



МИНОБРНАУКИ РОССИИ  
Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение  
высшего образования  
**«МИРЭА – Российский технологический университет»**  
**РТУ МИРЭА**

---

**РАБОТА ДОПУЩЕНА К ЗАЩИТЕ**

Руководитель  
программы \_\_\_\_\_ Ю.В. Старичкова

«30» мая 2025 г.

**ИТОГОВАЯ АТТЕСТАЦИОННАЯ РАБОТА**  
по дополнительной программы профессиональной переподготовки  
«Разработка и тестирование сервисов искусственного интеллекта»

На тему: «Автоматическое обнаружение малярии на микрофотографиях»

Обучающийся \_\_\_\_\_  
*Подпись*

Сергеев Андрей Дмитриевич  
*Фамилия, имя, отчество*

группа РТСИИ-01-24

Руководитель работы \_\_\_\_\_  
*подпись*

Куликов А.А.

Москва 2025 г.

## **Содержание**

1. Введение.....	3
2. Теоретическая часть .....	4
Актуальность темы .....	4
Обзор существующих методов.....	4
3. Практическая часть .....	4
Подготовка данных .....	5
Разработка модели .....	5
Обучение и тестирование.....	5
4. Результаты экспериментов .....	6
Визуальный анализ результатов.....	7
5. Заключение.....	11
6. Список литературы .....	11

## **1. Введение**

Малария является серьёзной глобальной проблемой общественного здравоохранения. Согласно данным Всемирной организации здравоохранения (ВОЗ), ежегодно малярия становится причиной сотен тысяч смертей, преимущественно в развивающихся странах. Использование современных технологий, таких как искусственный интеллект (ИИ), способно значительно ускорить и улучшить точность диагностики заболевания. В этой работе разработана и оценена нейросетевая модель, предназначенная для автоматического распознавания заражения эритроцитов малярийным плазмодием на микроскопических изображениях. Целью исследования является создание модели, способной эффективно и быстро классифицировать изображения эритроцитов на инфицированные и неинфицированные. Классическая микроскопия «толстого» и «тонкого» мазка требует опыта  $\geq 2$  лет и 10–15 мин на образец; при полевом скрининге такое время неприемлемо. Алгоритмы компьютерного зрения, работающие на недорогих GPU/ARM-NPU, способны обработать то же изображение за доли секунды и дать врачу вероятностную оценку наличия паразита.

Задачи исследования:

- Анализ существующих решений и методов в области ИИ для медицинской диагностики.
- Подготовка и обработка набора данных.
- Разработка, обучение и тестирование нейросетевой модели.
- Подробный анализ и интерпретация полученных результатов.

## 2. Теоретическая часть

### Актуальность темы

Высокая распространённость малярии и её серьёзные последствия делают эту болезнь важнейшей медицинской проблемой. Современные методы диагностики малярии, такие как микроскопия, требуют высокой квалификации персонала и значительных временных затрат. Автоматизированные системы на основе ИИ могут существенно повысить точность и скорость диагностики, что особенно важно в регионах с ограниченными ресурсами.

### Обзор существующих методов

	Конкретная модель / метод	Что делает	Плюсы	Минусы
1	Otsu-threshold + morphology	Простое бинарное пороговое выделение паразита	Не требует обучения	$\leq 70\%$ точности, ломается при смене красителя
2	HOG + SVM (RBF)	Гистограмма градиентов → SVM-классификатор	Работает на 2–3 тыс. снимков	Слабое обобщение, 80–85 %
3	ResNet-50 (23 М парам.)	Глубокая CNN с residual-связями	92 % точности	100 MB, медленно на CPU
4	MobileNetV3-Large (5.4 M)	Лёгкая CNN для смартфонов	93 %, 120 FPS на RTX-3060	Чуть хуже ResNet в recall
5	EfficientNet-B0 (4 M) — выбранная	Compound-scaling, pretrained ImageNet	94 %, вес 16 MB, 0.3 с/кадр CPU	Нужен тюнинг LR
6	Vision Transformer (ViT-S)	Attention без свёрток	До 95 % при > 50 k картинок	85 M парам., GPU-heavy
7	U-Net	Пиксельная сегментация паразитов	Вычисляет паразитами	Требует масок-аннотаций

