

2
НОМЕР

БОИЦ

ISSN 2304-9081

ЭЛЕКТРОННЫЙ ЖУРНАЛ

<http://www.elmag.uran.ru>



БЮЛЛЕТЕНЬ

ОРЕНБУРГСКОГО НАУЧНОГО ЦЕНТРА УРО РАН



СТАЛИНГРАДСКАЯ БИТВА

2025

УЧРЕДИТЕЛЬ

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ НАУКИ
ОРЕНБУРГСКИЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ЦЕНТР
УРАЛЬСКОГО ОТДЕЛЕНИЯ РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК

© 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.

Введение

Современная микробиологическая диагностика сталкивается с комплексом вызовов, обусловленных постоянно возрастающими объемами исследований, которые в то же время должны обеспечивать как быструю и точную идентификацию микроорганизмов, так и параллельное определение их антибиотикорезистентности [1]. Традиционные методы анализа, базирующиеся преимущественно на ручной интерпретации результатов культивирования на чашках Петри, сопряжены с длительным временем обработки данных,

высокой вероятностью субъективных ошибок при интерпретации результатов и снижением качества анализа при увеличении загрузки лабораторий [2]. Данные ограничения существенно замедляют процесс принятия клинических решений, что является критически важным в контексте глобальной проблемы антибиотикорезистентности, требующей оперативной и точной диагностики для последующего назначения адекватной терапии [3].

Современным решением сформулированных проблем является внедрение роботизированных систем лабораторной автоматизации, включающих технологии компьютерного зрения и искусственного интеллекта (ИИ) [4], которые могут быть внедрены на любом из этапов диагностического процесса. Подобная комплексная автоматизация значительно повышает стандартизацию и эффективность, воспроизводимость и точность по сравнению с ручными методами.

Одним из ключевых преимуществ автоматизации является существенное увеличение пропускной способности лабораторий. Автоматизированные системы инокуляции способны обрабатывать от 140 до 400 чашек Петри в час. Это позволяет сократить время ручной обработки образцов: например, система Previ Isola [5] продемонстрировала экономию до 6 минут ручного труда на каждые 10 образцов, что эквивалентно экономии 1,25 восьмичасовых рабочих дней в пересчете на работу с 1000 культур. В целом, внедрение автоматизированных лабораторных систем приводит к существенному повышению продуктивности персонала на 18-92%.

Кроме того, модели ИИ не подвержены усталости, что дает возможность получать стабильно высокую производительность даже при обработке больших объемов данных, например, результатов анализа сотен и тысяч чашек Петри [6]. Также, помимо повышения эффективности, автоматизация процессов лаборатории значительно повышает безопасность персонала, минимизируя возможность прямого контакта с потенциально патогенными образцами. Учитывая сказанное, можно утверждать, что уже в среднесрочной перспективе внедрение роботизированных систем приводит к снижению эксплуатационных расходов и оптимизации использования ресурсов. [7].

Целью настоящего исследования явилась разработка комплексной автоматизированной системы на основе искусственного интеллекта (ИИ) для ускоренной и точной идентификации микроорганизмов и определения антибиотикорезистентности на изображениях чашек Петри.

Материалы и методы

Технологический стек. Для реализации системы использовались следующие технологии: C#/Angular для пользовательского интерфейса информационной системы, C# для сервис-хранилища API, PostgreSQL для базы данных, Python для микросервиса анализа, PyTorch/TensorFlow для нейросетевых моделей. Взаимодействие между компонентами осуществлялось посредством REST API, AMQP (RabbitMQ) и S3. Веб-сервис MicroAI, разработанный в ходе НИР, обеспечивает автоматизацию анализа микробиологических данных и управление процессами исследования антибиотикорезистентности.

Подготовка и разметка данных. Для обучения моделей был сформирован репрезентативный датасет, который включал 1144 чашки Петри. Эти образцы были отобраны из общего количества в 2932 собранных чашек. Датасет содержал как чистые монокультуры, так и смешанный рост в низких концентрациях, позволяющих четко выделить отдельные бактериальные культуры без взаимного наложения колоний. При формировании датасета основной акцент был сделан на наиболее часто встречающихся микроорганизмах, характерных для инфекций мочевыводящих путей и урогенитального тракта [8].

