

М. В. Солопов¹, Е. С. Чечехина², А. Г. Попандопуло¹, А. С. Кавелина¹,
Г. В. Акопян¹, В. В. Турчин¹

¹Федеральное государственное бюджетное учреждение «Институт неотложной и восстановительной хирургии им. В.К. Гусака» Министерства здравоохранения Российской Федерации
283045, г. Донецк, пр-кт. Ленинский, 47

²Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова»
119234, г. Москва, пр-кт. Ломоносовский, 27 к.1

ИССЛЕДОВАНИЕ ПРИМЕНЕНИЯ МОДЕЛЕЙ MASK R-CNN И SEGMENT ANYTHING MODEL (SAM) ДЛЯ ИНСТАНС-СЕГМЕНТАЦИИ МЕЗЕНХИМНЫХ СТВОЛОВЫХ КЛЕТОК НА МИКРОФОТОГРАФИЯХ

M. V. Solopov¹, E. S. Chechekhina², A. G. Popandopulo¹, A. S. Kavelina¹,
G. V. Akopian¹, V. V. Turchin¹

¹Federal State Budgetary Institution "V.K. Gusak Institute of Emergency and Reconstructive Surgery" of the Ministry of Health of the Russian Federation
283045, Donetsk, Leninsky Ave., 47

²Federal State Educational Institution of Higher Education Lomonosov Moscow State University
119234, Moscow, Lomonosovsky Ave. 27 k.1

STUDY OF APPLICATION OF MASK R-CNN AND SEGMENT ANYTHING MODEL (SAM) FOR INSTANCE SEGMENTATION OF MESENCHYMAL STEM CELLS IN MICROPHOTOGRAPHS

Исследование посвящено сравнению эффективности архитектур Mask R-CNN и Segment Anything Model (SAM) в задаче инстанс-сегментации мезенхимных стволовых клеток (МСК) на микрофотографиях. На двух датасетах (с низкой и высокой плотностью клеток) показано, что Mask R-CNN, обученная на целевом домене, превосходит SAM по метрике mAP (0,64 против 0,61 для низкой плотности; 0,31 против 0,26 для высокой). Выявлено, что увеличение плотности клеток и их перекрытие снижают точность обеих моделей. SAM демонстрирует ограниченную эффективность при использовании только ограничивающих рамок (bounding boxes) в качестве входных данных, что указывает на необходимость адаптации данной модели для работы с биомедицинскими данными.

Ключевые слова: инстанс-сегментация, мезенхимные стволовые клетки, морфологическая гетерогенность, плотность клеток, автоматизированный анализ культур, биомедицинские изображения, адаптация моделей.

The study compares the efficiency of Mask R-CNN and Segment Anything Model (SAM) for instance segmentation of mesenchymal stem cells (MSCs) in microphotographs. Results on two datasets (low and high cell density) demonstrate that Mask R-CNN, fine-tuned on target data, outperforms SAM in mAP (0.64 vs. 0.61 for low density; 0.31 vs. 0.26 for high density). Increased cell density and overlap reduce accuracy for both models. SAM's limitations in using only bounding boxes highlight the need for domain-specific adaptation.

Key words: instance segmentation, mesenchymal stem cells, morphological heterogeneity, cell density, automated cell culture analysis, biomedical imaging, model adaptation.

