

## ОЦЕНКА ЭФФЕКТИВНОСТИ МОДЕЛЕЙ СЕМЕЙСТВА SEGMENT ANYTHING ПРИ СЕГМЕНТАЦИИ МИКРОСКОПИЧЕСКИХ ИЗОБРАЖЕНИЙ БАКТЕРИЙ РОДА *Micrococcus*

Диденко А. <sup>1</sup>

Научный руководитель – к.ф.-м.н., доцент Самарин А. В. <sup>1</sup>

<sup>1</sup>Университет ИТМО

a.rudskoj@icloud.com

Работа выполнена в рамках темы НИР «Предобработка и анализ биомедицинских изображений».

### Введение

В современной медицине и микробиологии одной из актуальных задач является анализ, выделение и подсчет микроорганизмов на микроскопических изображениях. Существует ряд проблем, которые затрудняют выполнение этой задачи: на снимках изображены плотные скопления клеток, сами снимки имеют низкий контраст, шум и артефакты. Для автоматизации этой задачи используются нейросетевые модели сегментации, такие как семейство Segment Anything (SAM, SAM2, SAM3) и их медицинские адаптации (MedSAM, MedSAM2). Преимущество этих моделей – это их способность к zero-shot и promptable сегментациям, что позволяет запускать модели без предварительного дообучения с использованием разных типов подсказок. Однако эффективность этих моделей на микроскопических изображениях кокковых бактерий – микрококков – требует дополнительной оценки.

### Основная часть

Для оценки качества моделей сегментации использовался датасет микроскопических снимков, состоящий из 10 изображений бактерий рода *Micrococcus* (разрешение 3664×2748 пикс. каждое), которые были размечены вручную. К изображениям применялась предобработка для увеличения контраста и снижения шума на снимках. Она состояла из нормализации изображений, применения локального усиления контраста с помощью CLAHE (clipLimit = 2.0), использования медианного фильтра (3×3), а также кубической интерполяции с увеличением в 3 раза для фокусировки на мелких бактериях.

Сегментация выполнялась во всех предложенных режимах: point prompt, bounding box prompt, автоматической генерации масок и text prompt (для SAM3). Для решения проблемы, связанной с ограниченной видеопамятью, использовалась тайловая обработка (2048×2048 с перекрытием). Предсказанные маски подвергались постфильтрации по геометрическим признакам (площадь, круглость и соотношение сторон). Каждая предсказанная маска анализировалась как компонент связности с помощью regionprops.

Качество сегментации оценивалось с использованием следующих метрик: mDice, mIoU, Precision, Recall, F1-score, mAP@0.5:0.95, а также ошибки подсчёта количества объектов (MAE, MRE) при порогах IoU от 0.5 до 0.95 с шагом 0.1.

Наилучшие результаты продемонстрировали базовые модели SAM и SAM2 в режиме bounding box: mIoU 0.78–0.81, mDice 0.87–0.89, F1 ≈ 0.99, MAE@0.5 ≈ 0.5–1.7 бактерий, MRE@0.5 < 5 %. MedSAM2 характеризуется средними значениями метрик (при усреднении по всем типам промптов) и уступает базовым моделям SAM и SAM2. Медицинская адаптация MedSAM показала существенно худшие значения, что связано с ее ориентацией на крупные объекты КТ/МРТ. Текстовые и exemplar-промпты SAM3 оказались наименее эффективны на данном домене.

## Выводы

Полученные метрики демонстрируют, что модели SAM, SAM2, а также MedSAM2 являются наиболее подходящими для задачи сегментации микрококковых бактерий без дообучения. В частности, наилучшие результаты показывают модели SAM и SAM2 при использовании типа промпта bounding boxes.

Перспективным направлением является fine-tuning моделей SAM, SAM2 и MedSAM2 на микроскопических данных для улучшения распознавания мелких объектов, повышения устойчивости к шуму и артефактам на изображениях, снижения ошибок подсчета при высоких порогах IoU и улучшения качества сегментации для других типов промптов, помимо bounding boxes.

## Литература

1. Kirillov A., Mintun E., Ravi N. [и др.] Segment Anything // arXiv preprint arXiv:2304.02643. – 2023. – URL: <https://arxiv.org/abs/2304.02643> (дата обращения: 26.02.2026).
2. Spahn C., Gómez-de-Mariscal E., Laine R. F. [и др.] DeepBacs for multi-task bacterial image analysis using open-source deep learning approaches // Communications Biology. – 2022. – Vol. 5. – 688. – DOI: 10.1038/s42003-022-03634-z. – URL: <https://www.nature.com/articles/s42003-022-03634-z> (дата обращения: 26.02.2026).