

А. С. КОВАЛЕНКО, аспірант, Національний технічний університет «Харківський політехнічний інститут», м. Харків, Україна; e-mail: anton.kovalenko@cs.khpi.edu.ua; ORCID: <https://orcid.org/0009-0009-0336-871X>.

В. П. СЕВЕРИН, доктор технічних наук, професор, професор кафедри системного аналізу та інформаційно-аналітичних технологій, Національний технічний університет «Харківський політехнічний інститут», м. Харків, Україна; e-mail: valerii.severyn@khpi.edu.ua; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2969-6780>

АЛГОРИТМ АВТОМАТИЧНОГО СТВОРЕННЯ МАСКИ СЕГМЕНТАЦІЇ ДЛЯ ВИЯВЛЕННЯ БІОЛОГІЧНИХ ОБ'ЄКТІВ

У статті представлено метод автоматичного створення масок сегментації для біомедичних зображень, що забезпечує значне зменшення трудомісткості ручної анотації та підвищення відтворюваності підготовки даних. Запропонований підхід поєднує адаптивну порогову обробку з коефіцієнтами матриці Гаусса, морфологічні операції та геометричну фільтрацію контурів за площею та коефіцієнтом округлості. Така комбінація дозволяє ефективно виділяти клітинні структури за умов нерівномірного освітлення, шуму та низького контрасту, що є типовими проблемами мікроскопічних зображень. Метод протестовано на наборі даних BBBC030v1, який містить 60 зображень клітин яєчників китайського хом'яка. Для кожного зображення автоматично створена маска порівнювалась із наданою ground truth-анотацією за допомогою коефіцієнта Дайса. Отримано середнє значення 0,8954, медіану 0,9013 та стандартне відхилення 0,0254, що свідчить про високу точність та стабільність методу. Вузкий міжквартильний розмах (IQR = 0,0215) підтверджує рівномірність роботи алгоритму на більшості зразків, тоді як поодинокі викиди (0,80–0,85) пов'язані з нетиповими або низькоконтрастними зображеннями. Загальний результат демонструє, що класичний підхід сегментації без використання нейронних мереж може досягати якості, співставної з ручною розміткою експерта. Для перевірки практичної придатності згенерованих масок вони були використані для навчання нейронної мережі U-Net для задачі сегментації. Порівняння з тренуванням на реальних масках показало майже однакові результати (0,9036 проти 0,9037), що підтверджує можливість повної заміни ручної анотації автоматичним підходом. Розроблений метод може бути застосований для прискорення підготовки великих біомедичних наборів даних та інтеграції у системи підтримки прийняття рішень у цитології, гістології та інших галузях біомедицини.

Ключові слова: сегментація зображень, обробка зображень, адаптивне пороговування, коефіцієнт Дайса, штучні нейронні мережі, автоматична розмітка, комп'ютерний зір, інформаційна технологія.

Вступ. У сучасній біомедицині та біоінформації стрімко зростає обсяг цифрових зображень, отриманих за допомогою мікроскопів різних видів. Аналіз таких даних є необхідним для виявлення, класифікації та кількісної оцінки клітинних і тканинних структур. Ключовим етапом цього процесу є сегментація зображень, тобто побудова масок біологічних об'єктів, які точно окреслюють межі клітин або інших морфологічних утворень.

Ручне створення масок є надзвичайно трудомістким, потребує високої кваліфікації фахівців і значних часових витрат. Крім того, результати ручної розмітки часто є суб'єктивними й можуть відрізнятися залежно від виконавця, що знижує відтворюваність досліджень. У зв'язку з цим виникає потреба у розробці автоматизованих методів сегментації, які б забезпечували високу точність, стабільність та швидкість обробки біологічних зображень [1].

Автоматичне створення масок має критичне значення для вирішення широкого спектра наукових і прикладних задач – від підрахунку клітин у культурах до виявлення патологічних змін у тканинах. Зокрема, точна сегментація є основою для побудови систем автоматичного аналізу зображень у цитології, гістології, онкології, генетичних дослідженнях та фармакології. Завдяки цьому дослідники отримують можливість обробляти великі обсяги даних без втрати точності та з мінімальним втручанням людини.

Таким чином, автоматичне створення масок є важливою задачею, адже дозволяє прискорити підготовку великих датасетів; забезпечити уніфікованість розмітки; зменшити витрати часу та людських ресу-

рсів; підвищити якість подальшого навчання нейронних мереж.