Введение

Мезенхимные стволовые клетки (МСК) представляют собой популяцию недифференцированных клеток взрослого организма, обладающих способностью к самообновлению и дифференцировке в клетки костной, хрящевой и жировой ткани. Помимо этого, данные клетки обладают выраженными иммуномодулирующими и трофическими свойствами. Все перечисленные свойства делают МСК важнейшими объектами исследований в области регенеративной медицины и тканевой инженерии [1]. Их применение охватывает лечение нейродегенеративных заболеваний, восстановление костно-хрящевых дефектов и модуляцию иммунного ответа при аутоиммунных патологиях [2–4]. Однако морфологическая гетерогенность МСК, включая вариации в размере (20–50 мкм), форме (веретенообразная, звездчатая, полигональная) и текстуре цитоплазмы, создают сложности для автоматизированного микроскопического анализа культур *in vitro*. Современные нейросетевые подходы к семантической сегментации, основанные на архитектурах с энкодер-декодер структурами и пространственной пирамидальной обработкой признаков, достигают Dice-коэффициента в диапазоне 0,87–0,92 при выделении клеточных областей [5], [6]. Однако эти методы ограничены задачей классификации пикселей и не обеспечивают разделения отдельных клеточных объектов, что является критически важным для количественного анализа клеточных культур, например, для подсчета клеток или анализа морфологии отдельных клеток. Использование нейросетевых моделей для обработки фотографий клеточных культур МСК активно исследуется в последние годы, демонстрируя потенциал для анализа клеточной жизнеспособности, дифференцировки и сенесцентности [7–13].

Для решения задачи инстанс-сегментации активно применяются современные нейросетевые архитектуры, такие как Mask R-CNN. Данная модель способна одновременно детектировать объекты и генерировать для них маски сегментации, что дает возможность решать задачи даже в сложных условиях с множеством перекрывающихся объектов [14], [15]. С появлением фундаментальных моделей, таких как Segment Anything Model (SAM) [16–19], открылись новые перспективы для задач сегментации. SAM, обученная на большом массиве разнообразных данных, демонстрирует способность к обобщению и сегментации объектов в различных доменах по разнообразным входным подсказкам, включая ограничивающие рамки (bounding boxes). Это свойство делает SAM потенциально мощным инструментом для инстанс-сегментации клеток, особенно в сценариях с ограниченным количеством аннотированных данных для обучения специализированных моделей.

В данной работе проведено исследование эффективности модели SAM для задачи инстанс-сегментации МСК на микрофотографиях. Для генерации подсказок в виде ограничивающих рамок для SAM использовалась предварительно обученная модель Mask R-CNN. Эффективность предложенного подхода сравнивалась с результатами инстанс-сегментации, полученными непосредственно с помощью модели Mask R-CNN.

Цель исследования – определить, насколько точно SAM справляется с сегментацией отдельных клеток при использовании ограничивающих рамок, предсказанных Mask R-CNN. Актуальность исследования обусловлена потребностью лабораторий в решениях, способных эффективно работать на небольших наборах данных (до нескольких сотен изображений) и обеспечивающих высокое качество сегментации. Результаты работы позволят оценить применимость SAM для оптимизации анализа фибробластоподобных клеточных популяций, таких как МСК, и могут быть интегрированы в системы автоматизированного мониторинга культур.

Материалы и методы

В исследовании использовались два аннотированных набора микрофотографий МСК. Первый набор включал 48 изображений крысиных МСК из открытого репозитория Cell Tracking Challenge [20], [21]. Второй набор состоял из 207 фазово-контрастных изображений МСК человека из нашего предыдущего исследования [6]. Оба набора данных были разделены на обучающую и валидационную выборки в соотношении 80% к 20% соответственно. В качестве основной модели для инстанс-сегментации использовалась Mask R-CNN, основанная на архитектуре ResNet-50 с Feature Pyramid Network (FPN) версии 2. Также она была использована для генерации ограничивающих рамок, служащих входными подсказками для модели SAM. Модель была инициализирована весами, предварительно обученными на наборе данных COCO. Далее происходило дообучение для задачи сегментации клеток, при этом выходные слои классификатора и предиктора масок были адаптированы для двух классов: «клетка» и «фон». Процесс дообучения Mask R-CNN осуществлялся в течение 50 эпох. В качестве оптимизатора использовался AdamW с начальной скоростью обучения 0,003 и коэффициентом регуляризации весов 0,0005. Размер батча составлял 2 изображения. Для корректировки скорости обучения применялся планировщик ReduceLROnPlateau, который снижал скорость обучения при отсутствии улучшения функции потерь на валидационной выборке. В процессе обучения применялись следующие аугментации данных: случайные горизонтальные и вертикальные отражения с вероятностью 0,5 и 0,3 соответственно, а также случайные повороты на 90 градусов с вероятностью 0,3. Веса модели, показавшей лучшие результаты на валидационной выборке, сохранялись и использовались на последующих этапах.