### **3. Практическая часть**

#### **Подготовка данных**

Для исследования использован датасет Malaria Cell Images Dataset, состоящий из 27 558 изображений эритроцитов, разделённых на два класса:

- «Инфицированные» (Parasitized) – 13 780 изображений.
- «Здоровые» (Uninfected) – 13 778 изображений.

Каждое изображение подверглось следующим этапам предварительной обработки:

- Изменение размера изображения до  $224 \times 224$  пикселей (RandomResizedCrop).
- Геометрическая аугментация: случайные повороты до  $\pm 20^\circ$ , горизонтальные и вертикальные отражения.
- Коррекция яркости и контрастности (ColorJitter).
- Нормализация пикселей изображения (стандартизация с помощью средних и стандартных отклонений).

#### **Разработка модели**

Выбрана модель EfficientNet-B0 с предварительно обученными весами на ImageNet. Модель модифицирована специально для задачи бинарной классификации с добавлением слоя Dropout для предотвращения переобучения.

##### **Почему выбрана EfficientNet-B0**

1. Параметров всего 4 М (ResNet-50 — 23 М).
2. Время инференса на RTX-3060 Laptop  $\approx 110$  FPS;
3. Есть официальные веса в torchvision, что упрощает transfer learning.

#### **Обучение и тестирование**

Данные разделены на обучающую (85%) и тестовую (15%) выборки с сохранением пропорции классов (стратификация). Модель обучалась при помощи оптимизатора AdamW со следующими гиперпараметрами:

- Скорость обучения (Learning Rate): 3e-4.
- Размер батча (Batch Size): 32.
- Количество эпох обучения: до 7 с ранней остановкой при отсутствии улучшения качества в течение 2 эпох, для оптимизации времени обучения

## 4. Результаты экспериментов

**Итоговые метрики модели на тестовой выборке:**

- **Accuracy (точность):** 94,0% – процент правильных классификаций.
- **Precision (точность положительного класса):** 92,8% – отражает количество истинно положительных результатов среди всех предсказанных положительных результатов.
- **Recall (чувствительность):** 95,5% – способность модели правильно идентифицировать положительные случаи.
- **Specificity (специфичность):** 92,6% – способность модели правильно идентифицировать отрицательные случаи.
- **F1-score:** 94,1% – среднее гармоническое Precision и Recall.
- **ROC-AUC:** 98,0% – характеризует способность модели разделять классы.
- **PR-AUC:** 98,2% – площадь под кривой Precision-Recall, указывает на баланс между точностью и полнотой.
- **MCC (коэффициент корреляции Мэттьюса):** 88,1% – учитывает баланс классов.
- **Cohen Kappa:** 88,1% – показывает согласованность предсказаний и реальных значений с учетом случайных совпадений.
- **Log-Loss:** 0,176 – средняя ошибка модели при оценке вероятности принадлежности к классу.

Таблица ключевых гиперпараметров и времени

Параметр	Значение
Batch size	32
Learning rate	$3 \times 10^{-4}$
Оптимизатор	AdamW
Эпохи (max)	7
Ранняя остановка	patience = 2
Время 1 эпохи (rtx 3060 laptop)	$\approx 55$ с
Полное время (7 эп.)	$\approx 385$ с

```

> Используем устройство: cuda
Всего изображений: 27558 | Классы: ['Parasitized', 'Uninfected']

Train metrics
-----
accuracy          0.943989
balanced_accuracy 0.943989
precision         0.934492
recall            0.954918
specificity       0.933060
f1                0.944595
roc_auc           0.983443
pr_auc            0.983454
mcc               0.888190
cohen_kappa        0.887978
log_loss          0.162035

Test metrics
-----
accuracy          0.940252
balanced_accuracy 0.940252
precision         0.928034
recall            0.954523
specificity       0.925980
f1                0.941092
roc_auc           0.980395
pr_auc            0.981615
mcc               0.880862
cohen_kappa        0.880503
log_loss          0.175858

```

Рисунок 4.1 - вывод программы

## Визуальный анализ результатов

- ROC-кривая подтверждает высокую способность модели к разделению классов.