Таблица 1. Топ-5 наиболее часто встречающихся микроорганизмов по суммарной частоте выделения

Микроорганизм	Суммарная частота выделения (из 2932 собранных образцов)	Каким количеством образцов представлен в датасете антибиотикорезистентности
<i>Enterococcus</i> spp.	768	150
<i>Escherichia</i> spp.	701	475
<i>Staphylococcus</i> spp.	319	173
<i>Klebsiella</i> spp.	301	-
<i>Proteus</i> spp.	140	-

Разметка данных производилась вручную экспертами с использованием специализированных инструментов CVAT и GIMP, в процессе которой выделялись области роста бактерий (маски) и присваивались соответствующие классы (вид бактерий). Для увеличения разнообразия обучающих данных и выравнивания классов применялись методы аугментации данных, такие как повороты, зеркальные отражения изображений, а также коррекция яркости, контраста и насыщенности.

Анализ бактериального роста. Определение концентрации микроор-

ганизмов осуществлялось с помощью регрессионной нейронной сети с полносвязными слоями. Сигмоидная функция активации применялась к выходам первых двух скрытых слоев данной сети. Результаты обработки, включая подсчет количества колоний и сегментированные маски, сохранялись в S3-хранилище. После этого информационная система на основе штрих-кодов запрашивала данные пациента и исследования из Лабораторной информационной системы (ЛИС) LabForce. Полученные результаты автоматически заносились в лабораторную базу данных и предоставлялись пользователю через графический интерфейс.

Результаты и обсуждение

Разработана архитектура программно-аппаратного комплекса для автоматизированного проведения микробиологических исследований с использованием технологий искусственного интеллекта и машинного обучения. В ходе проведения данной работы были решены задачи детекции роста микроорганизмов и определения их возможной антибиотикорезистентности. Разработанное архитектурное решение представляет собой комплекс взаимодействующих компонентов, включающий серверное хранилище для обработки и хранения данных, микросервисы анализа изображений и лабораторную информационную систему (ЛИС), обеспечивающую общую интеграцию полученных данных в единое информационное пространство. Модульная структура решения позволяет обрабатывать изображения, детектировать диск антибиотика и определять его активность по отношению к растущей культуре. Разработанный веб-сервис MicroAI обеспечивает автоматизированный процесс анализа, включая загрузку и хранение изображений в S3, обработку данных с использованием нейросетевых моделей (Unet с ResNet-блоками), сегментацию и детекцию зон роста микроорганизмов, определение их чувствительности к антибиотикам, а также генерацию результатов с последующей интеграцией в ЛИС. Таким образом, система анализа микроорганизмов обеспечивает решение следующих основных задач: детекцию наличия/отсутствия роста микроорганизмов на чашке Петри и определение их антибиотикочувствительности.

Для обучения модели машинного обучения был использован датасет, сформированный на основе результатов микробиологических исследований монокультур с разными уровнями роста (концентрациями), а также смешанных культур с низкими концентрациями, в которых удавалось отдельно

идентифицировать и выделять микроорганизмы благодаря отсутствию перекрытия колоний. При отборе данных приоритет отдавался наиболее распространённым возбудителям, типичным для инфекций мочевыводящих путей и урогенитального тракта, с применением селективных питательных сред, включая среду Сабуро для выделения грибов рода *Candida*. Таким образом, был собран репрезентативный датасет, преимущественно из монокультур, выращенных на селективных средах, что позволило разработать точные модели, устанавливающие соответствия «вид микроорганизма – клинические признаки». Поскольку высокая доля смешанных культур усложняет задачу, основной упор был сделан на монокультуры, что повышает точность анализа и эффективность обучения моделей.

После первичной валидации из исходного массива были отобраны изображения чашек Петри, содержащие либо чистые монокультуры, либо смешанный бактериальный рост в низких концентрациях, при котором отдельные культуры можно было четко визуальнo разделить и идентифицировать. Таким образом, для обучения было сформировано 1144 чашки для последующей проверки модели на независимых наборах (валидационном и тестовом). Процесс разметки цифровых изображений включал ручную идентификацию и сегментацию бактериальных колоний с применением специализированных инструментов (CVAT и GIMP, рис. 1).

