

DOI 10.31718/2077-1096.26.2.163

УДК 618.146–006–071:378.147

Робота Д.В., Павлов С.В.

ВИКОРИСТАННЯ АЛГОРИТМІВ ШТУЧНОГО ІНТЕЛЕКТУ З ЕЛЕМЕНТАМИ ГЛИБОКОГО НАВЧАННЯ В ЦИТОЛОГІЧНІЙ ДІАГНОСТИЦІ РАКУ ШИЙКИ МАТКИ

Запорізький державний медико-фармацевтичний університет, м. Запоріжжя, Україна.

Рак шийки матки залишається однією з провідних причин онкологічної смертності серед жінок у всьому світі, що зумовлює нагальну потребу в розробці ефективних методів автоматизованої цитологічної діагностики. Мета дослідження розробити та верифікувати модель глибокого навчання для автоматизованої сегментації та класифікації клітин з ознаками злоякісної трансформації в цитологічних препаратах шийки матки. Матеріали та методи. Матеріалом дослідження слугували мікроскопічні зображення 124 цитологічних препаратів мазків шийки матки, отриманих від 87 пацієнток (вік 21–65 років) в лабораторії навчально-наукового медичного центру «Університетська клініка» Запорізького державного медичного університету; загальна кількість анотованих клітин склала 18 340. Для задачі сегментації використовувалась архітектура U-Net з енкодером ResNet-50, для мультикласової класифікації згортова нейронна мережа на базі ResNet-50 із замінним класифікаційним блоком. Навчання моделей здійснено у фреймворку PyTorch (версія 2.5.1) з оптимізатором Adam та застосуванням таргетної аугментації і зваженої функції втрат для корекції дисбалансу класів. Інтерпретацію рішень моделі забезпечено методом Grad-CAM. Результати. Модель класифікації продемонструвала Global Accuracy 0.97 ± 0.03, Specificity 0.96 ± 0.07, Sensitivity 0.93 ± 0.04, Precision 0.87 ± 0.02 та F1-score 0.91 ± 0.03. Показники якості сегментації клітинних контурів склали Mean Dice 0.847 ± 0.031 та Mean IoU 0.736 ± 0.028; для сегментації ядер Mean Dice 0.821 ± 0.035, Mean IoU 0.711 ± 0.033. Висновки. Розроблена модель продемонструвала високу ефективність автоматизованого розпізнавання атипичних клітин у цитологічних мазках шийки матки та може розглядатися як перспективний інструмент підтримки прийняття рішень у цитологічній діагностиці раку шийки матки.

Ключові слова: цифрова патологія, глибоке навчання, U-Net, сегментація зображень, алгоритми оптимізації, лабораторна діагностика, рак шийки матки.

Всі матеріали поширюються на умовах ліцензії Creative Commons Attribution License International CC-BY, яка дозволяє іншим розповсюджувати роботу з визнанням авторства цієї роботи і першої публікації в цьому журналі © Всі автори, 2025

Надійшла/Received: 11.03.2026. Прийнята/Accepted: 14.04.2026. Опублікована/Published: 29.05.26.

ISSN 2077-1096 (print), ISSN 2077-1126 (online)

Вступ

Рак шийки матки займає особливе місце серед онкологічних захворювань жіночої репродуктивної системи не лише через масштаби поширення, а й через разючу невідповідність між потенційною запобіжністю цієї патології та реальними показниками смертності. За даними Всесвітньої організації охорони здоров'я, у 2022 році в усьому світі було зареєстровано близько 662 000 нових випадків та понад 348 000 смертей від цього захворювання, що відповідає четвертому місцю за поширеністю серед злоякісних новоутворень у жінок [1]. При цьому близько 94% летальних випадків реєструється у країнах з низьким та середнім рівнем доходу [1] і причиною тому є не біологічна агресивність пухлини, а системна недостатність скринінгового охоплення та нерівний доступ до сучасних діагностичних технологій. Зазначена закономірність надає проблемі розробки ефективних та масштабованих методів ранньої діагностики не лише медичного, а й виразного суспільного значення.