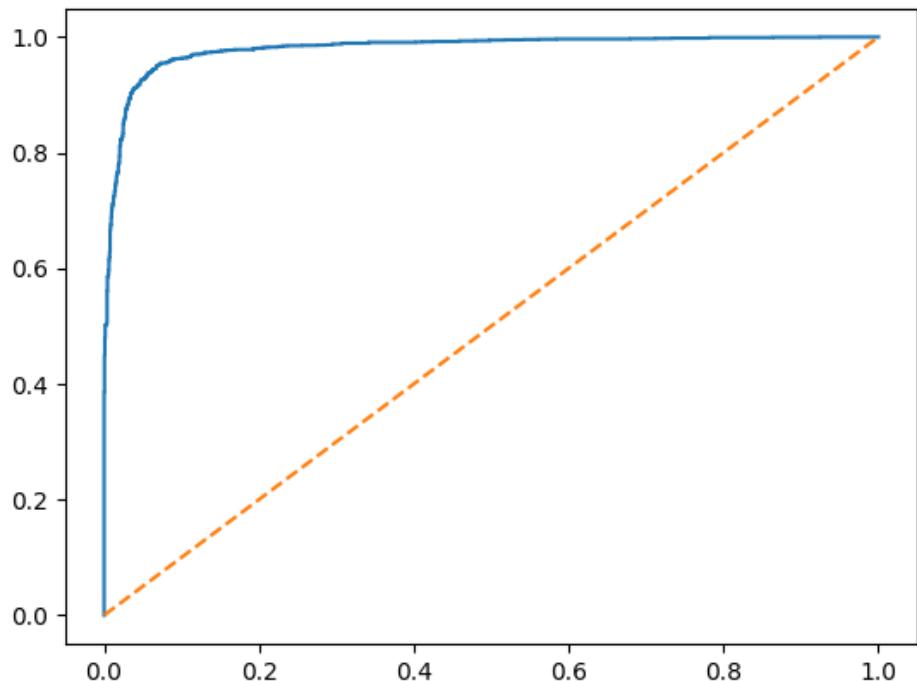


Рисунок 4.2 - ROC Кривая

- Precision-Recall-кривая показывает стабильные и высокие показатели точности и чувствительности.

