
МЕТОДИ ТА СИСТЕМИ ОПТИКО-ЕЛЕКТРОННОЇ І ЦИФРОВОЇ ОБРОБКИ ЗОБРАЖЕНЬ ТА СИГНАЛІВ

УДК [004.8]

Ю.В. САМОХІН, О.Г. АВРУНІН

АВТОМАТИЗАЦІЯ ПОВНОГО ЦИКЛУ ОБРОБКИ КРІОМІКРОСКОПІЧНИХ ЗОБРАЖЕНЬ: ВІД ЗБОРУ ДО АНАЛІТИКИ

*Kharkiv National University of Radio Electronics, Kharkiv, Ukraine, e-mail: yurii.samokhin@nure.ua,
oleh.avrunin@nure.ua*

Анотація. У статті розглядається процес автоматизації повного циклу обробки кріомікроскопічних зображень з використанням сучасних хмарних технологій, інструментів для анотації, штучного інтелекту та інтеграції з платформами для наукової аналітики. Описано pipeline, що включає етапи збору даних, їх зберігання за допомогою хмарного сховища MinIO, анотації зображень за допомогою CVAT, застосування моделей штучного інтелекту для інференсу та візуалізацію результатів. Особливу увагу приділяється інтеграції з Jupyter для наукового аналізу та Docker для забезпечення масштабованості й репродукованості всього процесу. Висвітлюються переваги автоматизації, що забезпечують зручність, масштабованість, надійність та можливість повторного використання результатів у наукових дослідженнях, що значно підвищує ефективність і точність аналізу кріомікроскопічних зображень..

Ключові слова: кріомікроскопічні зображення, автоматизація, pipeline, MinIO, CVAT, анотація, штучний інтелект, інференс, візуалізація результатів, Jupyter, Docker, хмарне зберігання, наукова аналітика, репродукованість, обробка зображень, дані, масштабованість, інструменти для анотації, моделі машинного навчання.

Abstract. The article discusses the process of automating the full cycle of cryo-microscopic image processing using modern cloud technologies, annotation tools, artificial intelligence, and integration with platforms for scientific analytics. It describes a pipeline that includes stages such as data collection, storage using the MinIO cloud storage, image annotation with CVAT, the application of artificial intelligence models for inference, and result visualization. Special attention is given to the integration with Jupyter for scientific analysis and Docker to ensure scalability and reproducibility of the entire process. The advantages of automation are highlighted, providing convenience, scalability, reliability, and the ability to reuse results in scientific research, significantly enhancing the efficiency and accuracy of cryo-microscopic image analysis..

Keywords: cryo-microscopic images, automation, pipeline, MinIO, CVAT, annotation, artificial intelligence, inference, result visualization, Jupyter, Docker, cloud storage, scientific analytics, reproducibility, image processing, data, scalability, annotation tools, machine learning models.

DOI: 10.31649/1681-7893-2025-49-1-20-28

I. ВСТУП

Кріомікроскопія як метод візуалізації біологічних об'єктів на нанорівні набула широкого поширення в біомедичних дослідженнях завдяки здатності відтворювати надзвичайно деталізовану структуру клітин, білків та органел. Проте сучасні експерименти з використанням кріоелектронної мікроскопії (Cryo-EM) генерують величезні обсяги зображень, які вимагають не лише значних обчислювальних ресурсів, а й ефективних методів зберігання, розмітки та подальшого аналізу цих даних[1]. Дослідники все частіше стикаються з проблемами, пов'язаними з організацією зберігання великомасштабних датасетів, забезпеченням якості анотацій та автоматизацією рутинних процесів аналізу.

МЕТОДИ ТА СИСТЕМИ ОПТИКО-ЕЛЕКТРОННОЇ І ЦИФРОВОЇ ОБРОБКИ ЗОБРАЖЕНЬ ТА СИГНАЛІВ

Традиційний підхід, що передбачає ручну розмітку зображень та їхню локальну обробку, є надзвичайно трудомістким, погано масштабується і ускладнює повторне використання результатів. Крім того, за відсутності уніфікованої інфраструктури значно зростає ризик втрати даних, появи помилок під час розмітки, а також неможливість відтворити результати в інших умовах або на іншому обладнанні.

У зв'язку з цим виникає потреба в цілісному та автоматизованому рішенні, що охоплює повний цикл обробки кріомікроскопічних зображень: від збору та зберігання до запуску моделей штучного інтелекту для аналізу та подальшої візуалізації результатів[2]. У цій роботі розглянуто архітектуру такого pipeline, у якому зберігання реалізовано через розподілене хмарне сховище MinIO, анотацію — за допомогою системи CVAT, інференс — із використанням моделей машинного навчання, а аналітику — у середовищі Jupyter з використанням Docker для забезпечення модульності, масштабованості та відтворюваності.

Подібна система дозволяє створити автоматизоване, масштабоване й надійне середовище для наукової роботи з кріомікроскопічними зображеннями, суттєво підвищуючи ефективність процесів, зменшуючи вплив людського чинника, забезпечуючи гнучкість в обробці даних та покращуючи загальну якість і достовірність результатів досліджень[3].