Фундаментом цервікального скринінгу протягом кількох десятиліть слугує тест Папаніколау (Pap smear), впровадження якого дозволило суттєво знизити смертність шляхом виявлення передракових епітеліальних змін на доінвазивних

стадіях. Утім, за зовнішньою простотою цього методу приховуються серйозні системні обмеження. Мануальний морфологічний аналіз цитологічних препаратів залишається надзвичайно трудомістким і значною мірою суб'єктивним процесом: кваліфікований патолог змушений щодня опрацьовувати сотні зразків в умовах неминучої когнітивної втоми, що безпосередньо позначається на відтворюваності та узгодженості результатів фахівців. Ситуацію ускладнює наявність у мазках артефактів, слизових нашарувань, еритроцитів і щільних клітинних скупчень, що суттєво підвищує ймовірність як помилково-негативних, так і помилково-позитивних висновків кожен із яких має реальні клінічні наслідки для пацієнтки [2, 3].

Якісно новий технологічний горизонт для подолання цих обмежень відкрило впровадження цифрової мікроскопії у поєднанні з методами комп'ютерного зору. Цифровізація мікроскопічних зображень створює передумови для автоматизованого та стандартизованого аналізу цитологічних препаратів, що забезпечує підвищення відтворюваності морфологічної діагностики та знижує залежність результатів від суб'єктивного фактора [3].

Саме конвергенція цих технологій заклала

підґрунтя для стрімкого утвердження методів глибокого навчання (Deep Learning, DL) як провідного інструменту побудови інтелектуальних систем підтримки клінічних рішень у цервікальній цитології. Показовими в цьому контексті є результати систематичного огляду Valles-Coral та співавторів (2026), що охопив 77 досліджень 2022–2025 років: гібридні архітектури домінували серед проаналізованих підходів, становлячи 56% усіх моделей, середня точність класифікації цервікальних клітин сягнула 87,76%, а окремі гібридні та ViT-моделі перевищили позначку 92% [2]. Згорткові нейронні мережі (Convolutional Neural Networks, CNN) утвердилися як де-факто стандарт вилучення локальних просторових ознак із цитологічних зображень, тоді як трансформери зору (Vision Transformers, ViT) розширили аналітичні можливості завдяки здатності моделювати глобальний контекст і довгодистанційні просторові залежності між клітинами [4, 5]. Логічним синтезом обох парадигм стали гібридні CNN-ViT архітектури: Shinde та співавтори у межах фреймворку DeerCyto переконливо продемонстрували, що злиття глибоких ознак із кількох попередньо навчених CNN-моделей у єдиному класифікаційному конвеєрі суттєво підвищує точність мультикласового розпізнавання цитологічних аномалій [6].

Між тим, надійна класифікація клітин неможлива без попереднього вирішення фундаментальнішого завдання точної сегментації: виділення меж окремих клітин, їхніх ядер та цитоплазми для коректного морфометричного аналізу. Архітектура U-Net зберігає лідерство як найбільш затребуване рішення для семантичної сегментації у медичній візуалізації [7]. Разом із тим цервікальна цитологія ставить перед сегментаційними алгоритмами специфічний і технічно складний виклик феномен взаємного перекриття клітин (overlapping cells) у щільних кластерах. Для його вирішення активно розробляються спеціалізовані архітектурні рішення: Rasheed та співавтори запропонували модифіковану архітектуру C-UNet із двонаправленою пірамідою ознак (BiFPN), що забезпечує точну сегментацію ядер навіть у перекритих, розмитих та зашумлених препаратах [8]. Паралельно Mosquera-Zamudio та співавтори провели порівняльну оцінку U-Net, ViT та Detectron2 для екземплярної сегментації в цервікальній цитології, досягнувши до 98% паноптичної якості (PQ) на стандартизованих публічних датасетах [9].