Для сегментации с использованием SAM применялась предварительно обученная модель на базе архитектуры Vision Transformer (ViT-H). SAM является фундаментальной моделью, обученной на обширном наборе данных, и в данном исследовании использовалась без дополнительного дообучения. Для инициации процесса сегментации модель SAM получала в качестве входных подсказок ограничивающие рамки, сгенерированные предварительно обученной моделью Mask R-CNN для каждого обнаруженного объекта на изображении. Использовался режим, позволяющий SAM генерировать несколько альтернативных масок для одной подсказки, из которых выбиралась маска с наибольшей оценкой уверенности.

Качество инстанс-сегментации для обеих моделей (Mask R-CNN и SAM с подсказками от первой) на валидационных изображениях оценивалось с использованием метрики средней точности (mean average precision, mAP). Расчет mAP производился для набора пороговых значений метрики IoU (intersection over union), варьирующихся от 0,5 до 0,95 с шагом 0,05. Для каждого предсказанного объекта вычислялось IoU между предсказанной маской и маской истинного объекта. Предсказание считалось истинно положительным (TP), если IoU превышало заданный порог и объект не был сопоставлен ранее, в противном случае – ложно положительным (FP). На основе этих значений строились кривые точности-полноты (precision-recall) для каждого класса, и вычислялся AP как площадь под кривой с использованием метода 11-точечной интерполяции. Визуальное сравнение результатов сегментации проводилось для выборочных изображений. Обучение и оценка моделей выполнялось с помощью языка программирования Python v3.10 с использованием библиотеки PyTorch v2.3.1. Все вычисления производились на устройстве CUDA. Конфигурация вычислительного сервера: GPU 1xP100 16GB, CPU 10 VCPU, RAM 28GB.

Результаты

В ходе исследования была проведена оценка эффективности инстанс-сегментации МСК с использованием моделей Mask R-CNN и SAM, последняя из которых получала ограничивающие рамки от Mask R-CNN в качестве входных подсказок (рис. 1). Анализ эффективности этих моделей проводился на двух валидационных выборках микрофотографий: МСК крысы с низкой плотностью расположения клеток и МСК человека с высокой плотностью и наложением клеток (табл. 1).