II. ОГЛЯД ЛІТЕРАТУРНИХ ДЖЕРЕЛ

У сучасних дослідженнях все більше уваги приділяється автоматизації обробки кріомікроскопічних зображень, оскільки цей напрям відіграє ключову роль у розвитку структурної біології, біомедицини та фармакології. Повний цикл обробки таких зображень охоплює етапи збору, зберігання, розмітки, аналітики та візуалізації, і для кожного з них активно впроваджуються інноваційні технології, спрямовані на підвищення ефективності та точності.

Особливої актуальності набуває питання організації надійного, масштабованого й зручного зберігання великої кількості високоякісних зображень. У цьому контексті розподілені хмарні сховища, які сумісні з сучасними інструментами аналізу, дозволяють ефективно керувати даними, забезпечують резервне копіювання, доступ з різних пристроїв та підтримку паралельної обробки[4].

Для розмітки зображень все ширше використовуються спеціалізовані вебінтерфейси, які дозволяють проводити ручну та напівавтоматичну анотацію, працювати з багатьма форматами зображень та адаптувати процес до різних типів задач — наприклад, виявлення об'єктів чи сегментація клітин. Такі інструменти також забезпечують інтеграцію з хмарними сервісами зберігання даних, що дає змогу автоматизувати весь процес без потреби в ручному копіюванні файлів чи дублюванні структур.

Методи штучного інтелекту, зокрема згорткові нейронні мережі, активно застосовуються для подальшої обробки кріомікроскопічних зображень. Вони дозволяють автоматично виділяти об'єкти, визначати їх межі, класифікувати клітини та формувати аналітичні звіти. Попередня якісна анотація забезпечує високу точність таких моделей і зменшує кількість помилок під час інференсу.

Інтеграція з інструментами для наукового аналізу — зокрема інтерактивними середовищами типу Jupyter — дозволяє не лише обробляти зображення, а й будувати графіки, статистичні моделі та інтерактивні звіти[5]. Використання контейнеризації (наприклад, Docker) дає змогу легко відтворювати середовище, в якому виконуються обчислення, а також масштабувати систему для роботи з великим обсягом даних або при розгортанні в хмарі.

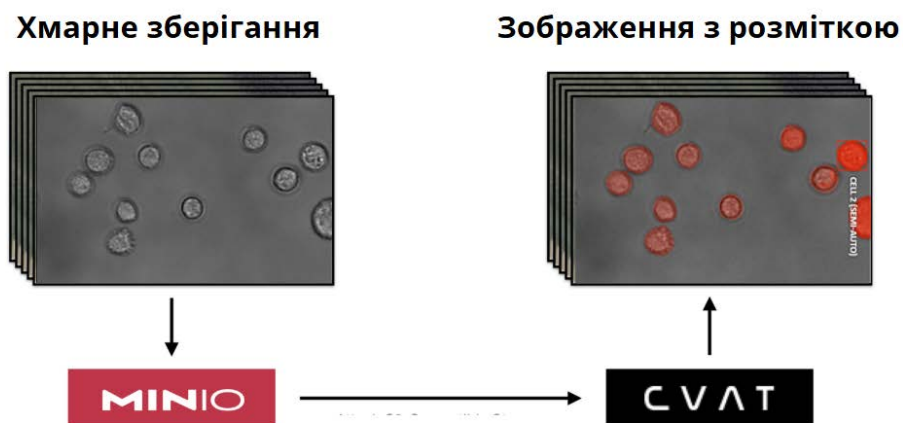


Рисунок 1 – Схема роботи MinIO та CVAT

МЕТОДИ ТА СИСТЕМИ ОПТИКО-ЕЛЕКТРОННОЇ І ЦИФРОВОЇ ОБРОБКИ ЗОБРАЖЕНЬ ТА СИГНАЛІВ

Загалом, комплексна система, яка об'єднує всі ці елементи — хмарне зберігання, розмітку, інференс, аналітику та візуалізацію — дозволяє створити повністю автоматизований, відтворюваний і масштабований пайплайн для роботи з криомікроскопічними зображеннями рис. 1 [6]. Це відкриває нові можливості для прискорення наукових досліджень, забезпечення точності аналізу та повторного використання даних у міждисциплінарних проєктах.

III. РЕЗУЛЬТАТИ ДОСЛІДЖЕНЬ ТА ОБГОВОРЕННЯ

У цьому розділі представлені результати досліджень щодо автоматизації повного циклу обробки криомікроскопічних зображень, включаючи збір даних, їх зберігання з використанням MinIO, анотацію за допомогою CVAT, застосування моделей штучного інтелекту для інференсу та візуалізацію результатів[7]. Особлива увага приділена інтеграції з Jupyter для наукового аналізу та Docker для забезпечення масштабованості та відтворюваності процесу.

1. Підготовка та анотація зображень

Збір даних: Криомікроскопічні зображення були зібрані з різних джерел, включаючи лабораторні дослідження та загальнодоступні бази даних. Використання MinIO забезпечило централізоване та надійне зберігання великих обсягів даних, що спростило доступ та управління ними.

