

КЛИНИЧЕСКАЯ ЛАБОРАТОРНАЯ ДИАГНОСТИКА CLINICAL LABORATORY DIAGNOSTICS

ПРИМЕНЕНИЕ СВЕРТОЧНЫХ НЕЙРОННЫХ СЕТЕЙ ДЛЯ АВТОМАТИЗИРОВАННОГО КЛАССИФИЦИРОВАНИЯ СТАДИЙ ЖИЗНЕННОГО ЦИКЛА *PLASMODIUM FALCIPARUM* В МИКРОСКОПИИ МАЗКОВ КРОВИ

**Мацаева О.Д.,
Гринев А. Б.**

ФГАОУ ВО Первый МГМУ
им. И.М. Сеченова Минздрава России
(Сеченовский Университет),
Институт цифрового биодизайна
и искусственного интеллекта в медицине
(119048, Москва, ул. Трубецкая, д. 8,
стр. 2, Россия)

Автор, ответственный за переписку:
Мацаева Ольга Дмитриевна
e-mail: trespasserolya@gmail.com

РЕЗЮМЕ

Обоснование. Малярия является глобальной проблемой мирового здравоохранения. Традиционная микроскопия крови, являющаяся золотым стандартом диагностики, сопряжена с высокой трудоемкостью, кадровым дефицитом в эндемичных регионах и субъективностью оценки. Автоматизация не только детекции, но и определения стадии развития возбудителя критически важна для назначения стадийно-специфической терапии.

Цель исследования. Разработка и оценка эффективности модели глубокого компьютерного зрения для классификации четырех ключевых стадий эритроцитарного цикла *Plasmodium falciparum* на основе микрофотографий.

Методы. В качестве основы использовалась сверточная нейронная сеть архитектуры ResNet-18. Обучение проводилось методом переноса (transfer learning) с использованием базы данных PfMorphoBank, собранной авторами. Изображения были разделены на четыре целевых класса: молодые трофозоиты, зрелые трофозоиты, шизонты и гаметоциты. Качество классификации оценивали на валидационной и отложенной тестовой выборках по Accuracy, macro-Precision, macro-Recall и macro-F1.

Результаты. На отложенной тестовой выборке дообученная ResNet-18 показала следующие результаты: Accuracy 80,83 %; macro-Precision составила 0,812, macro-Recall – 0,808, macro-F1 – 0,806. Анализ ошибок показал, что модель лучше распознает зрелые трофозоиты и испытывает наибольшие трудности при классификации гаметоцитов и морфологически близких поздних форм.

Заключение. Использование глубоких нейронных сетей демонстрирует высокий потенциал в решении задачи дифференциальной диагностики стадий малярийного плазмодия. Модель показала приемлемые метрики качества, доказывая принципиальную возможность создания автоматизированных систем.

Ключевые слова: машинное обучение, компьютерное зрение, малярия, *Plasmodium falciparum*, ResNet, микроскопия, трансферное обучение, искусственный интеллект в медицине

Статья поступила: 31.03.2026
Статья принята: 14.09.2026
Статья опубликована: 09.10.2026

Для цитирования: Мацаева О.Д., Гринев А. Б. Применение сверточных нейронных сетей для автоматизированного классифицирования стадий жизненного цикла *Plasmodium falciparum* в микроскопии мазков крови. *Acta biomedica scientifica*. 2026; 11(4): 85-93. doi: 10.29413/ABS.2026-11.4.9

APPLICATION OF CONVOLUTIONAL NEURAL NETWORKS FOR AUTOMATED CLASSIFICATION OF LIFE CYCLE STAGES OF *PLASMODIUM FALCIPARUM* IN BLOOD SMEAR MICROSCOPY

**Matsaeva O.D.,
Grinev A.B.**

I.M. Sechenov First Moscow State Medical University (Sechenovskiy University),
Institute for Digital Biodesign and Artificial Intelligence in Medicine, Department of Biology and General Genetics (119048, Moscow, Trubetskaya str., 8, bld. 2, Russian Federation)

Corresponding author:

Olga D. Matsaeva

e-mail: trespasserolya@gmail.com

ABSTRACT

Background. Malaria is a global public health problem. Traditional blood microscopy, the gold standard of diagnosis, is associated with high labor burden, personnel shortages in endemic regions, and subjective assessment. Automation of not only detection but also determination of the pathogen's developmental stage is critically important for prescribing stage-specific therapy.

Aim. To develop and evaluate the effectiveness of a deep computer vision model for classifying four key stages of the erythrocytic cycle of *Plasmodium falciparum* based on microphotographs.

Materials and methods. A convolutional neural network with the ResNet-18 architecture was used as the basis. Training was conducted using transfer learning on the PfMorphoBank database, assembled by the authors. The images were divided into four target classes: young trophozoites, mature trophozoites, schizonts, and gametocytes. Classification quality was assessed on validation and held-out test sets using accuracy, macro-precision, macro-recall, and macro-F1.