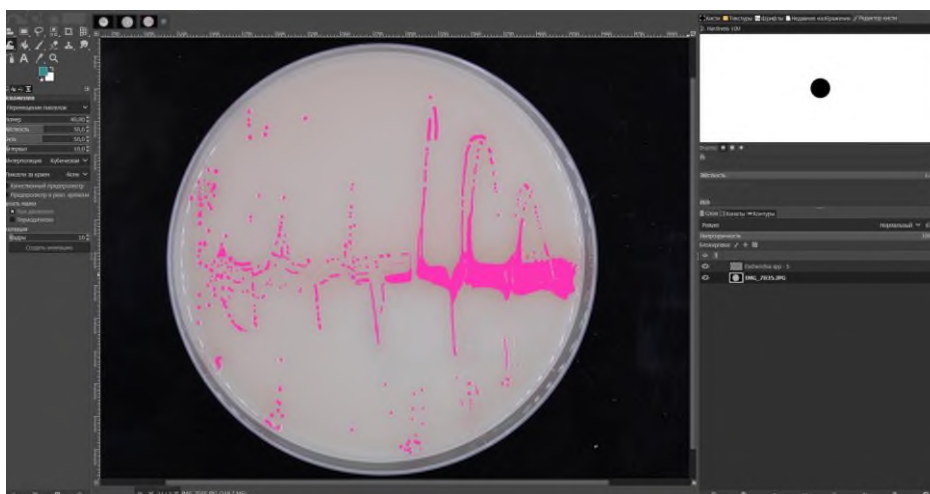


Рис. 1. Пример проведения процесса ручной разметки цифровых изображений чашки Петри для определения областей роста и таксономической принадлежности.

На каждом изображении проводилось выделение областей роста микроорганизмов (генерация масок) с присвоением соответствующих таксономических классов.

Процесс разметки изображений дисков с антибиотикорезистентностью также осуществлялся вручную, включая ряд дополнительных шагов. Так, каждому антибиотическому диску, расположенному на чашке Петри, присваивалась категория, фиксировалось название антибиотика и концентрация вещества, указанная на таблетке (рис. 2). Вокруг каждого антибиотического диска вручную обозначалась область подавления роста бактерий.

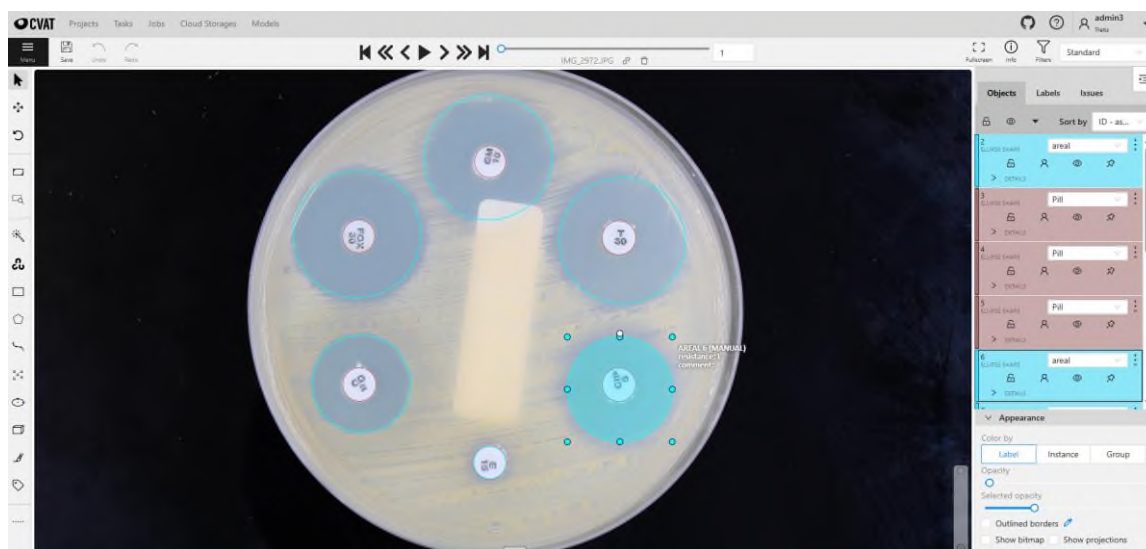


Рис. 2. Пример проведения процесса ручной разметки цифровых изображений чашки Петри для определения антибиотикорезистентности.

Для определения таксономической принадлежности и количественной оценки концентрации микроорганизмов были применены нейросетевые архитектуры U-Net и U-Net++. Различия в структурной организации, конфигурационных параметрах и условиях обучения данных архитектур обеспечивают эффективное решение задач сегментации микробных объектов. Количественная оценка концентрации проводилась посредством регрессионной нейронной сети, архитектура которой включает полносвязные слои и сигмоидальную функцию активации на выходном слое.