Анотація зображень: Для точного виділення клітинних структур використовувався інструмент CVAT (Computer Vision Annotation Tool). Процес анотації включав ручне або напівавтоматичне позначення областей інтересу на зображеннях, що є критично важливим для навчання моделей штучного інтелекту[8].

2. Навчання та інференс моделей штучного інтелекту

Підготовка даних для навчання: Розмічені зображення були підготовлені для навчання моделей глибокого навчання. Цей етап включав нормалізацію пікселів та аугментацію даних (обертання, масштабування, відображення) для підвищення здатності моделі до узагальнення.

Розробка та навчання моделей: Були розроблені архітектури згорткових нейронних мереж (CNN), включаючи U-Net та Mask R-CNN, які зарекомендували себе в задачах сегментації зображень. Моделі навчалися на розмічених даних з використанням бібліотек TensorFlow та PyTorch[9]. Для оцінки якості моделей використовувалися метрики, такі як точність (accuracy), коефіцієнт Жаккара та Dice коефіцієнт. Коефіцієнт Жаккара приклад на роботи можна подивитися на рис.2.:

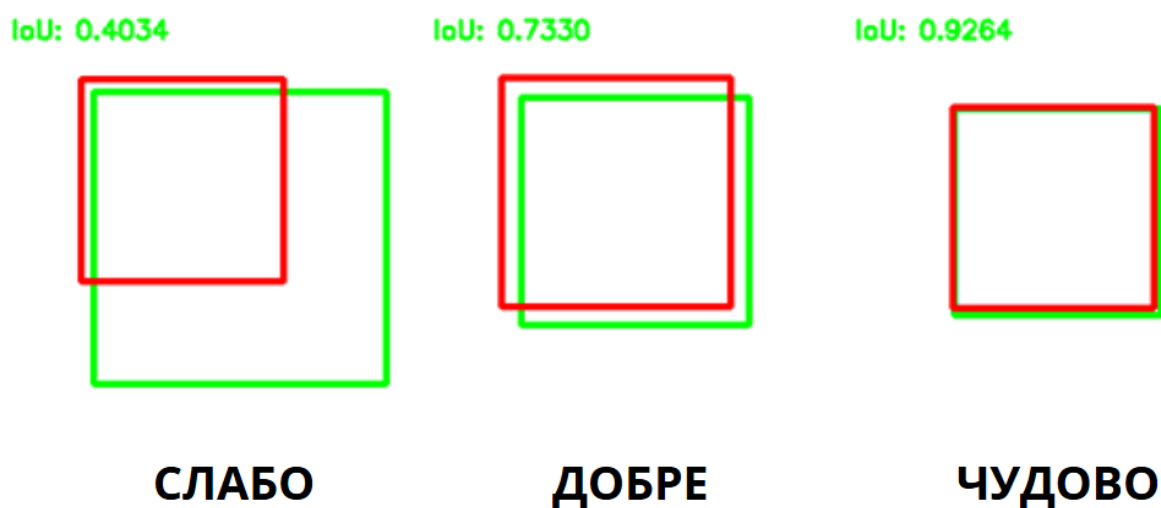


Рисунок 2 – Приклад коефіцієнта Жаккара

Для навчання моделей використовувалася функція бінарної крос-ентропії, яка визначається наступним чином:

$$IoU = \frac{TP}{TP+FP+FN} \quad (1)$$

МЕТОДИ ТА СИСТЕМИ ОПТИКО-ЕЛЕКТРОННОЇ І ЦИФРОВОЇ ОБРОБКИ ЗОБРАЖЕНЬ ТА СИГНАЛІВ

де TP — кількість істинно позитивних передбачень;

FP — кількість хибно позитивних передбачень;

FN — кількість хибно негативних передбачень.

Дісе коефіцієнт результатів:

$$F1 = \frac{2*TP}{2*TP+FP+FN} \quad (2)$$

Ця метрика особливо корисна при оцінці якості сегментації, оскільки враховує як повноту, так і точність передбачень.

Функція втрат результатів:

$$L = -\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n [y_i * \log(\hat{y}_i) + (1 - y_i) * \log(1 - \hat{y}_i)] \quad (3)$$

де N — кількість пікселів;

y_i - істинне значення пікселя i (0 або 1);

$\hat{y}_i$ - передбачене значення для пікселя i .

Ця функція втрат вимірює різницю між передбаченими ймовірностями та фактичними бінарними мітками для кожного пікселя.

Інференс: Після навчання моделі застосовувалися для автоматичної сегментації нових криомікроскопічних зображень. Результати інференсу порівнювалися з ручними анотаціями для оцінки точності та надійності моделей[10].

3. Візуалізація та аналіз результатів у Jupyter

Інтерактивний аналіз: Інтеграція з Jupyter Notebook дозволила дослідникам інтерактивно аналізувати результати інференсу. Було реалізовано відображення оригінальних зображень разом із сегментованими областями, побудова гістограм інтенсивності пікселів, теплових карт для візуалізації впевненості моделі та інших видів графіків.

Статистичний аналіз: У Jupyter проводився статистичний аналіз, включаючи обчислення середнього розміру клітин, їх щільності, а також виявлення аномальних патернів, які могли вказувати на помилки в анотації або інференсі [11].