Стан проблеми. Методи, що застосовуються для сегментації можна розділити на декілька груп.

Класичні алгоритми [2, 3], наприклад пороговування Отсу, адаптивне пороговування, кластеризація методом k -середніх, алгоритм watershed та морфологічні операції широко застосовуються для попередньої сегментації [4]. Методи пороговування базуються на аналізі гістограм зображення та дозволяють відокремлювати об'єкти від фону за інтенсивністю. Алгоритм Watershed, в свою чергу, є ефективним для виявлення об'єктів, що перекриваються, але є чутливим до шуму.

Енергетичні моделі, такі як активні контури, формують сегментацію як мінімізацію енергетичної функції, що намагається збалансувати гладкість границі та подібність пікселів до об'єкта/фону. Вони забезпечують високоточну сегментацію, але вимагають хороших початкових умов і часто є обчислювально складними [5–8].

Глибокі нейронні мережі, що представлені моделями U-Net, Mask R-CNN та DeepLab, наразі стали стандартом сегментації у біомедичних задачах. Проте якість їх навчання значною мірою залежить від наявності точних анотованих масок [9–10].

Останні досягнення в галузі глибокого навчання суттєво підвищили ефективність методів автоматичної сегментації. Архітектури нейронних мереж, такі як U-Net, Mask R-CNN, DeepLab або універсальні моделі на основі Segment Anything Model (SAM), демонструють здатність точно відтворювати контури біологічних структур навіть у складних умовах – за наявності

© Коваленко А. С., Северин В. П., 2025



Дослідницька стаття: Цю статтю опубліковано видавництвом *НТУ «ХПІ»* у збірнику «Вісник Національного технічного університету "ХПІ" Серія: Системний аналіз, управління та інформаційні технології». Ця стаття поширюється за міжнародною ліцензією [Creative Common Attribution \(CC BY 4.0\)](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/). **Конфлікт інтересів:** Автор/и заявив/или про відсутність конфлікту.



шумів, перекриттів або варіацій освітлення [11]. Це відкриває можливість створення універсальних систем для автоматизованого аналізу біологічних зображень, придатних до інтеграції у діагностичні та дослідницькі комплекси.

Постановка задачі. Таким чином, задача автоматичного створення масок для знімків біологічних об'єктів є актуальною як у теоретичному, так і в прикладному аспектах. Її розв'язання сприятиме підвищенню точності, об'єктивності та швидкості аналізу біомедичних даних, що, у свою чергу, створює передумови для розвитку нових підходів до діагностики, моніторингу стану клітин і автоматизації лабораторних процесів.

Постановку задачі сегментації можна формалізувати наступним чином:

Нехай задано набір біомедичних зображень в градаціях сірого:

$$X = \{I_1, I_2, \dots, I_n\}, \quad I_k : \Omega \subset \mathbb{R}^2. \quad (1)$$

Потрібно побудувати відповідний набір масок:

$$Y = \{M_1, M_2, \dots, M_n\}, \quad M_k \in \{0, 1\}, \quad (2)$$

де $M(x) = 1$ – піксель належить об'єкту;

$M(x) = 0$ – піксель належить фону.

Задача автоматичної сегментації формулюється як знаходження функції $f : I_k \mapsto M_k$, яка для будь-якого вхідного зображення генерує відповідну маску.

Основна частина. На основі підходу, запропонованого в [1, 2] розроблено алгоритм автоматичного створення масок сегментації з використанням комбінації класичних підходів комп'ютерного зору та евристичних критеріїв фільтрації контурів (рис. 1). Алгоритм забезпечує виділення цільових структур на вхідних зображеннях та формування бінарної маски, придатної для подальшого використання як у моделях глибокого навчання, так і в класичних процедурах аналізу зображень.

Для забезпечення стійкості алгоритму до шумів, неоднорідного освітлення та локальних контрастних артефактів, вхідне зображення спочатку переводиться у градації сірого.

Після цього застосовується Гауссове розмиття, що зменшує високочастотний шум та покращує якість подальшої сегментації.

Для виділення потенційних об'єктів використовується адаптивний метод бінаризації, який враховує локальні зміни яскравості. Це дозволяє уникнути проблем класичної глобальної бінаризації, особливо у випадках нерівномірного освітлення та слабого контрасту, адже застосування глобального порогу (наприклад, методу Отсу) часто виявляється недостатньо ефективним у випадках нерівномірного освітлення, локального контрасту або присутності тіней (рис. 2).