Модель ИИ для определения роста микроорганизмов на чашках Петри продемонстрировала общую точность на уровне 98%, в задаче регрессии для оценки концентрации микроорганизмов была зафиксирована среднеквадратичная ошибка (MSE) равная 1.3 и коэффициент детерминации (R^2) 1.33. Модель для определения антибиотикорезистентности достигла общей точности 96%. Эти результаты подтверждают высокую эффективность разработанных моделей искусственного интеллекта в области анализа микроорганизмов и оценки их антибиотикорезистентности.

Разработка данной автоматизированной системы также показала значи-

тельное ускорение проведение микробиологического анализа. Так, среднее время обработки одной чашки Петри составило 12,5 сек., в то время как ручная обработка занимает в среднем 20 сек., что на 37,5% медленнее предложенного автоматизированного решения. Вместе с тем, необходимо отметить, что время автоматизированной обработки зависит от концентрации бактерий: до 8 сек. для чашек без роста, до 12 сек. при концентрации 10^2 и до 20 сек. при концентрации 10^3 . При размещении сервера обработки изображений в локальной сети скорость может быть увеличена дополнительно на 25-30%. Также важно отметить, что модель, в отличие от человека, не подвержена усталости, что особенно критично при обработке больших объемов данных, где ее эффективность будет возрастать.

Таким образом, полученные результаты подтверждают пригодность разработанного решения для автоматизации процесса проведения исследований в микробиологической лаборатории, способствуя улучшению качества проводимых исследований и сокращению времени на принятие решений в клинической практике.

Заключение

Высокая пропускная способность лаборатории при использовании роботизированных систем автоматизации достигается за счет заметного сокращения времени выполнения исследований с одновременным повышением точности диагностики. Так, разработанная с применением компьютерного зрения и искусственного интеллекта технология при использовании для задач детекции бактерий позволяет сократить среднее время выдачи результата на 37,5% и провести анализ антибиотикорезистентности в два раза быстрее по сравнению с ручной обработкой данных. Если ручная обработка одной чашки Петри может занимать до 5 минут, то автоматизированные системы сокращают это время до 30 секунд. Их внедрение в лабораторную практику окупает инвестиции за 3 года исключительно за счет экономии трудозатрат.

При этом точность детекции роста микроорганизмов составила 98%, а средняя точность определения их антибиотикорезистентности – 90%. Разработанные ИИ-модели способны идентифицировать названия всех антибиотиков независимо от ориентации чашки и производителя, что превосходит ограничения специализированных приборов и обеспечивает универсальность решения.

Необходимо отметить, что разработанные решения обеспечивают бес-

шовную интеграцию с лабораторными информационными системами (ЛИС), например, LabForce, автоматизируя запись, хранение и валидацию результатов исследований, что, в свою очередь, значительно повышает надежность и просматриваемость получаемых данных, а также упрощает отчетность.

Таким образом, разрабатываемые для автоматизации микробиологической лаборатории решения с использованием компьютерного зрения и искусственного интеллекта, представляют значимый этап развития для диагностической практики. В то же время дальнейшее направление разработки автоматизированных систем необходимо направить на реализацию полного цикла автоматизации и широкого внедрения передовых технологий в практическую медицину.

(Работа выполнена за счет средств гранта Правительства Москвы №0703-1/23 «Разработка универсального алгоритма разметки оцифрованных изображений и разработка модуля искусственного интеллекта из разных источников»)