4. Забезпечення масштабованості та відтворюваності за допомогою Docker

Контейнеризація: Усі компоненти системи, включаючи MinIO, CVAT, навчені моделі та скрипти для інференсу, були упаковані в Docker-контейнери. Це забезпечило ізоляцію середовищ, спростило процес розгортання та оновлення компонентів, а також дозволило легко масштабувати систему відповідно до обсягів даних та вимог до продуктивності.

Відтворюваність: Використання Docker забезпечило відтворюваність результатів досліджень. Кожен етап процесу був описаний у відповідних Docker-образах рис.3, що дозволило іншим дослідникам відтворити експерименти на своїх системах без необхідності налаштовувати оточення з нуля.

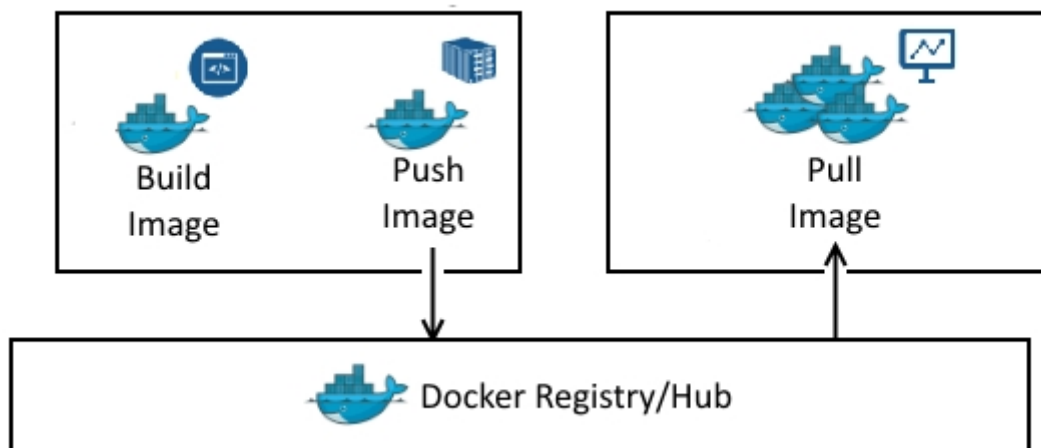


Рисунок 3 – Схема роботи Docker

МЕТОДИ ТА СИСТЕМИ ОПТИКО-ЕЛЕКТРОННОЇ І ЦИФРОВОЇ ОБРОБКИ ЗОБРАЖЕНЬ ТА СИГНАЛІВ

5. Обговорення результатів

У ході дослідження були протестовані дві архітектури глибокого навчання для сегментації криомікроскопічних зображень: U-Net та Mask R-CNN. Результати показали, що Mask R-CNN перевершує U-Net у задачах сегментації клітин, які перекриваються, забезпечуючи більш точне розділення окремих екземплярів клітин[12]. Це узгоджується з висновками інших досліджень, де Mask R-CNN демонструє високу ефективність у сегментації об'єктів, які перекриваються (рис. 4).

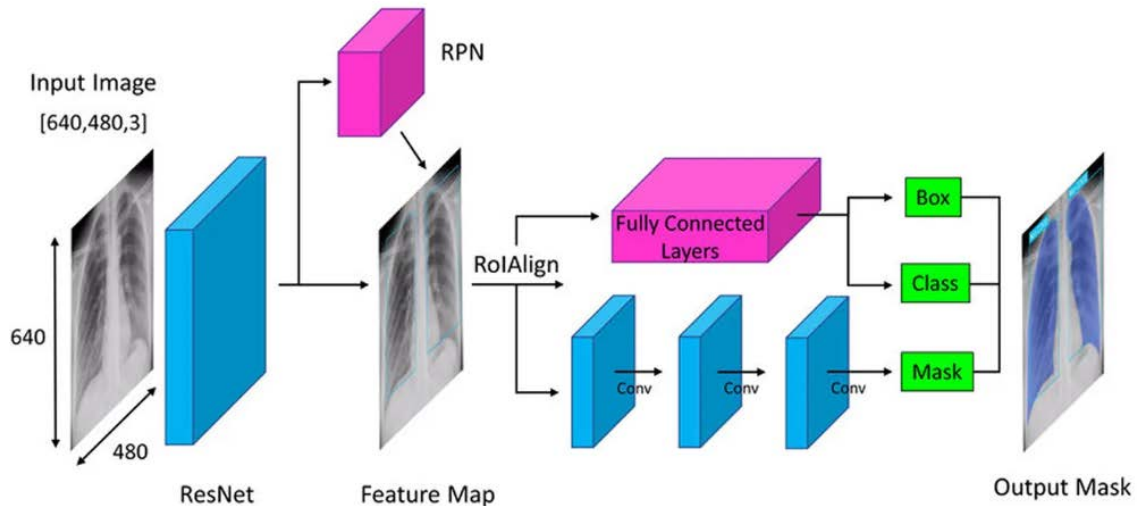


Рисунок 4 – Схема роботи Mask R-CNN

Проблеми та обмеження які можливі це дублювання анотацій: Коли клітини розташовані дуже близько одна до одної або перекриваються, модель може неправильно об'єднувати їх в одну структуру. Це призводить до ситуацій, коли дві або більше клітин вважаються однією, що спотворює результати сегментації та ускладнює подальший аналіз. Для вирішення цієї проблеми необхідно застосовувати методи, які враховують особливості перекриття клітин, наприклад, використання спеціалізованих архітектур нейронних мереж, таких як Mask R-CNN, які демонструють високу ефективність у сегментації об'єктів, які перекриваються.

