

Адаптация DeepLabV3+ для сегментации поражений шейки матки при биопсии

Источник: Frontiers in Digital Health

Оригинал: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fdgth.2026.1776155>

глубокое обучение

диагностика

онкология

сегментация изображений

цифровая патология

Введение

Рак шейки матки остается одной из основных причин смертности от онкологических заболеваний в условиях ограниченных ресурсов, где доступ к передовому оборудованию для цифровой патологии крайне затруднен. Автоматизированная сегментация гистопатологических изображений предлагает потенциальный путь к улучшению диагностической доступности, однако практические решения, сочетающие доступное аппаратное обеспечение с надежным глубоким обучением, остаются недостаточно разработанными.

Методы

Мы представляем подход, сочетающий микроскопию с помощью смартфона с архитектурой **DeepLabV3+** для точной сегментации поражений рака шейки матки на гистопатологических изображениях, окрашенных гематоксилином и эозином (**H&E**). Для стандартизированного получения изображений использовались специальный адаптер для смартфона и приложение для сбора данных **Ocular**. Модель **DeepLabV3+** с энкодером **ResNet34** была разработана и валидирована на 5 966 гистопатологических изображениях, собранных в Институте рака Уганды, с целью выделения 21 отдельного класса гистопатологических признаков. Обучение проводилось с

использованием комбинированной функции потерь **BCE** (Binary Cross-Entropy — бинарная кросс-энтропия) и **Dice loss** с применением эффективного по памяти обучения на графическом процессоре **NVIDIA RTX 3090**.

Результаты

На отложенной валидационной выборке, взятой из того же институционального набора данных, система достигла среднего показателя пересечения над объединением (**IoU**) 75,8% и коэффициента Дайса (**Dice coefficient**) 93,1%, используя механизм пространственного пирамидального пулинга с расширением (**atrous spatial pyramid pooling, ASPP**) для захвата многомасштабной контекстной информации. Показатель **IoU** для каждого класса варьировался в узком диапазоне от 74,13% до 75,41% по всем 21 классам признаков, что демонстрирует стабильную производительность сегментации. Архитектура **DeepLabV3+** превзошла базовую модель **U-Net**, обученную в идентичных условиях (mIoU: 56,84%, Dice: 68,53%), что подтверждает архитектурный вклад предобученного энкодера и модуля **ASPP**.

Обсуждение

Данные результаты демонстрируют техническую осуществимость надежного анализа цифровой патологии в условиях ограниченных ресурсов с использованием общедоступного оборудования на базе смартфонов. Превосходное разграничение границ и многомасштабное извлечение признаков архитектуры **DeepLabV3+** оказываются особенно эффективными для сложных гистопатологических паттернов. Эти результаты представлены только на валидационных данных; для оценки обобщающей способности на более широкие клинические популяции и различные условия визуализации перед любым клиническим внедрением потребуется независимая мультиинституциональная оценка.