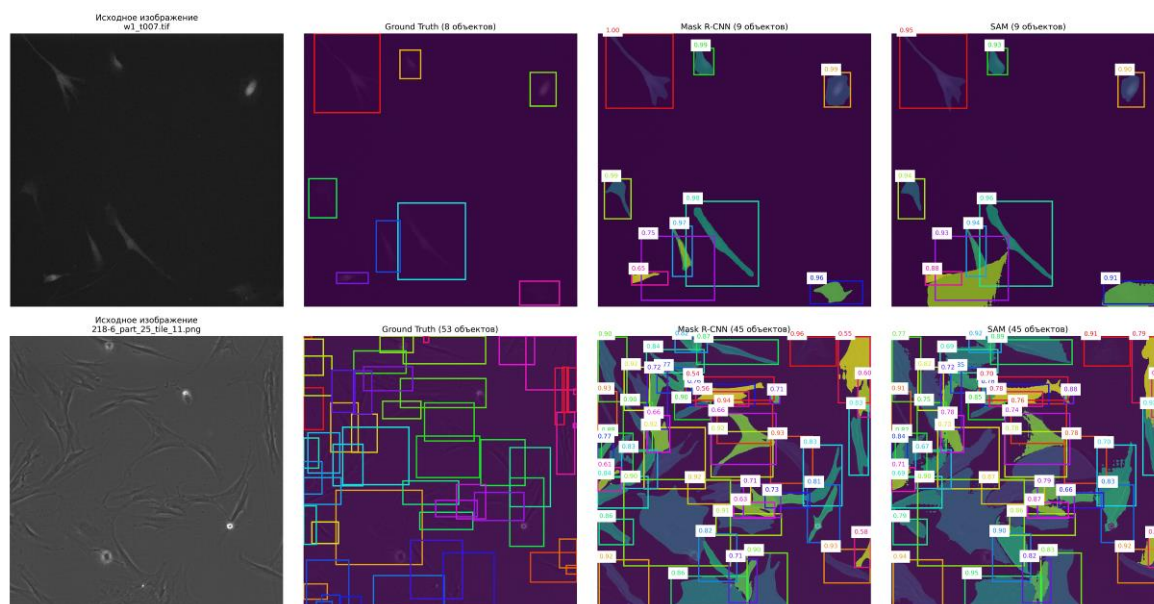


Рисунок 1 – Сравнительный анализ результатов инстанс-сегментации МСК на примере валидационных фотографий МСК крысы (верхний ряд) и МСК человека (нижний ряд).

- Колонки по порядку: 1) исходное микроскопическое изображение клеточной культуры; 2) истинная разметка (ground truth), демонстрирующая ограничивающие рамки для каждой клетки; 3) результаты сегментации, полученные с помощью модели Mask R-CNN, отображены предсказанные маски (окрашены разными цветами для наглядности), ограничивающие рамки и соответствующие им оценки уверенности; 4) результаты сегментации, полученные с помощью модели SAM.

Таблица 1 – Сравнение эффективности инстанс-сегментации МСК моделями Mask R-CNN и SAM

Метрика	Крысиные МСК (48 изображений)	Человеческие МСК (207 изображений)
Кол-во клеток	8,4	41,85
Обнаружено Mask R-CNN	10,0	37,17
Обнаружено SAM	10,0	37,17
Уверенность Mask R-CNN	0,938	0,801
Уверенность SAM	0,927	0,848
mAP Mask R-CNN	0,640	0,306
mAP SAM	0,605	0,262

Для набора данных с МСК крысы, характеризующегося меньшей плотностью клеток, среднее количество аннотированных объектов на изображении составило 8,4. Модель Mask R-CNN детектировала в среднем 10 объектов, и аналогичное количество объектов было сегментировано моделью SAM. Средняя уверенность предсказаний

для Mask R-CNN достигла 0,9379, в то время как для SAM этот показатель составил 0,9273. Ключевая метрика качества сегментации, средняя точность (mAP), для Mask R-CNN оказалась равной 0,6395. При использовании SAM с подсказками от Mask R-CNN значение mAP снизилось до 0,6053.

При анализе набора данных МСК человека, где наблюдалась более высокая плотность клеток и их частичное перекрытие, среднее количество аннотированных объектов на изображении составило 41,85. Модели детектировали в среднем 37,17 объектов. Средняя уверенность предсказаний Mask R-CNN на этом более сложном наборе данных составила 0,8014. Интересно, что средняя уверенность сегментаций SAM была несколько выше – 0,8484. Однако, значения mAP для обеих моделей значительно снизились по сравнению с результатами на датасете МСК крысы. Для Mask R-CNN mAP на данных МСК человека составила 0,3062, а для SAM – 0,2623.

Таким образом, на обоих наборах данных модель Mask R-CNN продемонстрировала более высокую точность инстанс-сегментации по метрике mAP по сравнению с моделью SAM, которая использовала ограничивающие рамки от Mask R-CNN. Увеличение плотности клеток и их взаимное наложение привели к существенному снижению качества сегментации для обеих исследованных конфигураций.

Обсуждение

Полученные результаты свидетельствуют о различной эффективности исследуемых подходов к инстанс-сегментации МСК в зависимости от характеристик набора данных. На изображениях с низкой плотностью клеток обе модели показали относительно высокие значения mAP, при этом Mask R-CNN, обученная непосредственно на целевой задаче, превзошла SAM, использовавшую лишь ограничивающие рамки в качестве подсказок. Это может указывать на то, что для специфических биомедицинских изображений, даже при использовании мощных фундаментальных моделей типа SAM, качество сегментации сильно зависит от точности и специфичности входных промптов. Ограничивающая рамка, хотя и локализует объект, может быть недостаточно информативной для SAM, чтобы точно выделить границы клетки, особенно если модель не была дополнительно адаптирована под конкретный тип клеток или условия микроскопии. Незначительное превышение количества детектированных объектов над истинным количеством (10 против 8,4) может свидетельствовать о небольшой тенденции к повышению ложноположительных результатов или детекции артефактов на изображениях с низкой плотностью.