Нерегулярні форми клітин: Клітини з атиповими або складними морфологіями становлять виклик для алгоритмів сегментації. Стандартні моделі можуть не враховувати всі особливості таких форм, що призводить до неточностей у визначенні меж клітин [13,17,18]. Для підвищення точності сегментації необхідно інтегрувати додаткові ознаки, такі як текстурні характеристики, які допомагають краще розрізняти клітини з подібними формами.

Обмежені дані для навчання: Невеликий обсяг розмічених даних може спричинити перенавчання моделі, коли вона добре працює на тренувальних даних, але не здатна ефективно узагальнювати на нових зображеннях. Це обмежує застосовність моделі в реальних умовах. Для подолання цієї проблеми можна використовувати методи аугментації даних або генеративні моделі, які дозволяють створювати синтетичні зображення для розширення навчального набору даних.

Які можливості для покращення у роботі ми бачимо, по перше це збільшення обсягу даних: Розширення навчального набору шляхом збору та анотації більшої кількості криомікроскопічних зображень сприятиме покращенню здатності моделі до узагальнення. Більший обсяг даних дозволяє моделі навчитися розпізнавати ширший спектр варіацій клітинних структур, що підвищує її стійкість до нових, раніше не бачених зразків [14].

Використання генеративних моделей: Застосування генеративно-змагальних мереж (GAN) для створення синтетичних зображень може значно збільшити різноманітність навчальних даних. Це особливо корисно при обмеженій кількості реальних зображень, оскільки синтетичні дані можуть імітувати різні варіації клітинних структур, покращуючи здатність моделі до узагальнення.

Тонке налаштування гіперпараметрів: Оптимізація гіперпараметрів моделі, таких як швидкість навчання, розмір міні-батчу та параметри регуляризації, може суттєво вплинути на продуктивність моделі.

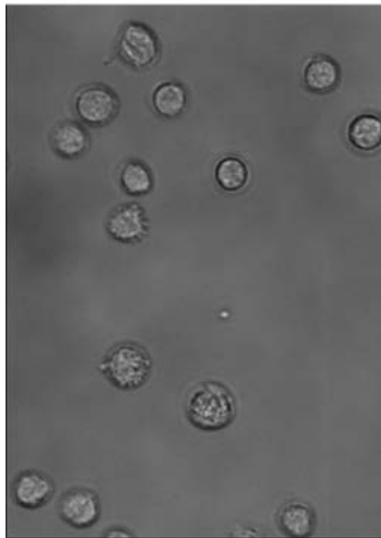
МЕТОДИ ТА СИСТЕМИ ОПТИКО-ЕЛЕКТРОННОЇ І ЦИФРОВОЇ ОБРОБКИ ЗОБРАЖЕНЬ ТА СИГНАЛІВ

Наприклад, правильний вибір швидкості навчання забезпечує ефективне оновлення ваг моделі, а оптимальний розмір міні-батчу сприяє стабільності та швидкості навчання.

Інтеграція додаткових ознак: Включення інформації про текстуру, інтенсивність та інші характеристики зображень може покращити здатність моделі розрізняти клітини з подібними формами. Аналіз текстурних ознак дозволяє моделі враховувати дрібні деталі, які можуть бути важливими для точного розпізнавання та сегментації клітин[15]. Застосування цих підходів сприятиме підвищенню точності та надійності моделей сегментації клітин на криомікроскопічних зображеннях, що, в свою чергу, покращить якість біомедичних досліджень та діагностичних процесів.

Автоматизація процесу обробки криомікроскопічних зображень із використанням сучасних інструментів, таких як MinIO для зберігання даних, CVAT для анотації, а також глибоких нейронних мереж для сегментації, значно підвищує ефективність та точність аналізу клітинних структур рис.5.

Вхідне зображення



Після анотації

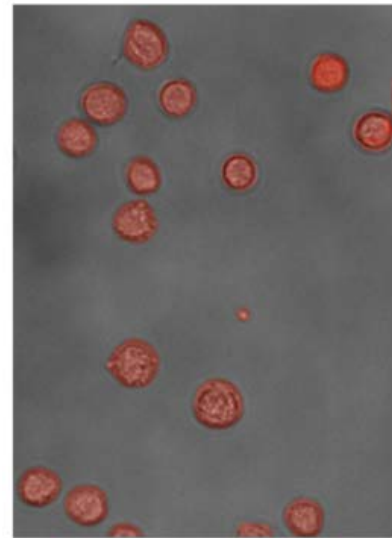


Рисунок 5 – Зображення після анотації

Для навчання Інтеграція з Jupyter забезпечує зручність візуалізації та аналізу результатів, а використання Docker сприяє відтворюваності та масштабованості процесу [16]. Незважаючи на досягнуті успіхи, подальші дослідження необхідні для вирішення виявлених проблем та покращення моделі, особливо щодо обробки клітин, які перекриваються та клітин з нерегулярними формами.