Адаптивна порогова обробка ділить зображення на малі області (підвікна) заданого розміру (blockSize). Для кожного пікселя вікно формується навколо нього, після чого обчислюється локальна статистика інтен-

сивності. На основі цієї статистики формується локальний поріг, який застосовується для класифікації пікселя як «об'єкт» або «фон».

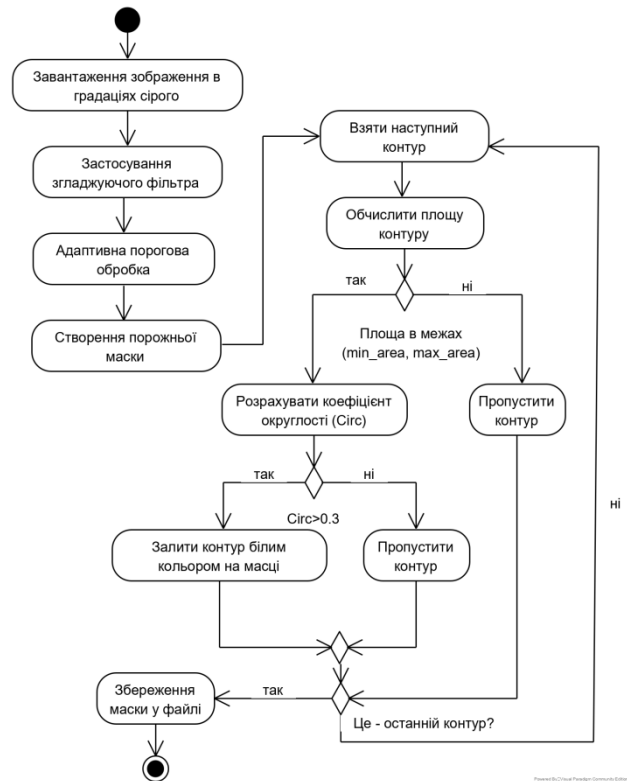


Рис. 1. Алгоритм автоматичного створення масок об'єктів

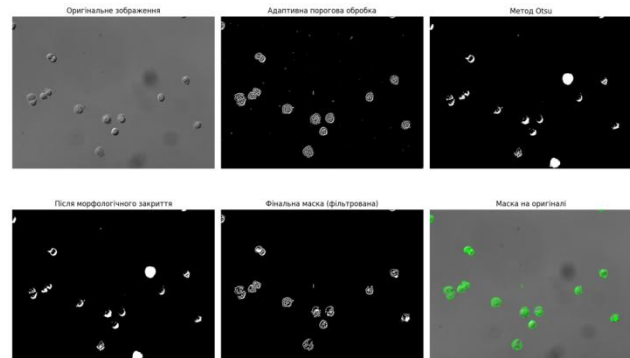


Рис. 2. Незадовільні результати використання глобальних фільтрів

Локальний поріг обчислюється як вагова сума пікселів у локальному вікні, де ваги задаються Гауссовим ядром:

$$T(x, y) = \sum_{(i, j) \in W} w(i, j) \cdot I(i, j) - C, \quad (3)$$

де $T(x, y)$ – локальний поріг у точці (x, y) ,

W – вікно околу розміром $blockSize \times blockSize$;

$w(i, j)$ – коефіцієнти матриці Гаусаса;

$I(i, j)$ – значення яскравості пікселя;

C – коригувальна константа, що віднімається від локального порогу.

При більшому значенні C маска стає жорсткішою, при меншому значенні фільтр виявляє більше деталей і шуму.

Таким чином, вікна з різним освітленням отримують різні пороги і алгоритм залишається стабільним на складних текстурах та слабоконтрастних областях.

Також, так як у більшості мікроскопічних зображень об'єкти є темнішими за фон, то більш зручна маска буде отримана із застосуванням інверсної бінаризації, де об'єкт стає білим. Інверсна бінаризація може бути визначена наступним чином:

- якщо $I(x, y) > T(x, y)$, то значення пікселя буде дорівнювати 0 (є фоном);
- якщо $I(x, y) \leq T(x, y)$, то значення пікселя буде дорівнювати 255 (є об'єктом).

Розмір локального вікна є параметром, що підлягає налаштуванню і залежить від розміру об'єктів, що виявляються:

- якщо вікно занадто мале, то адаптивний фільтр буде чутливим до шуму,
- якщо вікно занадто велике, то фільтр буде розмивати дрібні структури.

