоящей из 40 здоровых добровольцев (80 спектров) без системных заболеваний. После предварительной обработки спектры были разделены на 8 компонентов кожи с помощью метода разрешения многомерных кривых, что позволило выделить реальные биохимические маркеры [4]. Вычисленные относительные концентрации данных компонентов далее использовались в качестве признаков классификации методом случайного леса.

Для подбора оптимальных гиперпараметров для модели случайного леса использовался метод Grid Search. Эффективность модели оценивалась по площади под ROC-кривой (ROC AUC), а для оценки устойчивости и обобщающей способности модели проводилась 10-кратная перекрестная проверка. В процессе оптимизации модели случайного леса для предотвращения переобучения максимальная глубина деревьев была ограничена четырьмя уровнями. Помимо этого, был проведен анализ важности признаков для случайного леса, чтобы оценить вклад каждого компонента в классификационную модель. На рисунке 1а представленная полученная ROC-кривая, а на рисунке 1б, показаны результаты анализа важности признаков случайного леса.

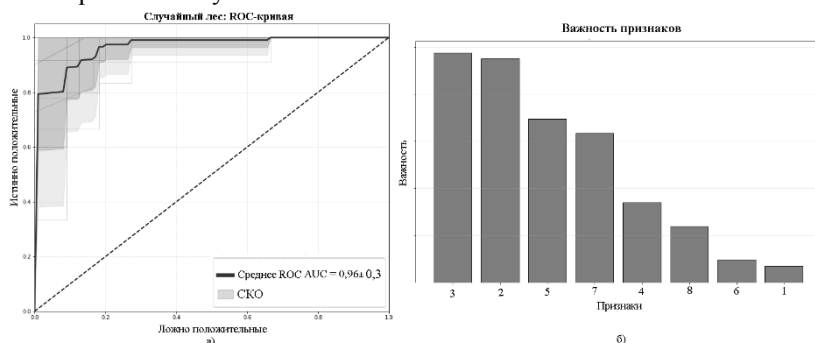


Рисунок 1 – а) ROC-кривая случайного леса, б) анализ важности признаков случайного леса при принятии решений

Исходя из рисунка 1б, случайный лес при принятии решений больше опирается на компоненты 3 и 2, они соответствуют каротиноидам в липидных каплях и смеси кератина с коллагеном, соответственно. Следующие по значимости оказались компоненты 5 (смесь каротиноидов с нуклеиновыми кислотами) и 7 (S-S связь в кератинах). Компоненты 4, 8, 6 и 1 оказались наименее важны для модели, они соответствуют почти чистым спектрам нуклеиновых кислот, аминокислот, коллагену и кератину, соответственно.

В результате работы был разработан стабильных алгоритм случайного леса для классификации рамановских спектров кожи для диагностики почечной недостаточности с ROC AUC равным $0,96 \pm 0,03$. Анализ важности признаков позволил идентифицировать ключевые биохимические изменения в коже при ХБП.

Полученные результаты подтверждают то, что системные метаболические нарушения при почечной недостаточности находят отражение в молекулярном составе кожи, и могут быть надежно зарегистрированы с помощью рамановской спектроскопии и методов искусственного интеллекта. Предложенный подход может быть применен в качестве неинвазивной диагностики почечной недостаточности в рамках первичного скрининга населения.

Список использованных источников

1. Chronic kidney disease / K. Kalantar-Zadeh, T. H. Jafar, D. Nitsch [et al.] // *The Lancet*. – 2021. – Vol. 398, № 10302. – P. 786-802.
2. Global, Regional, and National Burden of CKD in Adults: Updated Systematic Analyses of the Global Burden of Disease Study: FR-OR093 / P. B. Mark, L. K. Stafford, M. Grams [et al.] // *Journal of the American Society of Nephrology*. – 2025. – Vol. 36, № 10S. – P. 10.1681.
3. Using Raman spectroscopy to characterize biological materials / H. J. Butler, L. Ashton, B. Bird [et al.] // *Nature protocols*. – 2016. – Vol. 11, № 4. – P. 664-687.
4. Multidimensional Analysis of Dermoscopic Images and Spectral Information for the Diagnosis of Skin Tumors / I. A. Matveeva, A. I. Komlev, O. I. Kaganov [et al.] // *Journal of Biomedical Photonics and Engineering* 2024. – Vol. 10, № 1. – P. 010307.

Томникова Ксения Евгеньевна, асп. гр. А1_02.02.12, каф.ЛБС, ksetomnikova@yandex.ru.

УДК 004.891.3:616-71

ОБЗОР ИНТЕЛЛЕКТУАЛЬНЫХ МЕТОДОВ АНАЛИЗА ГИСТОЛОГИЧЕСКИХ ИЗОБРАЖЕНИЙ

И.Н. Тырин, И.А. Матвеева

«Самарский национальный исследовательский университет имени
академика С.П. Королёва», г. Самара

Ключевые слова: сегментация ядер, классификация ядер, глубокое обучение, гистопатология, рак молочной железы, машинное обучение.

Анализ морфологии ядер клеток является фундаментальным этапом в диагностике и прогнозировании течения онкологических заболеваний. Ключевыми задачами при этом выступают точная сегментация границ ядер и их классификация (например, опухолевые клетки, лимфоциты, фибробласты). Традиционный визуальный анализ трудоемок и подвержен вариабельности, что стимулирует разработку автоматизированных методов на основе глубокого обучения [1, 2].

В данном обзоре рассмотрены современные подходы к сегментации и классификации ядер, опубликованные в 2019-2025 годах. Архитектуры нейронных сетей эволюционировали от классических U-Net до специализированных решений. Так, архитектура HoVer-Net [3]