ВИСНОВКИ

У ході проведеного дослідження була розроблена та впроваджена комплексна система автоматизації обробки криомікроскопічних зображень, яка охоплює етапи збору, зберігання, анотації, навчання моделей глибокого навчання, інференсу та візуалізації результатів. Використання сучасних інструментів, таких як MinIO для надійного зберігання даних, CVAT для точної анотації зображень, а також архітектур глибокого навчання (наприклад, U-Net і Mask R-CNN) для сегментації клітинних структур, дозволило значно підвищити ефективність та точність аналізу. Інтеграція з Jupyter Notebook забезпечила зручність в аналізі та інтерпретації результатів, а застосування контейнеризації за допомогою Docker сприяло відтворюваності та масштабованості процесу.

Результати експериментів показали, що використання Mask R-CNN забезпечує більш точне розділення клітин, які перекриваються, порівняно з U-Net, що відповідає висновкам інших досліджень у цій галузі. Однак були виявлені певні обмеження, зокрема труднощі в обробці клітин з нерегулярними формами та випадки неправильного об'єднання близько розташованих клітин. Для подолання цих проблем рекомендується збільшити обсяг навчальних даних, використовувати генеративні моделі для

МЕТОДИ ТА СИСТЕМИ ОПТИКО-ЕЛЕКТРОННОЇ І ЦИФРОВОЇ ОБРОБКИ ЗОБРАЖЕНЬ ТА СИГНАЛІВ

створення синтетичних зображень, оптимізувати гіперпараметри моделей та інтегрувати додаткові ознаки, такі як текстура та інтенсивність.

Загалом, автоматизація процесу обробки кріомікроскопічних зображень із застосуванням сучасних технологій та інструментів значно підвищує ефективність і точність аналізу клітинних структур, що сприяє прискоренню наукових досліджень та покращенню діагностики в біомедицині.

СПИСОК ЛІТЕРАТУРИ

1. Самохін Ю. В. Аспекти сегментації кріомікроскопічних зображень / Ю. В. Самохін // Сучасні технології біомедичної інженерії : матеріали II міжнародної науково-технічної конференції 17–19 травня 2023 р. / за заг. ред. І. В. Прокоповича, Н. В. Манічевої ; Нац. ун-т «Одеська політехніка». — Вінниця : ТОВ «Торговий дім «Альфа і Омега», 2023. — С. 110 - 112.
2. Самохін Ю. В. Знаходження зображень клітин на кріомікроскопічних зображеннях за допомогою згорткових нейронних мереж / Ю. В. Самохін // Сучасний стан та перспективи біомедичної інженерії : матеріали Міжнар. наук.-прак. конф., присвяченої 125-річчю ювілею Національного технічного університету України «Київський політехнічний інститут імені Ігоря Сікорського», 13-14 грудня 2023 р. — Київ : КПІ ім. Ігоря Сікорського, 2023. — С. 194-195.
3. Самохін Ю. В. Алгоритми проходження контуру на кріомікроскопічних зображень / Ю. В. Самохін // Радіо-електроніка та молодь у XXI столітті : тези доповідей 27-го Міжнародного молодіжного форуму, 10–12 травня 2023 р. — Харків : ХНУРЕ, 2023. — Т. 1. — С. 99-100
4. Самохін Ю. В. Виявлення клітин на зображенні за допомогою CVAT AI / Ю. В. Самохін // Сучасні техно-логії біомедичної інженерії : матеріали III міжнародної науково-технічної конференції, 8–10 травня 2024 р. — Вінниця : ВНТУ, 2024. — С. 24-26.
5. Самохін Ю. В. Алгоритми проходження контуру на кріомікроскопічних зображень / Ю. В. Самохін // Тематична конференція «Актуальні питання біомедичної інженерії» в рамках 26-го Міжнародного молодіжного форуму «Радіоелектроніка та молодь в XXI столітті». 36. матеріалів конференції. Т. 1. — Харків : ХНУРЕ, 2022. — С. 86-87
6. Prykhodko M.V. Image processing for automated microscopic analysis of ice recrystallization process during iso-thermal annealing / M.V. Prykhodko, M.Y. Tymkovych, O.G. Avrunin, V.V. Mutsenko, O. Gryshkov, B. Glasmacher // Int J Bioelectromagnetism. — 2018. — Vol. 20(1). — P. 72–75.
7. Gryshkov O. Advances in cryopreservation of alginate-encapsulated stem cells and analysis of cryopreservation outcome // Oleksandr Gryshkov, Vitalii Mutsenko, Maksym Tymkovych, Dmytro Tarusin, Vera Sirotinskaya, Ido Braslavsky, Oleg Avrunin, Birgit Glasmacher// Cryobiology. — Vol. 85. — P. 156.
8. Tymkovych, O. Avrunin, O. Gryshkov, V. Semenets and B. Glasmacher, "Ice crystals microscopic images segmentation based on active contours", *2019 IEEE 39th International Conference on Electronics and Nanotechnology (ELNANO), pp. 493-496, 2019.
9. Tymkovych, O. Gryshkov, O. Avrunin, K. Selivanova, Y. Nosova, V. Mutsenko, et al., "Application of SOFA framework for physics-based simulation of deformable human anatomy of nasal cavity", IFMBE Proceedings, vol. 80, pp. 112-120, 2021.
10. Y. Samokhin, O. Avrunin and V. Yavtushenko, "Cell Detection Model on Cryomicroscopic Images Using MinIO and CVAT," 2024 IEEE 17th International Conference on Advanced Trends in Radioelectronics, Telecommunications and Computer Engineering (TCSET), Lviv, Ukraine, 2024, pp. 514-519, doi: 10.1109/TCSET64720.2024.10755563.
11. M. Tymkovych, O. Gryshkov, K. Selivanova, V. Mutsenko, O. Avrunin and B. Glasmacher, "Application of artificial neural networks for analysis of ice recrystallization process for cryopreservation", *8th European Medical and Biological Engineering Conference (EMBE) 2021, pp. 102-111, Nov. 29 - Dec. 3, 2021.computer vision techniques," Przegląd Elektrotechniczny, 9 30 – 33 (2021) DOI[10.15199/48.2021.09.06](https://doi.org/10.15199/48.2021.09.06)
12. Detection of circulating tumour cells in peripheral blood with an automated scanning fluorescence micro-scope / T. Ntouroupi, S. Ashraf, S.McGregor [et al.] // British Journal of Cancer. — 2008. — Vol. 99, No. 5. — P. 789–795.
13. Detection and analysis of cancer cells in blood and bone marrow using a rare event imaging system / S. Kraeft, R. Sutherland, L. Gravelin [et al.] // Clinical Cancer Research: An Official Journal of the American Association for Cancer Research. — 2000. — Vol. 6, No. 2. — P. 434–442