Проте навіть бездоганна технічна продуктивність алгоритму не є запорукою його успішної клінічної інтеграції. Центральним бар'єром на цьому шляху залишається так звана «проблема чорної скриньки» (black-box problem) принципова непрозорість процесу прийняття рішень нейронними мережами, що породжує обґрунтовану недовіру клініцистів до автоматизованих діагностичних висновків [2, 10]. Відповіддю на цей виклик стало становлення галузі пояснювального

штучного інтелекту (Explainable AI, XAI): Civit-Masot та співавтори розробили легковагову XAI-систему для класифікації цервікальних уражень на основі LBC-зображень, де метод Grad-CAM використовується для візуалізації морфологічно значущих зон безпосередньо на цитологічному зображенні, що дозволяє патологу верифікувати логіку рішення моделі та формує необхідний рівень клінічної довіри [10]. Алгоритми LIME та SHAP доповнюють цей підхід кількісною атрибуцією внеску окремих морфологічних ознак у прийняте рішення [11].

Мета дослідження

Розробити та верифікувати модель глибокого навчання для автоматизованої сегментації та класифікації клітин з ознаками злоякісної трансформації в цитологічних препаратах шийки матки із метою підвищення точності та відтворюваності морфологічної діагностики.

Матеріали та методи

Клінічний матеріал. Матеріалом дослідження слугували цифрові цитологічні зображення мазків шийки матки, отримані в лабораторії навчально-наукового медичного центру «Університетська клініка» Запорізького державного медичного університету. До дослідження залучено 87 пацієнток віком від 21 до 65 років; досліджено 124 цитологічних препарати, із яких отримано мікроскопічні знімки з використанням світлового мікроскопа Carl Zeiss Primo Star (Carl Zeiss AG, Німеччина), загальна кількість локально розмічених клітин склала 18 340. Препарати виготовлено методом звичайного цитологічного мазка із подальшим забарвленням за методом Папаніколау.

Анотування та формування датасету. Анотування цитологічних зображень, виділення контурів клітин та їхніх ядер, а також формування бінарних масок для задачі сегментації здійснено авторами дослідження. Для навчання моделі було визначено чотири класи елементів: клітини з ознаками злоякісної трансформації (атипові клітини) за наявності ядерного поліморфізму, гіперхромії, підвищеного ядерно-цитоплазматичного співвідношення, нерівномірності ядерних контурів та вираженого клітинного атипізму; клітини плоского епітелію без ознак злоякісності (нормальний епітелій, LSIL), запальні клітини та фонові компоненти мазка (слиз, детрит, еритроцити). Такий підхід дозволив орієнтувати модель не лише на виявлення злоякісно змінених клітин, але й на їх чітке відмежування від морфологічно подібних непухлинних елементів. Правильність анотування верифікувалась шляхом консультації з досвідченим лікарем-цитологом із клінічним досвідом не менше п'яти років; узгодженість оцінювалась за коефіцієнтом Каппа Коена і склала $k = 0.81$, що відповідає майже ідеальній узгодженості за шкалою Landis & Koch.

Формування датасету та його розподіл на навчальну (70%), валідаційну (15%) і тестову (15%) вибірки виконано мовою програмування Python (версія 3.12) у середовищі Jupyter Notebook. Розподіл здійснювався на рівні пацієнта (patient-level split), що виключає потрапляння зображень одного пацієнта одночасно до різних вибірок і запобігає витоку даних (data leakage).

З огляду на виражений дисбаланс класів, характерний для медичних цитологічних датасетів, аугментація застосовувалась таргетно переважно до меншинного класу атипичних клітин. Розподіл анотованих клітин за класами у загальному датасеті становив: атипичні клітини 2 841 (15,5%), клітини нормального епітелію/LSIL 7 623 (41,6%), запальні клітини 4 512 (24,6%), фонові компоненти 3 364 (18,3%). Для корекції дисбалансу використовувались афінні перетворення, випадкове обертання, зміна яскравості та контрасту. Додатково для подолання дисбалансу застосовувалась зважена функція втрат (class-weighted loss) із вагами, обернено пропорційними частоті кожного класу у навчальній вибірці.

Нормалізацію кольорового забарвлення зображень виконано з використанням бібліотеки Torchstain (версія 1.3.0). Вибір методу нормалізації ґрунтувався на результатах нашого попереднього дослідження, в якому проводилась порівняльна оцінка методів Масенко, Reinhard та Modified Reinhard: метод Modified Reinhard продемонстрував найвищі показники якості сегментації (Mean IoU: 0.7086, Mean Dice: 0.8279, Specificity: 0.9112), що обумовило його вибір для попередньої обробки зображень у цьому дослідженні [15].