Results. On the held-out test set, the fine-tuned ResNet-18 achieved 80.83% accuracy; macro-precision was 0.812, macro-recall was 0.808, and macro-F1 was 0.806. Error analysis showed better recognition of mature trophozoites and the greatest difficulty with gametocytes and morphologically similar late-stage forms.

Conclusion. The use of deep neural networks demonstrates high potential in solving the problem of differential diagnosis of malaria parasite stages. The model showed acceptable quality metrics, proving the fundamental feasibility of creating automated prompting systems.

Keywords: machine learning, computer vision, malaria, *Plasmodium falciparum*, ResNet, microscopy, transfer learning, artificial intelligence in medicine

Received: 31.03.2026
Accepted: 14.09.2026
Published: 09.10.2026

For citation: Matsaeva O.D., Grinev A.B. Application of convolutional neural networks for automated classification of life cycle stages of *Plasmodium falciparum* in blood smear microscopy. *Acta biomedica scientifica*. 2026; 11(4): 85-93. doi: 10.29413/ABS.2026-11.4.9

ВВЕДЕНИЕ

Инфекционные заболевания, передающиеся трансмиссивным путем, представляют собой одну из наиболее острых проблем во всем мире. По данным Всемирной организации здравоохранения, малярия, вызываемая паразитами рода *Plasmodium*, ежегодно является причиной сотен миллионов случаев заражения и более 600 тысяч летальных исходов [1]. Из пяти видов плазмодиев, патогенных для человека, *Plasmodium falciparum* ассоциирован с наиболее тяжелыми формами течения заболевания и наивысшим уровнем смертности.

На сегодняшний день «золотым стандартом» диагностики малярии остается световая микроскопия препаратов крови (толстой капли и тонкого мазка), окрашенных по Романовскому – Гимзе. Данный метод позволяет не только подтвердить наличие инвазии, но и идентифицировать видовую принадлежность плазмодия, а также определить уровень паразитемии. Однако традиционная микроскопия имеет ряд критических ограничений. Во-первых, это высокая трудоемкость процесса и колоссальная нагрузка на медицинский персонал. Во-вторых, постановка диагноза сопряжена с фактором субъективности: морфология паразита может искажаться артефактами фиксации, наложением клеток и особенностями окраски. В-третьих, в эндемичных регионах (страны Центральной и Западной Африки, Юго-Восточной Азии) наблюдается острый дефицит квалифицированных паразитологов и лаборантов [2].

Особую клиническую значимость имеет не просто факт обнаружения *P. falciparum* (бинарная классификация эритроцитов на зараженные и не зараженные), но и точное определение стадии его жизненного цикла в эритроцитах (молодые формы, трофозоиты, шизонты, гаметоциты). Стадирование паразита необходимо по нескольким причинам. Наличие в крови трофозоитов и шизонтов ассоциировано с острой клинической симптоматикой и гемолитической анемией [3]. При наличии гаметоцитов (половых форм) в крови лихорадка менее выражена, однако это свидетельствует о длительном течении заболевания. Применение стадийно-специфической терапии (например, добавление примахина, обладающего гаметоцидным действием) является краеугольным камнем стратегии контроля инфекции и одним из инструментов персонализированной медицины.

С развитием технологий искусственного интеллекта глубокие нейронные сети стали активно внедряться в сферу здравоохранения и автоматизированного анализа биомедицинских изображений [4]. Методы компьютерного зрения, такие как сверточные нейронные сети и визуальные трансформеры, продемонстрировали высокую эффективность в классификации вирусов, анализе рентгенограмм [5] и детекции аномалий лейкоцитов [6]. Однако большинство работ по малярии по-прежнему посвящено бинарной детекции зараженных и незараженных клеток [7]. Многоклассовое

стадирование изучено существенно меньше: Li S. et al. [8] предложили метод микроскопии *P. vivax* посредством многостадийного распознавания с использованием Deep Transfer Graph Convolutional Network (DTGCN), включавшем четыре стадии паразита и два класса незараженных клеток; *P. falciparum* рассматривался в этой работе лишь в бинарной постановке (заражено / не заражено) на наборе NLM, служившем неразмеченным целевым доменом. Настоящая работа не заявляет о первом решении задачи стадирования вообще, но закрывает пробел, специфичный для наиболее клинически значимого вида: на собственноручно собранной и зарегистрированной специализированной базе PfMorphoBank с двухуровневой экспертной разметкой выполнена контролируемая четырехклассовая классификация стадий *P. falciparum*, в которой стадирование выделено в самостоятельный контур после бинарной детекции, а группировка стадий задана в клинической терминологии с явным разделением молодых и зрелых трофозоитов и анализом сложностей на переходных формах.