МЕТОДИ ТА СИСТЕМИ ОПТИКО-ЕЛЕКТРОННОЇ І ЦИФРОВОЇ ОБРОБКИ ЗОБРАЖЕНЬ ТА СИГНАЛІВ

14. Кожем'яко В. П. Оптико-електронні методи і засоби для обробки та аналізу біомедичних зображень [монографія] / В. П. Кожем'яко, С. В. Павлов, К. І. Станчук. – Вінниця : УНІВЕРСУМ, 2006 – 203 с.
15. Maragos, P., Sofou, A., Stamou, G.B. et al. Image Analysis of Soil Micromorphology: Feature Extraction, Segmentation, and Quality Inference. EURASIP J. Adv. Signal Process. 2004, 356937 (2004).
16. Pavlov S. V. Information Technology in Medical Diagnostics //Waldemar Wójcik, Andrzej Smolarz, July 11, 2017 by CRC Press - 210 Pages.
17. Wójcik W., Pavlov S., Kalimoldayev M. Information Technology in Medical Diagnostics II. London: (2019). Taylor & Francis Group, CRC Press, Balkema book. – 336 Pages.
18. M. Banham and A. Katsaggelos, "Digital image restoration", IEEE Signal Processing Magazine, vol. 14, no. 2, pp. 24-41, 1997.