Архітектура моделі. Розробку моделі здійснено на базі фреймворку PyTorch (версія 2.5.1). Для вирішення задачі сегментації клітин та їхніх ядер використовувалась архітектура U-Net з енкодером ResNet-50 із застосуванням підходу transfer learning [7]. Для задачі мультикласової класифікації цитологічних елементів застосовувалась згортова нейронна мережа на базі ResNet-50 із заміненням класифікаційним блоком.

Оптимізацію параметрів обох моделей виконано алгоритмом Adam із початковою швидкістю навчання 1×10^{-4} . Вибір оптимізатора Adam обґрунтований результатами нашого попереднього порівняльного дослідження, в якому Adam забезпечив суттєво вищу точність сегментації епітеліальних структур порівняно з SGDM (Global Accuracy: 0.96 проти 0.90; Specificity: 0.93 проти 0.81) на архітектурі U-Net з енкодером ResNet-50 [15]. Функція втрат для класифікації зважена крос-ентропія (class-weighted cross-entropy), для сегментації комбінована Dice Loss + Binary Cross-Entropy. Для інтерпретації рішень класифікаційної моделі та локалізації морфологічно значущих зон застосовувався метод Grad-CAM [10].

Стратегія валідації та оцінка якості моделі. Основним підходом до валідації обрано фіксо-

ваний розподіл 70/15/15 на рівні пацієнта. З огляду на обмеження обчислювальних ресурсів повну k-fold крос-валідацію не застосовували; натомість для оцінки стабільності результатів проводили 3-разове повторення навчання з різною ініціалізацією ваг та усередненням метрик. Ефективність класифікаційної моделі оцінювали за показниками accuracy, sensitivity, specificity, F1-score та precision; якість сегментації за коефіцієнтом Dice та індексом Жаккара (IoU). Статистичний аналіз виконано з використанням бібліотеки scikit-learn у середовищі Python.

Результати власних досліджень

В ході власного дослідження було розроблено модель глибокого навчання для автоматизованого розпізнавання клітин з ознаками злоякісної трансформації у цифрових мікроскопічних зображеннях цитологічних мазків шийки матки. При виборі архітектури та алгоритму навчання ми спиралися на результати наших попередніх досліджень у галузі цифрової патології кишківника, в яких для задачі сегментації епітеліальних компартментів було використано згортову нейронну мережу U-Net з інтегрованим енкодером ResNet-50, а також проведено порівняльну оцінку оптимізаторів Adam і SGDM [15]. У цих дослідженнях було показано, що саме застосування Adam забезпечувало найкращі показники точності Global Accuracy 0.96 та Specificity 0.93, тоді як для SGDM відповідні показники були нижчими Global Accuracy 0.90 та Specificity 0.81, що підтвердило доцільність використання адаптивного оптимізатора для морфологічних зображень високої складності [15].

Набутий досвід став методологічною основою для побудови моделі, спрямованої на аналіз цитологічних препаратів шийки матки. Для навчання моделі було визначено чотири класи елементів: клітини з ознаками злоякісної трансформації (атипичні клітини), клітини плоского епітелію без ознак злоякісності, запальні клітини та фонові компоненти мазка. Такий підхід дозволив орієнтувати модель не лише на виявлення злоякісно змінених клітин, але й на їх чітке відмежування від морфологічно подібних непухлинних елементів.

Модель ефективно розпізнавала клітини з ознаками злоякісної трансформації, зокрема за наявності ядерного поліморфізму, гіперхромії, підвищеного ядерно-цитоплазматичного співвідношення, нерівномірності ядерних контурів та вираженого клітинного атипізму. Під час аналізу тестових зображень модель демонструвала коректне виділення атипичних клітинних скупчень та знижувала кількість помилкового віднесення до пухлинних об'єктів запальних елементів, детриту та фонових структур мазка.