ЛИТЕРАТУРА

1. Шиловских О.В., Пономарев В.О., Казайкин В. и др. Современные технологии микробиологических исследований в офтальмологии. Часть 2. Фёдоровский журнал офтальмохирургии. 2023. Т. 2: 86-90.
2. Дмитриева Н.В., Агинова В.В., Петухова И.Н., Григорьевская З.В., Багирова Н.С. Автоматизация микробиологической лаборатории — путь к снижению летальности онкологических больных. Злокачественные опухоли. 2020. 10(3s1): 49-53.
3. Майстренко М.А., Якушева Е.Н., Титов Д.С. Анализ проблемы антибиотикорезистентности. Антибиотики и Химиотерапия. 2023. 68(5-6): 39-48.
4. Горохов О.Е., Казачук М.А., Лазухин И.С., Машечкин И.В., Панкратьева Л.Л., Попов И.С. Интеллектуальные технологии сегментации и классификации микробиологических фотоизображений. Вестник Московского университета. Серия 15. Вычислительная математика и кибернетика. 2023. № 4: 21-32.
5. Antonios K., Croxatto A., Culbreath K., Current State of Laboratory Automation in Clinical Microbiology Laboratory. Clinical Chemistry. 2022. 68 (1): 99-114. doi: 10.1093/clinchem/hvab242.
6. Baumkircher A., Seme K., Munih M., Mihelj M. Collaborative Robot Precision Task in Medical Microbiology Laboratory. Sensors. 2022. 22(8): 2862.
7. Vandenberg ODurand G., Hallin M., Diefenbach A., Gant V., Murray P., Kozlakidis Z., van Belkum A. Consolidation of Clinical Microbiology Laboratories and Introduction of Transformative Technologies. Clin Microbiol Rev. 2020. 33: doi: 10.1128/cmr.00057-19.
8. Patel, Parul & Droske, Lauren & Patel, Jignesh & Barza, Ruby & Lindgren, Rebecca & McElvania, Erin.. 2152. Detection of Uropathogens Using BD Kiestra™ Total Laboratory Automation with Urine Culture Application. Open Forum Infectious Diseases. 2019. 6: S730-S730. doi: 10.1093/ofid/ofz360.1832.

Поступила 24 января 2025 г.

(Контактная информация: Бочков Павел Олегович – заместитель директора по научной работе ГБУЗ "МНПЦЛИ ДЗМ"; адрес: 117209, г. Москва, ул. Болотниковская, д. 53, к. 1; E-mail: BochkovPO@dcli.ru)

REFERENCES

1. Shilovskikh O.V., Ponomarev V. O., Kazaikin V., Kulikov A., Demchenko N. S., Tkachenko K. A., Beikin Y. B., Rozanova S., Kyrf M. Modern technologies of microbiological research in ophthalmology. Part 2 // Fyodorov Journal of Ophthalmic Surgery. 2023. Vol. 2. pp. 86-90.
2. Automation of microbiological laboratories as a pathway to reducing mortality in cancer patients. Malignant tumours. 2020;10(3s1):49–53. (In Russ.)
3. Maistrenko M.A., Yakusheva E.N., Titov D.S. Analysis of The Antibiotic Resistance Problem. Antibiot Khimioter = Antibiotics and Chemotherapy. 2023. 68(5-6): 39-48. (In Russ.)
4. Gorokhov O.E., Kazachuk M.A., Lazukhin I.S., Mashechkin I.V., Pankratyeva L.L., Popov I.S. (2023). *Intelligent technologies for segmentation and classification of microbiological photoimages*. Bulletin of Moscow University. Series 15: Computational Mathematics and Cybernetics, (4), 21-32. (In Russ.)
5. Antonios K., Croxatto A., Culbreath K., Current State of Laboratory Automation in Clinical Microbiology Laboratory. *Clinical Chemistry*. 2022. 68 (1): 99-114. doi: 10.1093/clinchem/hvab242.
6. Baumkircher A., Seme K., Munih M., Mihelj M. Collaborative Robot Precision Task in Medical Microbiology Laboratory. *Sensors*. 2022. 22(8): 2862.
7. Vandenberg ODurand G., Hallin M., Diefenbach A., Gant V., Murray P., Kozlakidis Z., van Belkum A. Consolidation of Clinical Microbiology Laboratories and Introduction of Transformative Technologies. *Clin Microbiol Rev*. 2020. 33: doi: 10.1128/cmr.00057-19.
8. Patel, Parul & Droske, Lauren & Patel, Jignesh & Barza, Ruby & Lindgren, Rebecca & McElvania, Erin.. 2152. Detection of Uropathogens Using BD Kiestra™ Total Laboratory Automation with Urine Culture Application. *Open Forum Infectious Diseases*. 2019. 6: S730-S730. doi: 10.1093/ofid/ofz360.1832.

Образец ссылки на статью:

Филиппов П.Н., Бочков П.О., Сучков К.П., Эргашева Н.С., Нархова Т.В., Комаров А.Г., Лобастов К.М. Автоматизированная идентификация микроорганизмов, оценка их степени роста и определение антибиотикорезистентности с использованием технологии искусственного интеллекта. Бюллетень Оренбургского научного центра УрО РАН. 2025. 2: 10с. [Электр. ресурс] (URL: <http://elmag.uran.ru:9673/magazine/Numbers/2025-2/Articles/FPN-2025-2.pdf>). DOI: 10.24411/2304-9081-2025-12001.

..