Переход к более сложному набору данных с высокой плотностью и перекрытием клеток (МСК человека) ожидаемо привел к значительному падению точности сегментации для обеих моделей. Значения mAP снизились более чем в два раза. Примечательно, что на этом наборе данных количество детектированных объектов (37,17) оказалось ниже истинного среднего количества (41,85), что указывает на пропуски объектов, вероятно, в областях с высокой степенью их взаимного перекрытия. В таких условиях точное выделение границ отдельных клеток становится крайне затруднительным как для этапа детекции Mask R-CNN, так и для последующей сегментации SAM.

Интересным наблюдением является более высокая средняя уверенность предсказаний SAM (0,8484) по сравнению с Mask R-CNN (0,8014) на данных МСК человека, несмотря на более низкий mAP у SAM. Это может означать, что SAM с высокой уверенностью генерирует маску внутри предоставленной ограничивающей рамки, однако эта маска не всегда точно соответствует границам истинного объекта, особенно в условиях перекрытия. Модель Mask R-CNN, напротив, может давать менее уверенные, но более точные по метрике IoU предсказания масок.

Тот факт, что Mask R-CNN стабильно демонстрировала лучшие результаты по mAP, подчеркивает важность специализации модели под конкретную задачу. Несмотря на впечатляющие возможности SAM по обобщению, ее применение в исходном виде с использованием только ограничивающих рамок в качестве подсказок может быть неоптимальным для сложных задач инстанс-сегментации в биомедицине, требующих высокой точности. Возможно, использование более детализированных подсказок для SAM, таких как точечные промпты или грубые маски, или же дообучение SAM на специфическом датасете могло бы улучшить ее производительность. Текущий подход, где SAM полностью полагается на качество рамок от Mask R-CNN, наследует все ошибки и неточности этапа детекции.

Выводы

Сравнительный анализ Mask R-CNN и SAM с подсказками в виде ограничивающих рамок выявил преимущество специализированной модели (Mask R-CNN) по метрике mAP для инстанс-сегментации МСК (0,64 против 0,61 для низкой плотности; 0,31 против 0,26 для высокой). Плотность клеток и их перекрытие значимо снижают точность обеих моделей. Результаты подчеркивают ограничения SAM в конфигурации без доменной адаптации, несмотря на её потенциал как фундаментальной модели. Для повышения качества сегментации SAM требуются исследования по оптимизации промптинга и тонкой настройке на биомедицинских данных.