За результатами тестування на незалежній вибірці (n=124 препарати) модель продемонструвала високі показники якості класифікації (табл. 1). Отримані значення свідчать про високу

загальну точність моделі та її здатність коректно розпізнавати непухлинні елементи мазка і водночас ефективно виявляти клітини з ознаками злоякісної трансформації. Високий рівень Specificity (0.96) вказує на мінімізацію хибнопозитивних результатів, що має принципове значення для автоматизованого цитологічного аналізу, тоді як значення Sensitivity (0.93) підтверджує добру здатність моделі виявляти атипові клітини. Показники Precision та F1-score додатково засвідчують збалансованість моделі щодо точності позитивних прогнозів і повноти виявлення злоякісно змінених клітин.

За результатами оцінки якості сегментації модель продемонструвала такі показники на тестовій вибірці: Mean Dice 0.847 ± 0.031 , Mean IoU (індекс Жаккара) 0.736 ± 0.028 для сегментації

контурів клітин; для сегментації ядер Mean Dice склав 0.821 ± 0.035 , Mean IoU 0.711 ± 0.033 . Ці результати підтверджують придатність архітектури U-Net для роботи з цитологічним матеріалом та задовільне відтворення меж клітин і їхніх ядер.

Візуальна оцінка результатів показала, що підхід, який раніше довів свою ефективність при аналізі епітеліальних структур кишківника [15], виявився результативним і в цитологічній діагностиці шийки матки. Отримані дані свідчать, що архітектура U-Net з енкодером ResNet-50 у поєднанні з оптимізатором Adam є придатною для задач автоматизованого аналізу цитологічних мазків і може розглядатися як перспективний інструмент комп'ютеризованої підтримки цитологічної діагностики раку шийки матки.

Таблиця 1.
Основні цифрові результати моделі для розпізнавання клітини з ознаками злоякісної трансформації у цитологічних мазках шийки матки (n=124).

Показник	Значення
Global Accuracy	0.97 ± 0.03
Specificity	0.96 ± 0.07
Sensitivity	0.93 ± 0.04
Precision	0.87 ± 0.02
F1 score	0.91 ± 0.03

Обговорення

Отримані результати свідчать, що використання моделей глибокого навчання, попередньо апробованих у задачах гістологічної сегментації, може бути успішно перенесене на аналіз цитологічних препаратів. Принципово важливим є те, що як у тканинах кишківника, так і в цитологічних мазках шийки матки модель працює з високогранульованими морфологічними структурами, для яких критичне значення мають точність локалізації, коректне відтворення контурів та здатність відмежовувати патологічні елементи від фону. Саме тому використання архітектури U-Net з енкодером ResNet-50 виявилось методологічно виправданим, оскільки така модель поєднує ефективне вилучення глибоких ознак із збереженням просторової деталізації, що вже було продемонстровано в нашій попередній роботі на гістологічному матеріалі [15]. Отримані нами показники класифікації (Global Accuracy 0.97, Specificity 0.96) є конкурентними відносно сучасних публікацій у цій галузі: за даними систематичного огляду Valles-Coral та співавторів, середня точність класифікації цервікальних клітин у провідних моделях сягає 87.76%, тоді як найкращі гібридні та ViT-архітектури перевищують 92% [2], що підкреслює практичну значущість отриманих результатів.

Окремої уваги заслуговує роль оптимізатора Adam. У нашому попередньому дослідженні на матеріалі кишкової тканини було встановлено його перевагу над SGDM за показниками Global Accuracy і Specificity, а також показано, що Adam зменшує кількість хибнопозитивних передбачень у складних морфологічних зонах [15]. Це має

безпосереднє значення і для цитології шийки матки, де будь-яке надмірне віднесення реактивно змінених, дегенеративних або запальних клітин до категорії атипових може суттєво знижувати діагностичну цінність автоматизованого аналізу. В умовах цитологічного дослідження ефективність Adam, ймовірно, пов'язана з його кращою здатністю адаптуватися до локальних варіацій морфології клітин і складного фону препарату, що підтверджується теоретичними засадами алгоритму використанням адаптивних оцінок першого та другого моментів градієнта для стійкої оптимізації в умовах гетерогенних даних [14].