Отримана бінарна карта проходить операцію морфологічного закриття (dilation + erosion), що дозволяє усунути локальні розриви контурів об'єктів та зменшити кількість шумових компонентів.

На морфологічно обробленому зображенні здійснюється пошук контурів. Кожний контур розглядається як потенційний об'єкт сегментації. Для кожного контуру обчислюються його основні геометричні характеристики (периметр та площа).

Для усунення хибних спрацювань (артефактів, шумів, дуже дрібних або надто великих структур) використовується фільтрація за площею. Контури, площа яких не належить до інтервалу $[min_area, max_area]$, відкидаються. Це забезпечує адаптивність алгоритму до конкретного типу об'єктів.

Також для відокремлення цільових об'єктів від структур з довільною формою застосуємо коефіцієнт округлості $Circ$, що може бути отримано із ізопериметричної нерівності:

$$Circ = \frac{4\pi \cdot A}{P^2}, \quad (4)$$

де A – площа контуру;

P – його периметр.

Значення $Circ$ близьке до 1 свідчить про майже круглу форму; значення менше 0,3 характерне для видовжених або нерегулярних об'єктів.

Для контурів, що задовольнили умови за площею та округлістю, на вихідну маску наноситься заповнений білим кольором силует об'єкта. Таким чином формується бінарна маска, де пікселі об'єкта мають значення 255, а фона – 0.

Робота алгоритму на різних кроках представлена на рис. 3.

Цей алгоритм було протестовано на наборі BBBC030v1 із Broad Bioimage Benchmark Collection [12], що складається із 60 зображень дифе-

ренціального інтерференційного контрасту клітин яєчників китайського хом'яка за ліцензією Creative Commons Attribution 3.0 license (CC BY 3.0). Всі зображення мають 3 кольорні канали та розмір (1032, 1376). Для кожного зображення є збережені контури клітин, що було створено вручну.

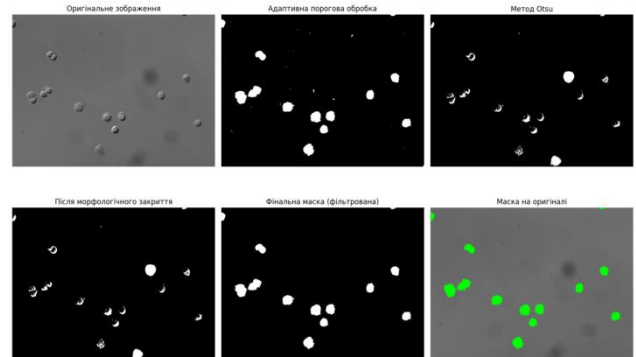


Рис. 3. Етапи автоматичного створення масок біооб'єктів

В якості параметрів, що потребують налаштування було обрано значення, які наведені в табл. 1:

Таблиця 1 – Налаштування параметрів

Параметр	Значення
C	3
$blockSize$	15
$Circ$	0,3

Застосуємо описаний вище алгоритм для всіх зображень і обчислимо значення. В якості метрики оцінки використаємо коефіцієнт Дайса, що порівнює прогнозовану маску ($mask_pred$) з реальною ($mask_true$):

$$Dice = \frac{2|M \cap \hat{M}|}{|M| + |\hat{M}|}, \quad (5)$$

де $\hat{M}$ – це прогнозована маска (Predicted Mask), тобто всі пікселі, що було визначено як об'єкт;

M – реальна маска (Ground Truth Mask), або пікселі, які дійсно належать об'єкту;

$|\hat{M}|$ – кількість білих пікселів у прогнозованій масці;

$|M|$ – кількість білих пікселів у реальній масці;

$|M \cap \hat{M}|$ – це перетин двох множин білих пікселів,

або ж кількість пікселів, де маски збігаються, тобто модель правильно передбачила об'єкт.

Чим ближче коефіцієнт Дайса до 1, тим краще модель виявляє об'єкти на зображенні. Для 60 наявних зображень було отримано маски характеристиками наведеними в табл. 2.

Для аналізу отриманих результатів є доцільним побудувати boxplot, який відображає розподіл значень Dice-коефіцієнта для набору зображень (рис. 4).

