

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]

одновременно решает задачи сегментации и классификации, прогнозируя горизонтальные и вертикальные расстояния от каждого пикселя ядра до его центра масс, что позволяет эффективно разделять соприкасающиеся ядра. Развитием этого подхода стала сеть M3-Net++, которая использует многомасштабные и многоуровневые архитектуры для улучшения выделения признаков в сложных случаях [4].

Для повышения точности сегментации исследователи применяют различные стратегии. Например, в работе [5] предложена архитектура BU-NET с плотными сверточными связями для сегментации ядер при раке молочной железы с последующей оптимизированной классификацией признаков. Байесовский подход с использованием dropout позволил не только сегментировать ядра, но и оценивать неопределенность предсказаний модели, что критически важно для медицинских приложений [6]. Для задач скрининга и иммуногистохимического анализа разрабатываются методы семантической сегментации всего препарата (Whole-Slide Images) в реальном времени, что позволяет, например, автоматически рассчитывать биомаркеры опухоли [7].

Важным направлением является создание и аннотирование наборов данных для обучения моделей. Помимо известных публичных наборов, исследователи представляют новые размеченные данные, такие как NuSeC для рака молочной железы [8] или крупномасштабный синтетический датасет для сегментации [9], который позволяет обучать модели без трудоемкой ручной разметки. Применение таких методов позволяет не только выделять ядра, но и связывать их морфологию с молекулярно-генетическими характеристиками опухоли. Исследование [10] демонстрирует, что количественные признаки формы, размера и текстуры ядер (nuHIFs), извлеченные с помощью глубокого обучения, коррелируют с нестабильностью генома и прогнозом выживаемости при раке молочной железы, легких и предстательной железы. В частности, площадь ядер фибробластов оказалась значимым прогностическим фактором, связанным с ремоделированием внеклеточного матрикса.

Классификация подтипов рака молочной железы на основе анализа ядер также показывает высокую эффективность. В работе [11] предложен улучшенный алгоритм оптимизации пеликана в сочетании с глубоким обучением для классификации митотических ядер. Двухэтапная стратегия сегментации ядер с последующей классификацией изображений гистопатологии [12] позволяет достичь высокой точности в различении злокачественных и доброкачественных образцов. Объединение данных сегментации с когнитивными вычислениями [13] открывает путь к созданию интеллектуальных систем поддержки принятия врачебных решений.

Применение методов глубокого обучения для анализа ядер в гистопатологии позволяет перейти от качественных визуальных оценок к количественным, воспроизводимым и клинически значимым биомаркерам.

Перспективными направлениями являются интеграция данных из различных источников (геномика, протеомика), повышение интерпретируемости моделей и валидация на больших многоцентровых когортах.

Список использованных источников

1. Lagree A. et al. A review and comparison of breast tumor cell nuclei segmentation performances using deep convolutional neural networks //Scientific Reports. – 2021. – Т. 11. – №. 1. – С. 8025.
2. Basu A. et al. A survey on recent trends in deep learning for nucleus segmentation from histopathology images //Evolving Systems. – 2024. – Т. 15. – №. 1. – С. 203-248.
3. Graham S. et al. Hover-net: Simultaneous segmentation and classification of nuclei in multi-tissue histology images //Medical image analysis. – 2019. – Т. 58. – С. 101563.
4. Wadood A. S. et al. M3-Net++: A multi-scale, multi-level, multi-stream network for nuclei segmentation in breast cancer histopathology using hierarchical context extraction and hybrid loss optimization //Computers in Biology and Medicine. – 2025. – Т. 196. – С. 110804.
5. Rehman A. et al. Densely convolutional BU-NET framework for breast multi-organ cancer nuclei segmentation through histopathological slides and classification using optimized features //CMES-Computer modeling In engineering and sciences. – 2024. – Т. 141. – №. 3. – С. 2375-2397.
6. Gudhe N. R. et al. Nuclei instance segmentation from histopathology images using Bayesian dropout based deep learning //BMC Medical Imaging. – 2023. – Т. 23. – №. 1. – С. 162.
7. Hasan M. J. et al. Real-time segmentation and classification of whole-slide images for tumor biomarker scoring //Journal of King Saud University-Computer and Information Sciences. – 2024. – Т. 36. – №. 9. – С. 102204.
8. Samet R. et al. NuSeC: A Dataset for Nuclei Segmentation in Breast Cancer Histopathology Images //arXiv preprint arXiv:2507.14272. – 2025.
9. Ding K. et al. A large-scale synthetic pathological dataset for deep learning-enabled segmentation of breast cancer //Scientific Data. – 2023. – Т. 10. – №. 1. – С. 231.
10. Abel J. et al. AI powered quantification of nuclear morphology in cancers enables prediction of genome instability and prognosis //Npj Precision Oncology. – 2024. – Т. 8. – №. 1. – С. 134.
11. Alrowais F. et al. Enhanced pelican optimization algorithm with deep learning-driven mitotic nuclei classification on breast histopathology images //Biomimetics. – 2023. – Т. 8. – №. 7. – С. 538.
12. Hu H. et al. Breast cancer histopathological images recognition based on two-stage nuclei segmentation strategy //Plos one. – 2022. – Т. 17. – №. 4. – С. e0266973.
13. Begum M. S., Kalaivani S. Smart neural network and cognitive computing process for multi task nuclei detection segmentation and classification in breast cancer histopathology images //Scientific Reports. – 2025. – Т. 15. – №. 1. – С. 18435.

Тырин Игорь Николаевич, студ. гр. 6206-090301D, igortyrin034@gmail.com.

Матвеева Ирина Александровна, к.т.н., доцент каф. ЛБС, matveeva.ia@ssau.ru.