Список литературы / References

1. Jovic D., Yu Y., Wang D. et al. A Brief Overview of Global Trends in MSC-Based Cell Therapy. *Stem Cell Reviews and Reports*. 2022. Vol. 18. P. 1525–1545. DOI: 10.1007/s12015-022-10369-1.
2. Khalid A. A.-A., Rehab Y. A.-A. Update on the Use of Mesenchymal Stem Cells in the Treatment of Various Infectious Diseases Including COVID-19 Infection. *Journal of Stem Cell Therapy and Transplantation*. 2023. Vol. 7. P. 034–042. DOI: 10.29328/journal.jsctt.1001033.
3. Chung M.-J., Son J.-Y., Park S. et al. Mesenchymal Stem Cell and MicroRNA Therapy of Musculoskeletal Diseases. *International Journal of Stem Cells*. 2021. Vol. 14. № 2. P. 150–167. DOI: 10.15283/ijsc20167.
4. Vargas-Rodríguez P., Cuenca-Martagón A., Castillo-González J. et al. Novel Therapeutic Opportunities for Neurodegenerative Diseases with Mesenchymal Stem Cells: The Focus on Modulating the Blood-Brain Barrier. *International Journal of Molecular Sciences*. 2023. Vol. 24. № 18. P. 14117. DOI: 10.3390/ijms241814117.
5. Adnan N., Umer F., Malik S. Implementation of Transfer Learning for the Segmentation of Human Mesenchymal Stem Cells—A Validation Study. *Tissue and Cell*. 2023. Vol. 83. P. 102149. DOI: 10.1016/j.tice.2023.102149.
6. Solopov M., Chechekhina E., Kavelina A. et al. Comparative Study of Deep Transfer Learning Models for Semantic Segmentation of Human Mesenchymal Stem Cell Micrographs. *International Journal of Molecular Sciences*. 2025. Vol. 26. № 5. P. 2338. DOI: 10.3390/ijms26052338.
7. Imboden S., Liu X., Lee B.S. et al. Investigating Heterogeneities of Live Mesenchymal Stromal Cells Using AI-Based Label-Free Imaging. *Scientific Reports*. 2021. Vol. 11. P. 6728. DOI: 10.1038/s41598-021-85905-z.
8. Hoffman J., Zheng S., Zhang H. et al. Image-Based Discrimination of the Early Stages of Mesenchymal Stem Cell Differentiation. *Molecular Biology of the Cell*. 2024. Vol. 35. P. ar103. DOI: 10.1091/mbc.E24-02-0095.
9. Kong Y., Ao J., Chen Q. et al. Evaluating Differentiation Status of Mesenchymal Stem Cells by Label-Free Microscopy System and Machine Learning. *Cells*. 2023. Vol. 12. № 11. P. 1524. DOI: 10.3390/cells12111524.
10. Hassanlou L., Meshgini S., Alizadeh E. Evaluating Adipocyte Differentiation of Bone Marrow-Derived Mesenchymal Stem Cells by a Deep Learning Method for Automatic Lipid Droplet Counting. *Computers in Biology and Medicine*. 2019. Vol. 112. P. 103365. DOI: 10.1016/j.compbiomed.2019.103365.
11. Lan Y., Huang N., Fu Y. et al. Morphology-Based Deep Learning Approach for Predicting Osteogenic Differentiation. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*. 2022. Vol. 9. P. 802794. DOI: 10.3389/fbioe.2021.802794.

12. Mota S.M., Rogers R.E., Haskell A.W. et al. Automated Mesenchymal Stem Cell Segmentation and Machine Learning-Based Phenotype Classification Using Morphometric and Textural Analysis. *Journal of Medical Imaging*. 2021. Vol. 8. № 1. P. 014503. DOI: 10.1117/1.JMI.8.1.014503.
13. Ochs J., Biermann F., Piotrowski T. et al. Fully Automated Cultivation of Adipose-Derived Stem Cells in the StemCellDiscovery—A Robotic Laboratory for Small-Scale, High-Throughput Cell Production Including Deep Learning-Based Confluence Estimation. *Processes*. 2021. Vol. 9. № 4. P. 575. DOI: 10.3390/pr9040575.
14. Rettenberger L., Rieken Münke F., Bruch R., Reischl M. Mask R-CNN Outperforms U-Net in Instance Segmentation for Overlapping Cells. *Current Directions in Biomedical Engineering*. 2023. Vol. 9. № 1. P. 335–338. DOI: 10.1515/cdbme-2023-1084.
15. Murugesan R., T. G.A., A. V. et al. Instance Segmentation of Neuronal Cells Using U-Net, Mask R-CNN, and Detectron2. *International Journal of Biomedical Engineering and Technology*. 2024. Vol. 45. № 2. P. 129–149. DOI: 10.1504/IJBET.2024.138735.
16. Kirillov A., Mintun E., Ravi N. et al. Segment Anything. *arXiv*. 2023. [Электронный ресурс]. URL: <https://arxiv.org/abs/2304.02643> (дата обращения: 01.07.2024).
17. Mazurowski M.A., Dong H., Gu H. et al. Segment Anything Model for Medical Image Analysis: An Experimental Study. *Medical Image Analysis*. 2023. Vol. 89. P. 102918. DOI: 10.1016/j.media.2023.102918.
18. Ji W., Li J., Bi Q. et al. Segment Anything Is Not Always Perfect: An Investigation of SAM on Different Real-World Applications. *Machine Intelligence Research*. 2024. Vol. 21. P. 617–630. DOI: 10.1007/s11633-023-1385-0.
19. Huang Y., Yang X., Liu L. et al. Segment Anything Model for Medical Images? *Medical Image Analysis*. 2024. Vol. 92. P. 103061. DOI: 10.1016/j.media.2023.103061.
20. Ulman V., Maška M., Magnusson K.E.G. et al. An Objective Comparison of Cell-Tracking Algorithms. *Nature Methods*. 2017. Vol. 14. № 12. P. 1141–1152. DOI: 10.1038/nmeth.4473.
21. Maška M., Ulman V., Delgado-Rodriguez P. et al. The Cell Tracking Challenge: 10 Years of Objective Benchmarking. *Nature Methods*. 2023. Vol. 20. № 7. P. 1010–1020. DOI: 10.1038/s41592-023-01879-y.