Таблиця 2 – Результати автоматичного створення масок

Параметр	Значення
Середнє значення	0,8954
Медіана	0,9013
Стандартне відхилення	0,0254
Мінімальне значення	0,8028
Максимальне значення	0,9319
Q1	0,8909
Q3	0,9124
IQR	0,0215

З цього графіка маємо таку інформацію:

1) Медіана $\approx 0,90$ свідчить про високу якість сегментації.

2) Вузкий міжквартильний розмах (IQR) $\approx 0,02$ вказують на невелике варіювання отриманих значень і, відповідно, стабільну сегментацію.

3) Є декілька викидів, де алгоритм спрацював гірше, але їх небагато, то ж алгоритм є стійким.

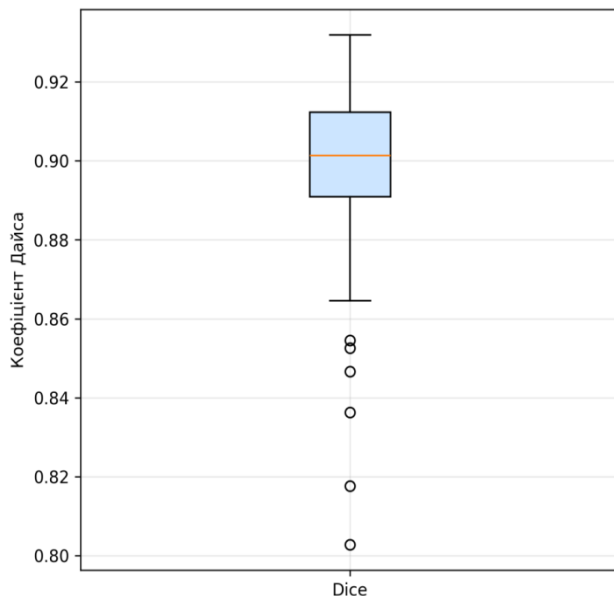


Рис. 4. Розподіл значень коефіцієнта Дайса

Застосуємо отримані маски для навчання мережі U-Net з гіперпараметрами:

- оптимізатор – adam;
- функція втрат – комбінована:

$$Loss = \alpha \cdot BCE + \beta \cdot (1 - Dice), \quad (6)$$

де BCE – функція бінарної кросентропії;

$Dice$ – функція Дайса;

α і β – коефіцієнти для балансу вкладу кожної компоненти, $\alpha + \beta = 1$.

При навчанні моделі найкращий показник було отримано з $\alpha = 0,4$, $\beta = 0,6$.

- розмір батча – 8;
- кількість епох – 100.

Для оцінки якості навчання було використано середній коефіцієнт Дайса, значення якого наведено в табл. 3:

$$Dice_{mean} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N Dice_i, \quad (7)$$

де $Dice$ – коефіцієнт Дайса, що визначається за формулою (7).

Таблиця 3 – Середній коефіцієнт Дайса на тренувальному наборі

Вид навчання	Значення
Навчання з використанням реальних масок	0,9037
Навчання за автоматично створеними масками	0,9036

Аналізуючи зміну коефіцієнта Дайса для тренувального та валідаційного наборів протягом 100 епох навчання моделі сегментації кривих навчання та валідації (рис. 5), можна зробити висновок, що у перші 10–15 епох значення метрики залишаються низькими, що є очікуваним етапом, коли модель лише починає формувати базові уявлення про структуру об'єктів на зображеннях. Починаючи приблизно з 15–20 епохи спостерігається різкий приріст значення як тренувального, так і валідаційного коефіцієнта, що свідчить про перехід моделі до ефективного навчання та здатності відтворювати коректні маски.

Після 25-ї епохи обидві криві виходять на фазу стабільного зростання та поступово наближаються до плато. Коефіцієнт Дайса на тренувальному наборі досягає значень близько 0,92, тоді як на валідаційному – стабілізується на рівні приблизно 0,89. Невелика різниця між кривими (приблизно 0,02–0,03) свідчить про відсутність суттєвого перенавчання та добру здатність моделі узагальнювати інформацію на нових даних.