Разом із тим слід враховувати, що перенесення моделі з гістологічного на цитологічний матеріал не є повністю прямолінійним. На відміну від тканинних зрізів, цитологічний мазок характеризується більшою варіабельністю просторового розташування клітин, частим їх взаємним перекриттям, наявністю слизу, детриту, еритроцитів, запального інфільтрату та артефактів забарвлення [8]. Усе це створює додаткове навантаження на алгоритм і потребує ще більшої стійкості моделі до морфологічної неоднорідності. Саме тому позитивні результати, отримані при використанні підходу, який уже довів свою ефективність на гістологічному матеріалі, можна розглядати як важливе підтвердження його універсальності та адаптивності до різних типів морфологічних зображень. До обмежень дослідження слід також віднести порівняно невеликий обсяг клінічного матеріалу (87 пацієнтів, 124 препарати), що зумовлює обережність при екстраполяції результатів на ширші популяції. Відсутність повноцінної k-fold крос-валідації через

обмеженість обчислювальних ресурсів знижує надійність статистичних оцінок стабільності моделі. Крім того, тестування виконувалось виключно на матеріалі однієї лабораторії, що не дозволяє оцінити стійкість моделі до варіабельності обладнання, протоколів фарбування та сканування між різними установами. Показники якості для окремих цитологічних категорій (зокрема, для рідкісних підтипів атипії) потребують окремого аналізу в майбутніх роботах з більшою вибіркою. Окремої методологічної аргументації потребує рішення щодо об'єднання клітин нормального плоского епітелію та клітин із ознаками плоскоклітинного інтраепітеліального ураження низького ступеня (LSIL) в єдиний клас. З клінічної точки зору LSIL є самостійною діагностичною категорією, що відображає переважно ВПЛ-асоційовані цитопатичні зміни і потребує окремого клінічного спостереження. Проте в умовах наявного датасету виокремлення LSIL як самостійного класу було обмежено недостатньою кількістю верифікованих LSIL-зразків для надійного навчання моделі без ризику перенавчання. Прийняте рішення дозволило зосередити класифікаційні зусилля моделі на чіткому розмежуванні атипових та неатипових клітин, зберігаючи при цьому клінічну релевантність результатів у контексті первинного скринінгу. Виокремлення LSIL як окремого класу з розширеною вибіркою є пріоритетним завданням наступного етапу дослідження.

Застосування методу Grad-CAM для інтерпретації рішень моделі дозволило верифікувати, що модель зосереджується саме на морфологічно значущих зонах зображення ядерних структурах із ознаками атипії, а не на фонових елементах чи артефактах забарвлення. Це є принципово важливим кроком у напрямку пояснювального штучного інтелекту (XAI) в цитологічній діагностиці та відповідає сучасним вимогам до клінічно інтерпретованих систем підтримки прийняття рішень [10, 11].

З клінічної точки зору автоматизоване розпізнавання клітин з ознаками злоякісної трансформації у мазках шийки матки потенційно може покращити первинний скринінг, знизити навантаження на цитолога та підвищити відтворюваність оцінки препаратів. Водночас такі моделі не слід розглядати як повну заміну експертної морфологічної інтерпретації. Найбільш перспективним видається їх застосування як інструменту підтримки прийняття рішень, який дозволяє швидко локалізувати підозрілі клітинні ділянки та стандартизувати попередній етап аналізу [2, 10].

Таким чином, результати нашого дослідження разом із попереднім досвідом використання U-Net з енкодером ResNet-50 та оптимізатором Adam у задачах сегментації епітеліальних структур кишківника [15] дають підстави вважати цей підхід перспективним і для автоматизованої цитологічної діагностики раку шийки матки. Подальші дослідження мають бути спрямовані на

розширення клінічного датасету, зовнішню валідацію моделі на матеріалі інших лабораторій, детальний аналіз показників для окремих цитологічних категорій, а також на оцінку відтворюваності результатів у реальних умовах рутинної лабораторної практики.

Висновки

1. У ході дослідження розроблено модель глибокого навчання на основі архітектури U-Net з енкодером ResNet-50 та оптимізатором Adam, яка продемонструвала високу ефективність автоматизованого розпізнавання клітин з ознаками злоякісної трансформації в цитологічних мазках шийки матки, що підтверджується значеннями Global Accuracy 0.97, Specificity 0.96 та Sensitivity 0.93.