RESUME

M. V. Solopov, E. S. Chechekhina, A. G. Popandopulo, A. S. Kavelina,
G. V. Akopian, V. V. Turchin

*Study of application of Mask R-CNN and Segment Anything Model (SAM)
for instance segmentation of mesenchymal stem cells in microphotographs*

Mesenchymal stem cells (MSCs) are vital for regenerative medicine, but their morphological heterogeneity complicates automated analysis. Traditional segmentation methods effectively detect cell regions but fail to separate individual objects. Modern models, such as Mask R-CNN, advance instance segmentation but struggle with high cell density. Foundational models like Segment Anything Model (SAM) offer new potential, yet their applicability to biomedical requires further validation. The aim of this study is to compare the efficiency of Mask R-CNN and SAM for instance segmentation of MSCs in microphotographs under varying cell density conditions.

The study utilized two datasets: 48 rat MSC microphotographs and 207 human MSC phase-contrast images, split into training/validation sets (80/20). Mask R-CNN (ResNet-50-FPN-V2) was fine-tuned with augmentations (flips, rotations) and AdamW optimizer; SAM was applied without fine-tuning, using Mask R-CNN-predicted bounding boxes. Evaluation was based on mAP (IoU 0.5–0.95), incorporating precision-recall metrics.

For rat MSCs (low density), Mask R-CNN achieved a mAP of 0.64, while SAM, using bounding boxes from Mask R-CNN, reached 0.61. For human MSCs (high density and overlap), mAP values decreased to 0.31 for Mask R-CNN and 0.26 for SAM. Despite SAM's higher prediction confidence (0.85 vs. 0.80 for human MSCs), its accuracy was lower due to errors in cell boundary detection during partial overlaps. Both models underestimated object counts in dense images, detecting 37.17 cells on average compared to the ground truth of 41.85.

The domain-specialized Mask R-CNN outperformed the foundational SAM in MSC instance segmentation, particularly under high-density and overlapping conditions. The quality of input prompts (bounding boxes) was critical for SAM, highlighting the need for prompt optimization, such as point-based hints or rough masks, and fine-tuning on target datasets. These findings are essential for developing automated cell culture analysis systems, where segmentation precision directly affects the reliability of quantitative and morphological assessments.

РЕЗЮМЕ

*М. В. Солопов, Е. С. Чечехина, А. Г. Попандопуло, А. С. Кавелина,
Г. В. Акопян, В. В. Турчин*

Исследование применения моделей Mask R-CNN и Segment Anything Model (SAM) для инстанс-сегментации мезенхимных стволовых клеток на микрофотографиях

Мезенхимные стволовые клетки (МСК) являются важными объектами исследований в области регенеративной биомедицины, но их морфологическая неоднородность осложняет автоматизированный анализ. Традиционные методы сегментации эффективны для выделения областей, но не разделяют отдельные клетки. Современные модели (Mask R-CNN) улучшают инстанс-сегментацию, но сталкиваются с трудностями при высокой плотности клеток. Появление фундаментальных моделей (Segment Anything Model, SAM) открывает новые возможности, однако их применимость к биомедицинским данным требует оценки. Цель исследования – сравнить эффективность архитектур Mask R-CNN и SAM для инстанс-сегментации МСК на микрофотографиях с различной плотностью клеток.