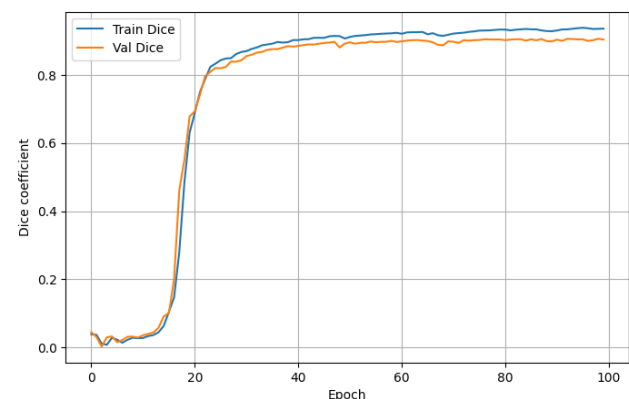


Рис. 5. Динаміка коефіцієнта Дайса під час навчання

Експеримент. У роботі досліджено актуальну проблему автоматизації процесу створення масок сегментації для цифрових біомедичних зображень, отриманих методами мікроскопії різних модальностей. Ручна розмітка біологічних об'єктів є надзвичайно трудомістким процесом, що вимагає високої кваліфікації фахівців, значних часових витрат та характе-

ризується суб'єктивністю результатів, що знижує відтворюваність наукових досліджень.

Для вирішення цієї проблеми запропоновано комплексний метод автоматичної сегментації, який інтегрує декілька класичних підходів комп'ютерного зору. В основі методу лежить адаптивна порогова обробка із застосуванням Гауссових вагових коефіцієнтів, що дозволяє ефективно враховувати локальні зміни яскравості та забезпечує стійкість до нерівномірного освітлення. Для усунення шумових артефактів та заповнення розривів у контурах об'єктів використовуються морфологічні операції закриття. Додатково реалізовано інтелектуальну систему фільтрації виявлених контурів на основі геометричних критеріїв: площі об'єкта та коефіцієнта округлості, розрахованого з використанням ізопериметричної нерівності. Це дозволяє відокремити цільові біологічні структури від фонових артефактів та нерелевантних об'єктів.

Експериментальна перевірка розробленого алгоритму проведена на стандартизованому наборі даних BBBC030v1 з колекції Broad Bioimage Benchmark Collection, який містить 60 зображень диференціального інтерференційного контрасту клітин яєчників китайського хом'яка розміром 1376×1032 пікселів з трьома кольоровими каналами. Кожне зображення супроводжується вручну створеними експертними анотаціями контурів клітин, що дозволило провести об'єктивну оцінку якості автоматичної сегментації.

Висновки. За результатами проведеного дослідження можна зробити наступні висновки:

Розроблений алгоритм автоматичного створення масок демонструє високу ефективність для сегментації біомедичних зображень. Середнє значення коефіцієнта Дайса 0,8954 та медіана 0,9013 свідчать про точність методу, порівнянну з результатами ручної розмітки експертами.

Стабільність та відтворюваність результатів підтверджується низьким стандартним відхиленням (0,0254) та вузьким міжквартильним розмахом (0,0215). Це вказує на надійність алгоритму при обробці різних зображень з набору даних.

Комбінація адаптивного порогоування з геометричною фільтрацією виявилася ефективною для виділення цільових об'єктів у складних умовах нерівномірного освітлення та низького контрасту, де глобальні методи показують незадовільні результати.

Практична придатність автоматично створених масок підтверджена результатами навчання нейронної мережі U-Net: різниця між навчанням на автоматичних (0,9036) та реальних масках (0,9037) є статистично незначущою, що свідчить про можливість повної заміни ручної розмітки.

Наявність викидів у діапазоні 0,80–0,85 вказує на необхідність подальшого вдосконалення алгоритму для випадків екстремально низького контрасту, значного шуму або атипових форм об'єктів.

Запропонований метод суттєво знижує трудомісткість підготовки датасетів для навчання моделей глибокого навчання, забезпечуючи уніфікованість розмітки та економію часу дослідників.

Процес навчання моделі U-Net на автоматично створених масках демонструє стабільну динаміку без ознак перенавчання, що підтверджує якість згенерованих анотацій та коректність вибору гіперпараметрів.

Таким чином, розроблений метод автоматичного створення масок є ефективним інструментом для автоматизації сегментації біомедичних зображень і може бути рекомендований для практичного застосування в цитології, гістології та інших галузях біомедичних досліджень, де необхідна обробка великих обсягів мікроскопічних даних.