2. Застосування таргетної аугментації меншинних класів та зваженої функції втрат дозволило ефективно подолати дисбаланс класів у клінічному датасеті та забезпечити збалансованість моделі, що відображається у показниках Precision 0.87 та F1-score 0.91.

3. Результати сегментації клітинних контурів та ядер (Mean Dice 0.847 ± 0.031 , Mean IoU 0.736 ± 0.028) підтверджують придатність обраної архітектури для роботи з цитологічним матеріалом та свідчать про успішне перенесення методологічного підходу, апробованого при аналізі гістологічних структур кишківника, на задачі цервікальної цитології.

4. Застосування методу Grad-CAM верифікувало здатність моделі зосереджуватись на морфологічно значущих зонах ядерних структурах з ознаками атипії, що відповідає вимогам пояснювального штучного інтелекту та знижує ризик хибної інтерпретації результатів автоматизованого аналізу.

5. Отримані результати дають підстави розглядати розроблену модель як перспективний інструмент підтримки прийняття рішень у цитологічній діагностиці раку шийки матки, здатний підвищити відтворюваність морфологічної оцінки препаратів та знизити суб'єктивну варіабельність інтерпретації, що потребує подальшої валідації на розширеному клінічному матеріалі та даних інших лабораторій.

Особистий внесок авторів

Робота Д.В.: а) концепція та дизайн, б) збір та узагальнення даних, в) аписання рукопису, г) аналіз та інтерпретація результатів, д) редагування рукопису.

Павлов С.В.: а) концепція та дизайн, е) остаточне затвердження рукопису.

Конфлікт інтересів

Конфлікт інтересів: відсутній

Фінансування

Базове фінансування МОН за результатами державної атестації на 2026 рік

ORCID авторів

Робота Д.В. <https://orcid.org/0000-0003-2205-3579>

Павлов С.В. <https://orcid.org/0000-0003-3924-4515>

Література

- World Health Organization. Cervical cancer [Internet]. Geneva: WHO; 2024 [cited 2026 Apr 27]. Available from: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/cervical-cancer>
- Valles-Coral MA, Pinedo L, Rodríguez C, Rodríguez D, Sánchez-Dávila K, Arévalo-Fasanando L, et al. Application of artificial intelligence in cervical cytology: a systematic review of deep learning models, datasets, and reported metrics. *Front Big Data*. 2026 Jan 2;8:1678863. doi: 10.3389/fdata.2025.1678863.
- Perkins RB, Wentzensen N, Guido RS, Schiffman M. Cervical cancer screening: a review. *JAMA*. 2023 Aug 8;330(6):547-558. doi: 10.1001/jama.2023.13174.
- Juneja S, Bhati BS, Tejani GG, Mousavirad SJ. ViTCNN: a robust hybrid CNN-Vision Transformer based deep learning framework for multi-disease diagnosis in women's healthcare. *Front Oncol*. 2026 Mar 25;16:1746864. doi: 10.3389/fonc.2026.1746864.
- Sushma V, Gorabal JV. Deep Learning Based Framework for Cervical Cancer Diagnosis through Feature Extraction and Classification. *Int J Drug Deliv Technol*. 2026;16(28s):696-702. doi: 10.25258/ijddt.16.28s.87.
- Shinde S, Kalbhor M, Wajire P. DeepCyto: a hybrid framework for cervical cancer classification by using deep feature fusion of cytology images. *Math Biosci Eng*. 2022 Apr 24;19(7):6415-6434. doi: 10.3934/mbe.2022301.
- Ji J, Zhang W, Dong Y, Lin R, Geng Y, Hong L. Automated cervical cell segmentation using deep ensemble learning. *BMC Med Imaging*. 2023 Sep 21;23(1):155. doi: 10.1186/s12880-023-01096-1.
- Rasheed A, Shirazi SH, Iqbal MW, Arshad MA, Ahmad I, Qureshi MK. Cervical cell's nucleus segmentation through an improved UNet architecture. *PLoS One*. 2023 Oct 3;18(10):e0283568. doi: 10.1371/journal.pone.0283568.
- Mosquera-Zamudio A, Cancino S, Cárdenas-Montoya G, Garcia-Arteaga JD, Zambrano-Betancourt C, Parra-Medina R. Deep-Learning Approaches for Cervical Cytology Nuclei Segmentation in Whole Slide Images. *J Imaging*. 2025 Apr 29;11(5):137. doi: 10.3390/jimaging11050137.
- Civit-Masot J, Luna-Perejon F, Muñoz-Saavedra L, Domínguez-Morales M, Civit A. A lightweight xAI approach to cervical cancer classification. *Med Biol Eng Comput*. 2024 Mar 20;62(7):2111-2125. doi: 10.1007/s11517-024-03063-6.
- Karthikeyan P, Malaserene I, Deepakraj E. Explainable AI based cervical cancer prediction using FSAE feature engineering and H2O AutoML. *Sci Rep*. 2025 Nov 18;15:40123. doi: 10.1038/s41598-025-23593-9
- Wubineh BZ, Rusiecki A, Halawa K. Deep learning-based automatic segmentation and classification for cervical cancer detection using an improved U-Net and ensemble methods. *Sci Rep*. 2026 Jan 13;16:35299. doi: 10.1038/s41598-026-35299-7.
- Robota DV, Burlaka BS. Selection of a promising color normalization method for histological images of intestinal tissues when creating deep learning models. *Actual Problems of Modern Medicine*. 2025;25(1):203-210. doi: 10.31718/2077-1096.25.1.203
- Kingma DP, Ba J. Adam: a method for stochastic optimization. *arXiv*. 2017;1412.6980v9. doi: 10.48550/arXiv.1412.6980.
- Robota DV, Pavlov SV. Investigating the impact of Adam and SGDM optimizers on U-Net training for segmentation of epithelial compartments in normal intestinal tissue. *Actual Problems of Modern Medicine*. 2026;26(1):149-153. doi: 10.31718/2077-1096.26.1.149.