Исследование выполнено на двух датасетах: 48 микрофотографий крысиных МСК и 207 фазово-контрастных изображений человеческих МСК, разделённых на обучающую и валидационную выборки (80/20). Модель Mask R-CNN (ResNet-50-FPN-V2) дообучена с аугментациями (отражения, повороты) и оптимизатором AdamW; SAM применялась без дообучения, используя предсказанные Mask R-CNN ограничивающие рамки. Оценка проводилась по mAP (IoU 0,5–0,95) с учётом точности и полноты сегментации.

На датасете крысиных МСК (низкая плотность клеток) Mask R-CNN достигла mAP 0,64, SAM – 0,61. Для человеческих МСК (высокая плотность и перекрытие) Mask R-CNN показала mAP 0,31, SAM – 0,26. SAM продемонстрировала более высокую уверенность предсказаний (0,85 против 0,80 у Mask R-CNN для человеческих МСК), но ошибки в определении границ при перекрытии снизили точность. Обе модели недооценили количество объектов на плотных изображениях: среднее количество детектированных клеток составило 37,17 при истинном значении 41,85.

Специализированная модель Mask R-CNN превзошла фундаментальную SAM в задачах инстанс-сегментации МСК, особенно в условиях высокой плотности и перекрытия клеток. Качество входных подсказок (ограничивающих рамок) оказалось критическим фактором для SAM, что подчеркивает необходимость оптимизации промптов, таких как использование точечных подсказок или грубых масок, а также тонкой настройки модели на целевом датасете. Полученные результаты важны для разработки автоматизированных систем анализа клеточных культур, где точность сегментации напрямую влияет на достоверность количественных и морфологических оценок.

Солопов М. В. – биолог, лаборатория клеточно-тканевого культивирования ФГБУ «ИНВХ им. В.К. Гусака» Минздрава России, 283045, Донецк, пр-кт. Ленинский, 47, тел +7(949) 942-5835, mxsolopov@yandex.ru. *Область научных интересов:* регенеративная биомедицина, клеточные технологии, искусственный интеллект, нейронные сети

Чечехина Е. С. – лаборант, кафедра биохимии и регенеративной биомедицины, факультет фундаментальной медицины МГУ имени М.В. Ломоносова, 119234, г. Москва, пр-кт. Ломоносовский, 27 к.1, voynovaes.pharm@gmail.com. *Область научных интересов:* регенеративная биомедицина, клеточные технологии, искусственный интеллект, нейронные сети

Попандопуло А. Г. – д.мед.н, профессор, заведующий лабораторией клеточно-тканевого культивирования ФГБУ «ИНВХ им. В.К. Гусака» Минздрава России, 283045, Донецк, пр-кт. Ленинский, 47, pag.lctc@mail.ru. *Область научных интересов:* регенеративная биомедицина, клеточные технологии, хирургия

Кавелина А. С. – к.мед.н, биолог, лаборатория клеточно-тканевого культивирования ФГБУ «ИНВХ им. В.К. Гусака» Минздрава России, 283045, Донецк, пр-кт. Ленинский, 47, annakavelina@mail.ru. *Область научных интересов:* регенеративная биомедицина, клеточные технологии

Акопян Г. В. – биолог, лаборатория клеточно-тканевого культивирования ФГБУ «ИНВХ им. В.К. Гусака» Минздрава России, 283045, Донецк, пр-кт. Ленинский, 47, gulnara.akopyan.79@mail.ru. *Область научных интересов:* регенеративная биомедицина, клеточные технологии

Турчин В. В. – биолог, лаборатория клеточно-тканевого культивирования ФГБУ «ИНВХ им. В.К. Гусака» Минздрава России, 283045, Донецк, пр-кт. Ленинский, 47, turchin.dn@mail.ru. *Область научных интересов:* регенеративная биомедицина, клеточные технологии

Статья поступила в редакцию 14.06.2025.