Список використаної літератури

1. Kovalenko S. M., Kutsenko O. S., Kovalenko S. V., Kovalenko A. S. Approach to the automatic creation of an annotated dataset for the detection, localization and classification of blood cells in an image. *Radio Electronics, Computer Science, Control*. 2024. No. 1. P. 128–139. <https://doi.org/10.15588/1607-3274-2024-1-12>.
2. Коваленко А. С. Оптимізація процесу анотації зображень біологічних об'єктів методами комп'ютерного зору. *Вісник Національного технічного університету «ХПІ»*. Серія: Системний аналіз, управління та інформаційні технології. Харків. НТУ «ХПІ», 2025. № 1 (13). С. 77–82. <https://doi.org/10.20998/2079-0023.2025.01.11>.
3. Грицик В. Дослідження теорії зображень множини точок і операцій над ними. *Прикладні питання математичного моделювання*, 2021. № 4(2.1). С. 102–111.
4. Грицик В. В. Дослідження методів сегментації зображень при їх застосуванні в прикладних задачах. *Прикладні питання математичного моделювання*, 2019. Т. 2, № 1. С. 38–43. <https://doi.org/10.32782/2618-0340-2019-3-2>.
5. Liang Z., Wang T., Zhang X., Sun J., Shen J. Tree energy loss: Towards sparsely annotated semantic segmentation. In *Proceedings of the IEEE/CVF conference on computer vision and pattern recognition*. 2022. P. 16907–16916.
6. Zhong J, Du S, Shen C, Chen Y, Gao M, Naidu M, Shi X, Fu Y. Energy based segmentation methods for images with non-Gaussian noise. *Sci Rep*. 2025. Vol. 15, is.1:25707. DOI: 10.1038/s41598-025-09211-8. PMID: 40670447; PMCID: PMC12267753.
7. Chan T. F., Vese L. A. Active Contours Without Edges. *IEEE Transactions on image processing*. 2001. Vol. 10, is. 2. P. 266–277.
8. Boucheron L. E., Valluri M., McAteer R. T. J. Segmentation of coronal holes using active contours without edges. *Solar Physics*. 2016. Vol. 291, is. 8. P. 2353–2372.
9. Ronneberger O., Fischer P., Brox T. U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI)*. 2015. P. 234–241.
10. Haque I. R. I., Neubert J. Deep learning approaches to biomedical image segmentation. *Informatics in Medicine Unlocked*. 2020. Vol. 18. Art. 100297.
11. Wang J., Zhu H., Wang SH. et al. A Review of Deep Learning on Medical Image Analysis. *Mobile Netw Appl*. 2021. Vol. 26. P. 351–380. <https://doi.org/10.1007/s11036-020-01672-7>.
12. Koos K., Molnár J., Kelemen L., Tamás G., Horvath P. DIC image reconstruction using an energy minimization framework to visualize optical path length distribution. *Scientific reports*. 2016. Vol. 6. Art. 30420.

References (transliterated)

1. Kovalenko S. M., Kutsenko O. S., Kovalenko S. V., Kovalenko A. S. Approach to the automatic creation of an annotated dataset for the detection, localization and classification of blood cells in an image. *Radio Electronics, Computer Science, Control*. 2024, no. 1, pp. 128–139. <https://doi.org/10.15588/1607-3274-2024-1-12>.
2. Kovalenko A. Optymizatsiia protsesu anotatsii zobrazhen biolohichnykh ob'ektiv metodamy kompiuternoho zoru. [Optimization of the annotation process for biological object images using computer vision methods]. *Visnyk Natsionalnoho tekhnichnoho universytetu «KhPI»*. Seriya: Systemnyi analiz, upravlinnia ta informatsiini tekhnolohii. [Bulletin of National Technical University "KhPI". Series: System Analysis, Control and Information

