

© Коллектив авторов, 2025

УДК. 57.08

П.Н. Филиппов¹, П.О. Бочков¹, К.П. Сучков¹, Н.С. Эргашева¹, Т.В. Нархова¹,
А.Г. Комаров¹, К.М. Лобастов²

АВТОМАТИЗИРОВАННАЯ ИДЕНТИФИКАЦИЯ МИКРООРГАНИЗМОВ, ОЦЕНКА ИХ СТЕПЕНИ РОСТА И ОПРЕДЕЛЕНИЕ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ТЕХНОЛОГИИ ИСКУССТВЕННОГО ИНТЕЛЛЕКТА

¹ Московский научно-практический центр лабораторных исследований Департамента
здравоохранения города Москвы, Москва, Россия

² Общество с ограниченной ответственностью "Третис", Москва, Россия

Цель. Разработать комплексную автоматизированную систему на основе искусственного интеллекта (ИИ) для ускоренной и точной идентификации микроорганизмов и определения антибиотикорезистентности на изображениях чашек Петри.

Материалы и методы. Система реализована на основе микросервисной архитектуры, включающей серверное хранилище (S3), микросервисы анализа изображений и информационную систему, а также использующую шину сообщений RabbitMQ (AMQP) и базу данных PostgreSQL. Для обработки изображений и анализа данных применялись нейросетевые модели, в частности, модифицированные архитектуры UNet с блоками ResNet (UNet-resnet101, UNet-resnet152, UNet-resnet50) для проведения сегментации, а также регрессионные нейронные сети для определения концентрации микроорганизмов и устойчивости к антибиотикам. Датасет для обучения включал 2932 чашки Петри. Разметка данных осуществлялась вручную экспертами с использованием инструментов CVAT и GIMP. Для выравнивания классов применялась аугментация данных (повороты, зеркальные отражения, коррекция яркости и контрастности). Система также интегрируется с лабораторной информационной системой LabForce.

Результаты. Точность детекции роста микроорганизмов достигла 98%, а средняя точность определения антибиотикорезистентности составила 90%. Скорость обработки одной чашки Петри значительно сократилась – с заявленных 5 минут до 30 секунд для полной системы (12.5 секунд для детекции бактерий и 20-35 секунд для анализа антибиотикорезистентности), что на 37.5% быстрее ручной обработки. Модель достигла 99% точности при идентификации антибиотиков, которые были протестированы/изучены в анализируемых образцах.

Заключение. Разработка и валидация комплексной автоматизированной системы анализа микробиологических исследований с использованием ИИ, подтвердили её высокую эффективность и практическую ценность. Внедрение системы сокращает ручной труд на ≥85% и увеличивает пропускную способность лабораторий, что способствует оптимизации процессов, повышению точности диагностики и снижению влияния человеческого фактора.

Ключевые слова: Искусственный интеллект, компьютерное зрение, антибиотикорезистентность, микробиологические исследования, автоматизация лабораторных процессов.

P.N. Filippov¹, P.O. Bochkov¹, K.P. Suchkov¹, N.S. Ergasheva¹, T.V. Narkhova¹,
A.G. Komarov¹, K.M. Lobastov²

AUTOMATED IDENTIFICATION OF MICROORGANISMS, ASSESSMENT OF THEIR GROWTH RATE, AND DETERMINATION OF ANTIBIOTIC RESISTANCE USING ARTIFICIAL INTELLIGENCE TECHNOLOGY

¹ Moscow Scientific and Practical Center for Laboratory Research, Moscow, Russia

² «Tretis» Limited Liability Company, Moscow, Russia

Objectives. The aim of this research study was to develop integrated automated platform leveraging artificial intelligence (AI) to perform rapid and precise identification and antibiotic resistance profiling of microorganisms through analysis of labeled Petri dish images.

Material and methods. The system was implemented on the basis of a microservice architecture, comprising server-side storage (S3), image analysis microservices, and an information management system, as well as using the RabbitMQ (AMQP) message bus and the PostgreSQL database. Image processing and analysis were performed using neural network models. Specifically, for segmentation modified UNet architectures integrated with ResNet blocks (UNet-ResNet50, UNet-ResNet101, UNet-ResNet152) were applied. As well, regression neural networks were used for quantification of microorganism concentration and assessment of antibiotic resistance. The initial dataset comprised 2,932 Petri dish images. Labeling of data was performed manually by experts using CVAT and GIMP analytical tools. To align classes and enhance model generalization data augmentation techniques (rotations, mirror reflections, brightness and contrast correction) were applied. As well, platform was integrated with the LabForce laboratory information system.

Results. According to obtained results the platform achieved a microorganism growth detection accuracy of 98%, with an average antibiotic resistance determination accuracy of 90%. The processing time per Petri dish was significantly reduced from the reported 5 minutes to approximately 30 seconds for the complete system (12.5 seconds for bacteria identification and 20-35 seconds for antibiotic resistance analysis), which is 37.5% faster than manual analysis. Notably, the model achieved an accuracy of 99% in identifying type of antibiotics that were tested in analyzed samples.

Conclusion. Development and validation of a comprehensive automated AI-based platform for analyzing microbiological data confirmed high efficiency and practical value. As a result, adoption of platform reduces manual labor by at least 85%, thereby optimizing laboratory throughput, ensure consistency, enhancing diagnostic accuracy and minimizing the influence of the human error.

Key words: Artificial intelligence, machine learning, microbiological research, antibiotic resistance, automation of laboratory processes.