REFERENCES

1. Samokhin Yu. V. Aspects of segmentation of cryomicroscopic images / Yu. V. Samokhin // Modern technologies of biomedical engineering: materials of the II international scientific and technical conference May 17–19, 2023 / edited by I. V. Prokopovych, N. V. Manicheva; National University "Odesa Polytechnic". — Vinnytsia: LLC "Trading House "Alpha and Omega", 2023. — P. 110 - 112.
2. Samokhin Yu. V. Finding cell images on cryomicroscopic images using convolutional neural networks / Yu. V. Samokhin // Current state and prospects of biomedical engineering: materials of the International Scientific and Practical Conference. conf. dedicated to the 125th anniversary of the National Technical University of Ukraine "Igor Sikorsky Kyiv Polytechnic Institute", December 13-14, 2023 - Kyiv: Igor Sikorsky Kyiv Polytechnic Institute, 2023. - P. 194-195.
3. Samokhin Yu. V. Algorithms for contour tracing on cryomicroscopic images / Yu. V. Samokhin // Radio electronics and youth in the XXI century: abstracts of the reports of the 27th International Youth Forum, May 10-12, 2023 - Kharkiv: KhNURE, 2023. - T. 1. - P. 99-100
4. Samokhin Yu. V. Cell detection in the image using CVAT AI / Yu. V. Samokhin // Modern technologies of biomedical engineering: materials of the III international scientific and technical conference, May 8–10, 2024 – Vinnytsia: VNTU, 2024. – P. 24-26.
5. Samokhin Yu. V. Algorithms of contour passage on cryomicroscopic images / Yu. V. Samokhin // Thematic conference “Current issues of biomedical engineering” within the framework of the 26th International Youth Forum “Radioelectronics and youth in the 21st century”. Collection of conference materials. T. 1. – Kharkiv: KhNURE, 2022. – P. 86-87.
6. Prykhodko M.V. Image processing for automated microscopic analysis of ice recrystallization process during iso-thermal annealing / M.V. Prykhodko, M.Y. Tymkovych, O.G. Avrunin, V.V. Mutsenko, O. Gryshkov, B. Glasmacher // Int J Bioelectromagnetism. – 2018. – Vol. 20(1). – P. 72–75.
7. Gryshkov O. Advances in cryopreservation of alginate-encapsulated stem cells and analysis of cryopreservation outcome // Oleksandr Gryshkov, Vitalii Mutsenko, Maksym Tymkovych, Dmytro Tarusin, Vera Sirotinskaya, Ido Braslavsky, Oleg Avrunin, Birgit Glasmacher// Cryobiology. – Vol. 85. – P. 156.
8. Tymkovych, O. Avrunin, O. Gryshkov, V. Semenets and B. Glasmacher, "Ice crystals microscopic images segmentation based on active contours", *2019 IEEE 39th International Conference on Electronics and Nanotechnology (ELNANO), pp. 493-496, 2019.
9. Tymkovych, O. Gryshkov, O. Avrunin, K. Selivanova, Y. Nosova, V. Mutsenko, et al., "Application of SOFA framework for physics-based simulation of deformable human anatomy of nasal cavity", IFMBE Proceedings, vol. 80, pp. 112-120, 2021.
10. Y. Samokhin, O. Avrunin and V. Yavtushenko, "Cell Detection Model on Cryomicroscopic Images Using MinIO and CVAT," 2024 IEEE 17th International Conference on Advanced Trends in Radioelectronics, Telecommunications and Computer Engineering (TCSET), Lviv, Ukraine, 2024, pp. 514-519, doi: 10.1109/TCSET64720.2024.10755563.
11. M. Tymkovych, O. Gryshkov, K. Selivanova, V. Mutsenko, O. Avrunin and B. Glasmacher, "Application of artificial neural networks for analysis of ice recrystallization process for cryopreservation", *8th European Medical and Biological Engineering Conference (EMBEC 2021),

МЕТОДИ ТА СИСТЕМИ ОПТИКО-ЕЛЕКТРОННОЇ І ЦИФРОВОЇ ОБРОБКИ ЗОБРАЖЕНЬ ТА СИГНАЛІВ

- pp. 102-111, Nov. 29 - Dec. 3, 2021. computer vision techniques,” Przegląd Elektrotechniczny, 9 30 –33 (2021) DOI [10.15199/48.2021.09.06](https://doi.org/10.15199/48.2021.09.06)
12. Detection of circulating tumour cells in peripheral blood with an automated scanning fluorescence micro-scope / T. Ntouriopi, S. Ashraf, S. McGregor [et al.] // British Journal of Cancer. – 2008. – Vol. 99, No. 5. – P. 789–795.
 13. Detection and analysis of cancer cells in blood and bone marrow using a rare event imaging system / S. Kraeft, R. Sutherland, L. Gravelin [et al.] // Clinical Cancer Re-search: An Official Journal of the American Association for Cancer Research. – 2000. – Vol. 6, No. 2. – P. 434–442
 14. Kozhem'yako V. P. Optical-electronic methods and tools for processing and analyzing biomedical images [monograph] / V. P. Kozhem'yako, S. V. Pavlov, K. I. Stanchuk. – Vinnytsia: UNIVERSUM, 2006 – 203 p.
 15. Maragos, P., Sofou, A., Stamou, G.B. et al. Image Analysis of Soil Micromorphology: Feature Extraction, Segmentation, and Quality Inference. EURASIP J. Adv. Signal Process. 2004, 356937 (2004).
 16. Pavlov S. V. Information Technology in Medical Diagnostics //Waldemar Wójcik, Andrzej Smolarz, July 11, 2017 by CRC Press - 210 Pages.
 17. Wójcik W., Pavlov S., Kalimoldayev M. Information Technology in Medical Diagnostics II. London: (2019). Taylor & Francis Group, CRC Press, Balkema book. – 336 Pages.
 18. M. Banham and A. Katsaggelos, "Digital image restoration", IEEE Signal Processing Magazine, vol. 14, no. 2, pp. 24-41, 1997.

Надійшла до редакції 20.04.25 р.

САМОХІН ЮРІЙ ВІКТОРОВИЧ – аспірант кафедри біомедичної інженерії, Харківський національний університет радіоелектроніки, Харків, Україна, **e-mail: yurii.samokhin@nure.ua**

АВРУНІН ОЛЕГ ГРИГОРОВИЧ – доктор технічних наук, професор, завідувач кафедри біомедичної інженерії, Харківський національний університет радіоелектроніки, Харків, Україна, **e-mail: oleh.avrunin@nure.ua**

YURII SAMOKHIN, OLEG AVRUNIN

AUTOMATION OF THE FULL CYCLE OF CRYOMICROSCOPIC IMAGE PROCESSING: FROM COLLECTION TO ANALYSIS

Kharkiv National University of Radio Electronics Kharkiv, Ukraine