- Technologies]. Kharkiv, NTU "KhPI" Publ., 2025, no. 1 (13), pp. 77–82. <https://doi.org/10.20998/2079-0023.2025.01.11> (In Ukr.).
3. Hrytsyk V. Doslidzhennia teorii zobrazhen mnozhyny tochk i operatsii nad nymy [Research into the theory of images of sets of points and operations on them]. *Prykladni pytannia matematychnoho modeliuvannia* [Applied issues of mathematical modeling]. 2021, no. 4(2.1), pp. 102–111. (In Ukr.).
 4. Hrytsyk V. V. Doslidzhennia metodiv sehmentatsii zobrazhen pry yikh zastosuvanni v prykladnykh zadachakh [Research on image segmentation methods in their application in applied problems]. *Prykladni pytannia matematychnoho modeliuvannia* [Applied issues of mathematical modeling]. 2019, vol. 2, no. 1, pp. 38–43. <https://doi.org/10.32782/2618-0340-2019-3-2>. (In Ukr.).
 5. Liang Z., Wang T., Zhang X., Sun J., Shen J. Tree energy loss: Towards sparsely annotated semantic segmentation. In *Proceedings of the IEEE/CVF conference on computer vision and pattern recognition*. 2022, pp. 16907–16916.
 6. Zhong J, Du S, Shen C, Chen Y, Gao M, Naidu M, Shi X, Fu Y. Energy based segmentation methods for images with non-Gaussian noise. *Sci Rep*. 2025, vol. 15, is.1:25707. DOI: 10.1038/s41598-025-09211-8. PMID: 40670447; PMCID: PMC12267753.
 7. Chan T. F., Vese L. A. Active Contours Without Edges. *IEEE Transactions on image processing*. 2001, vol. 10, is. 2, pp. 266–277.
 8. Boucheron L. E., Valluri M., McAteer R. T. J. Segmentation of coronal holes using active contours without edges. *Solar Physics*. 2016. Vol. 291, is. 8, pp. 2353–2372.
 9. Ronneberger O., Fischer P., Brox T. U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI)*. 2015, pp. 234–241.
 10. Haque I. R. I., Neubert J. Deep learning approaches to biomedical image segmentation. *Informatics in Medicine Unlocked*. 2020, vol. 18, article 100297.
 11. Wang J., Zhu H., Wang SH. et al. A Review of Deep Learning on Medical Image Analysis. *Mobile Netw Appl*. 2021, vol. 26, pp. 351–380. <https://doi.org/10.1007/s11036-020-01672-7>.
 12. Koos K., Molnár J., Kelemen L., Tamás G., Horvath P. DIC image reconstruction using an energy minimization framework to visualize optical path length distribution. *Scientific reports*. 2016, vol. 6, article 30420.

Надійшла (received) 22.11.2025

UDC 004.932.2:004.93'1

A. S. KOVALENKO, National Technical University "Kharkiv Polytechnic Institute", PhD Student, Kharkiv, Ukraine; e-mail: anton.kovalenko@cs.khpi.edu.ua; ORCID: <https://orcid.org/0009-0009-0336-871X>.

V. P. SEVERYN, Doctor of Technical Sciences, Professor, Professor of Department System Analysis and Information Analytical Technologies National Technical University "Kharkiv Polytechnic Institute", Kharkiv, Ukraine; e-mail: valerii.severyn@khpi.edu.ua; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2969-6780>.

ALGORITHM FOR AUTOMATIC CREATION OF SEGMENTATION MASK FOR DETECTION OF BIOLOGICAL OBJECTS

The article presents a method for automatically creating segmentation masks for biomedical images, which significantly reduces the laboriousness of manual annotation and increases the reproducibility of data preparation. The proposed approach combines adaptive thresholding with Gaussian matrix coefficients, morphological operations, and geometric filtering of contours by area and roundness coefficient. This combination allows for effective separation of cellular structures under conditions of uneven illumination, noise, and low contrast, which are typical problems of microscopic images. The method was tested on the BBBC030v1 dataset, which contains 60 images of Chinese hamster ovary cells. For each image, the automatically created mask was compared with the provided ground truth annotation using the Dice coefficient. The average value was 0.8954, the median was 0.9013, and the standard deviation was 0.0254, which indicates high accuracy and stability of the method. The narrow interquartile range (IQR = 0.0215) confirms the uniformity of the algorithm's performance on most samples, while single outliers (0.80–0.85) are associated with atypical or low-contrast images. The overall result demonstrates that the classical segmentation approach without the use of neural networks can achieve quality comparable to manual expert labeling. To verify the practical suitability of the generated masks, they were used to train the U-Net neural network for the segmentation task. Comparison with training on real masks showed almost identical results (0.9036 vs. 0.9037), which confirms the possibility of full or partial replacement of manual annotation by an automatic approach. The developed method can be applied to accelerate the preparation of large biomedical datasets and integration into decision support systems in cytology, histology and other fields of biomedicine.

Keywords: image segmentation, image processing, adaptive thresholding, Dice coefficient, artificial neural networks, automatic labeling, computer vision, information technology.

Повні імена авторів / Author's full names

Автор 1 / Author 1: Коваленко Антон Сергійович / Kovalenko Anton Serhiyovych

Автор 2 / Author 2: Северин Валерій Петрович / Severyn Valerii Petrovych