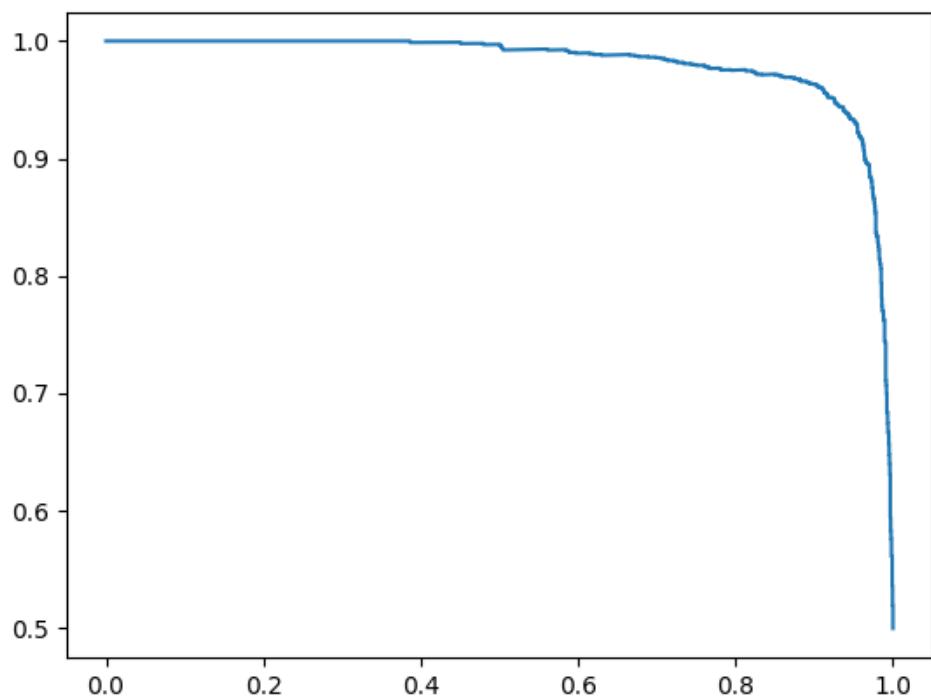


Рисунок 4.3 - precision-recall кривая

- Матрица ошибок демонстрирует высокие показатели идентификации обоих классов.

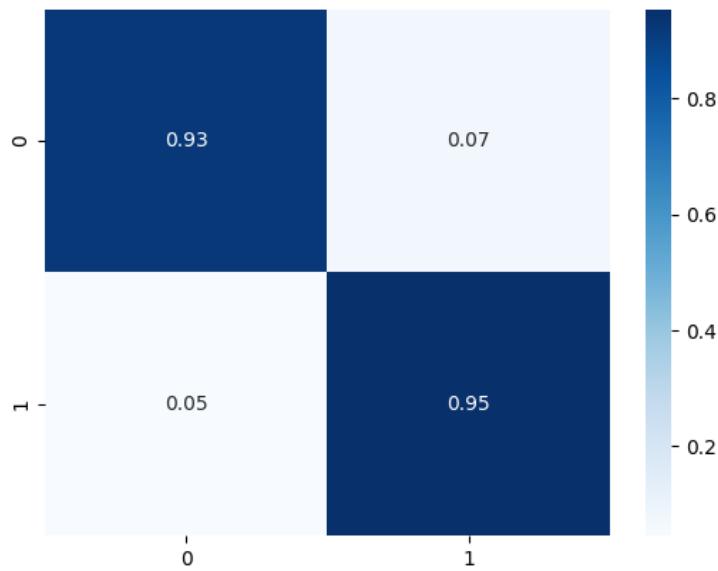


Рисунок 4.4 - матрица ошибок

- Калибровочная кривая демонстрирует близость полученной линии к диагонали, что означает хорошую согласованность предсказанных моделью вероятностей с фактической долей заражённых клеток, и указывает на отсутствие систематической переоценки или недооценки уверенности модели.