Summary

USE OF ARTIFICIAL INTELLIGENCE ALGORITHMS WITH ELEMENTS OF DEEP LEARNING IN CYTOLOGICAL DIAGNOSTICS OF CERVICAL CANCER

Robota D.V., Pavlov S.V.

Keywords: digital pathology, deep learning, U-Net, image segmentation, optimization algorithms, laboratory diagnostics, cervical cancer.

Introduction. Cervical cancer remains one of the leading causes of cancer-related mortality among women worldwide, highlighting the need for effective automated methods for cytological diagnostics.

Objective. To develop and validate a deep learning model for the automated segmentation and classification of cells exhibiting signs of malignant transformation in cervical cytological specimens.

Materials and Methods. The study included microscopic images of 124 cervical smear specimens obtained from 87 patients aged 21–65 years at the laboratory of the Educational and Scientific Medical Centre “University Clinic” of Zaporizhzhia State Medical University. A total of 18,340 cells were annotated. Cell segmentation was performed using a U-Net architecture with a ResNet-50 encoder, whereas multiclass classification was conducted using a ResNet-50–based convolutional neural network with a modified classification block. Model training was implemented in the PyTorch framework (version 2.5.1) using the Adam optimizer, targeted data augmentation, and a class-weighted loss function to compensate for class imbalance. Model interpretability was assessed using the Grad-CAM technique.

Results. The classification model achieved a global accuracy of 0.97 ± 0.03 , specificity of 0.96 ± 0.07 , sensitivity of 0.93 ± 0.04 , precision of 0.87 ± 0.02 , and an F1-score of 0.91 ± 0.03 . Segmentation performance for cell contours demonstrated a mean Dice coefficient of 0.847 ± 0.031 and a mean intersection-over-union (IoU) score of 0.736 ± 0.028 . Nucleus segmentation yielded a mean Dice coefficient of 0.821 ± 0.035 and a mean IoU of 0.711 ± 0.033 .

Conclusion. The developed deep learning model demonstrated high performance in the automated detection of atypical cells in cervical cytological smears and may serve as a promising decision-support tool in the cytological diagnosis of cervical cancer.