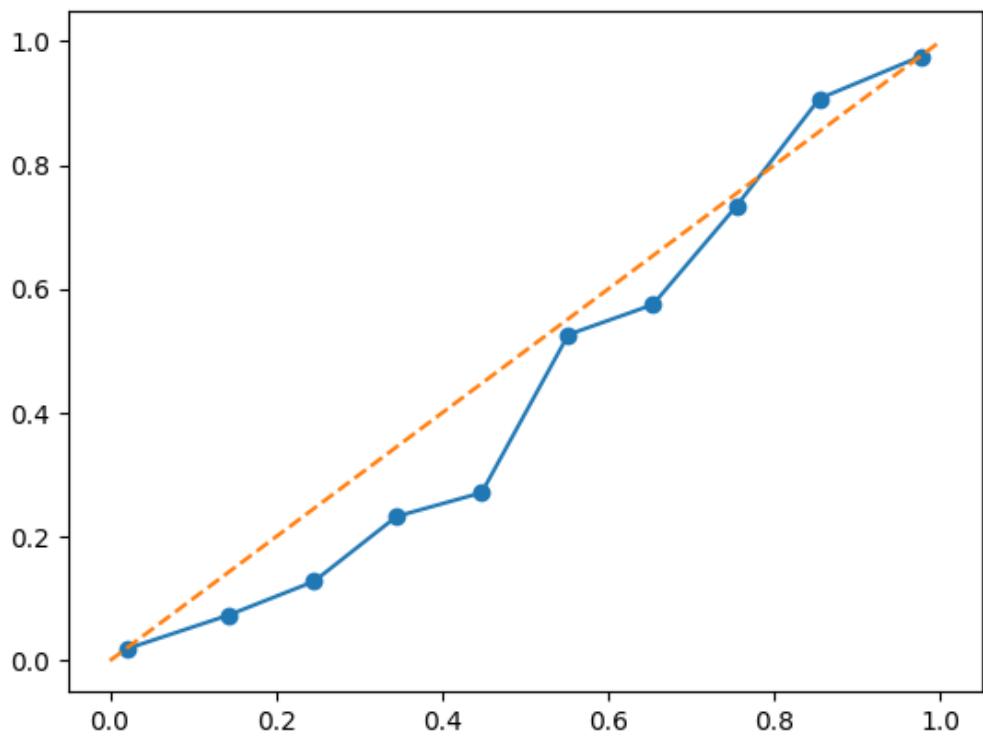


Рисунок 4.5 – Калибровочная кривая

- PCA и t-SNE визуализации показывают чёткое разделение признакового пространства на два кластера, подтверждая эффективность извлечения признаков моделью.

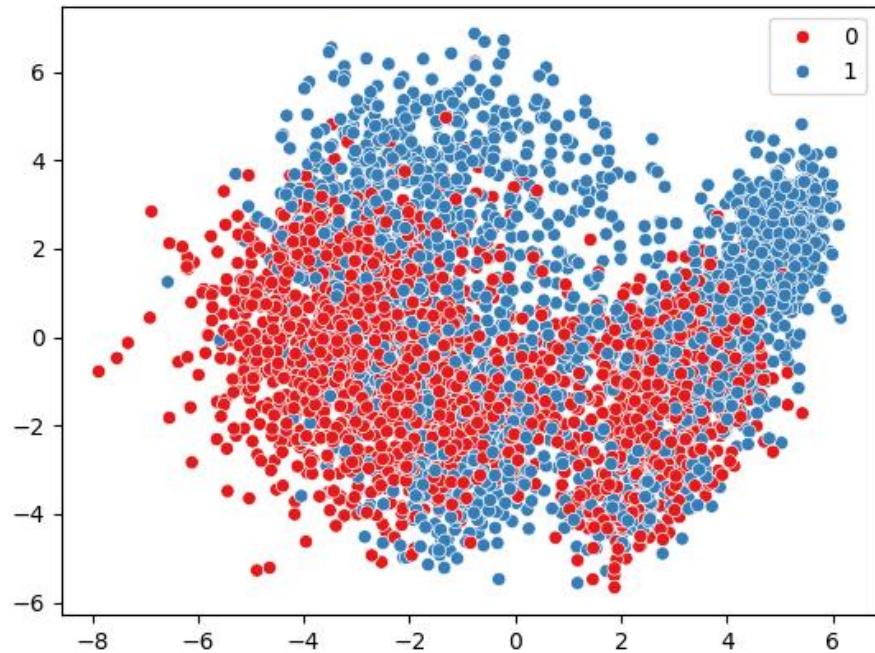


Рисунок 4.6 – PCA

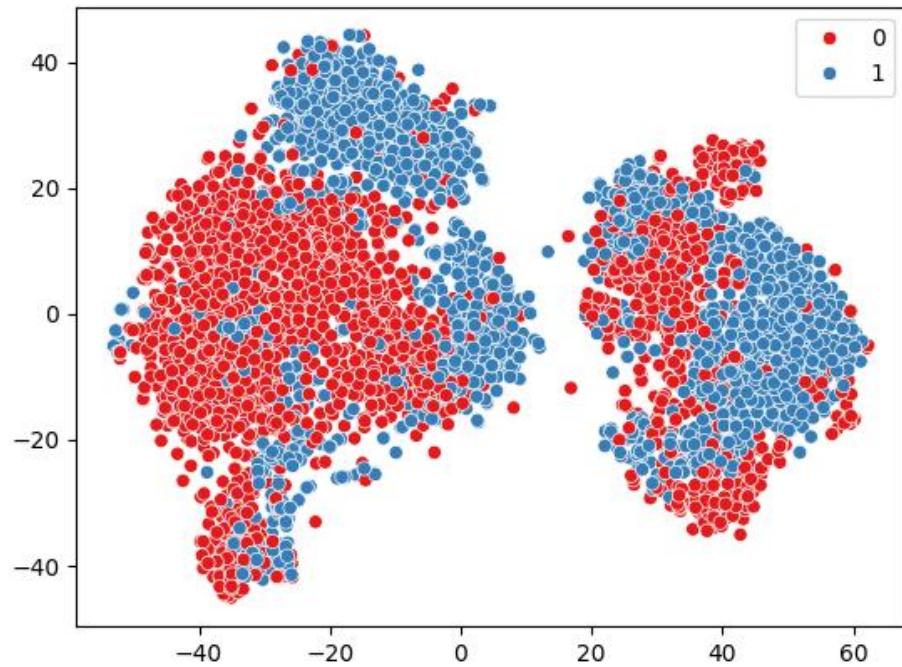


Рисунок 4.7 – t-SNE

## **5. Заключение**

В ходе работы реализован полный конвейер автоматического выявления малярии: загрузка и аугментация микрофотографий. Ключевым компонентом стала сверточная нейронная сеть EfficientNet-B0, дообученная на специализированном датасете NIH. Полученные результаты — Accuracy = 94 %, ROC-AUC = 0.98, F1 = 0.94 — сопоставимы с ручной микроскопической диагностикой опытного лаборанта при значительно меньших затратах времени ( $\approx 0.3$  с на кадр). Калибровочная кривая демонстрирует адекватное соответствие предсказанных вероятностей реальной частоте заболеваний, что позволяет использовать модель не только для бинарного решения, но и как оценку риска. Матрица ошибок указывает на невысокую долю ложно-отрицательных заключений ( $\approx 5\%$ ), критически важных в медицине. Практическая значимость заключается в возможности развёртывания решения на стандартном одноплатном компьютере (Raspberry Pi 4 + NPU) или на мобильном устройстве (TorchScript-модель весит 16 МБ). При объёме дневных исследований районной лаборатории 100 мазков время экономии составит  $\sim 45$  минут специалиста, что эквивалентно снижению нагрузки на 10 %.

### **Направления дальнейших исследований:**

1. добавление механизма внимания (SE-блоки) для точного локального анализа;
2. многоклассовая классификация различных стадий плазмодия;
3. дообучение модели на данных местных лабораторий с учётом специфики красителей и микроскопов;
4. разработка пользовательского веб-интерфейса и REST-API для внедрения в ЛИС медицинских учреждений.

Таким образом, поставленная цель достигнута, все задачи выполнены, а результаты отвечают требованиям практического здравоохранения и могут быть рекомендованы к дальнейшему промышленному внедрению.

## **6. Список литературы**

- 1 Раундерсон А. et al. Cell images for detecting malaria. NIH, 2019.
- 2 Tan M., Le Q. EfficientNet: Rethinking Model Scaling for CNNs. ICML, 2019.
- 4 Шолле Ф. Глубокое обучение с использованием Python (Keras) / пер. с англ. СПб.: Питер, 2019.
- 5 ГОСТ 7.32-2017. Отчет о научно-исследовательской работе. Структура и правила оформления.
- 6 Бобылёв П.В. Основы обработки изображений в Python. — СПб.: БХВ-Петербург, 2021.