В связи с этим **целью настоящего исследования** стала разработка универсального подхода к созданию моделей компьютерного зрения для диагностики внутриклеточных гемопаразитов и, в частности, обучение, валидация и анализ архитектуры ResNet-18 для автоматического определения четырех стадий развития *Plasmodium falciparum*.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Подготовка данных и база PfMorphoBank

Фундаментом для создания надежной модели является качественный, репрезентативный и хорошо размеченный набор данных. Обучение классификаторов на зашумленных графических данных без надлежащей предобработки неизменно приводит к снижению предсказательной способности модели. Ввиду отсутствия стандартизированных открытых баз, покрывающих все стадии развития, для данного исследования была собственноручно разработана база данных микрфотографий PfMorphoBank (Свидетельство о государственной регистрации № 2025624160).

База данных формировалась с соблюдением требований к окраске мазков крови по Романовскому – Гимзе и включала изображения с хорошей визуализацией морфологических структур паразита (Рис.1). Общий объем выборки составил 3035 изображений пораженных эритроцитов. Для решения задачи многоклассовой классификации была выполнена строгая двухуровневая разметка. Разметка включала выявление паразита в эритроците и определение стадии его развития. Все визуализированные формы *P. falciparum* были классифицированы на четыре патофизиологических класса:

1. **Молодые трофозоиты.** В эту группу входят изображения паразитов с малым диаметром кольца (ободка цитоплазмы), а также в форме «хроматиновой точки».

2. **Зрелые трофозоиты.** Отличаются увеличенным диаметром кольца и хроматинового ядра, сохранением типичной кольцевидной формы. Возможно утолщение цитоплазмы и появление зерен малярийного пигмента (гемозоина).

3. **Шизонты.** Стадия бесполого деления: ядро многократно делится с образованием мерозоитов, пигмент собирается в массивные комки. Паразит занимает большую часть эритроцита.

4. **Гаметоциты.** Стадия половых клеток, которые у *P. falciparum* имеют характерную полулунную, серповидную («банановидную») форму, резко отличаясь от структур других видов, занимают большую часть эритроцита.

Датасет сильно несбалансирован: доминирующий класс – зрелые трофозоиты – составляет около 80 % всех изображений, тогда как критически важный миноритарный класс гаметоцитов насчитывает менее 3 %. Разбиение на обучающую, валидационную и тестовую (отложенную) выборки выполнено стратифицировано по каждому классу в соотношении 80:10:10. Для предотвращения переобучения и повышения инвариантности модели к изменениям освещения и позиции клеток применялись методы аугментации данных, включавшие повороты,

отражения, случайные изменения яркости и контрастности. Аналогичные подходы, как показано в исследовании детекции аномалий лейкоцитов [6], критически важны для повышения генерализующей способности классификаторов.

Архитектура модели глубокого обучения

Выбор архитектуры нейронной сети определялся необходимостью поиска компромисса между способностью извлекать тонкие низко- и высокоуровневые морфологические признаки и оптимизацией вычислительных затрат для возможной последующей интеграции в мобильные системы. В данном исследовании в качестве основной архитектуры была выбрана ResNet-18 (Residual Neural Network).

Исторически увеличение глубины сверточных сетей приводило к проблеме затухающих градиентов. Семейство алгоритмов ResNet решает эту проблему посредством введения блоков со сквозными соединениями, которые позволяют сигналу миновать один или несколько слоев, сохраняя исходную информацию на более глубоких уровнях абстракции. Версия из 18 слоев обладает достаточной обобщающей способностью для распознавания медицинских текстур и обеспечивает хороший баланс между качеством и вычислительной сложностью (рис.2).

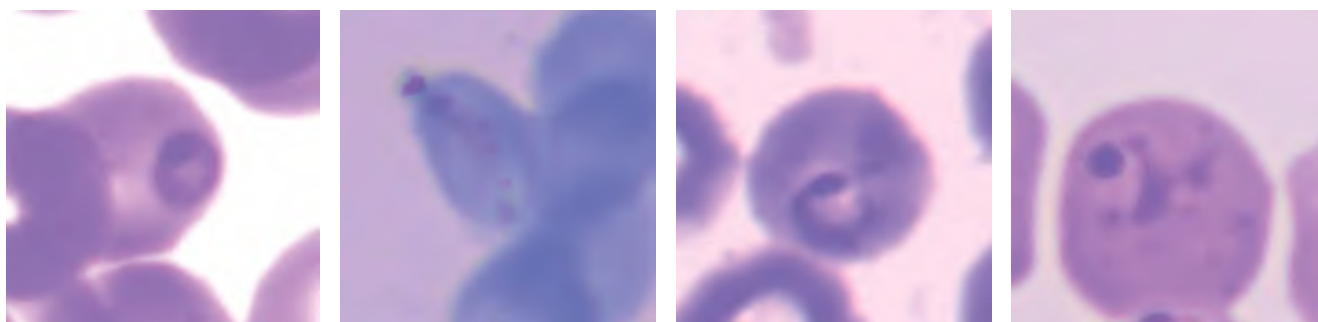


РИС. 1.

Примеры изображений из базы данных PfMorphoBank (Свидетельство о государственной регистрации № 2025624160)

FIG. 1.

Examples of images from the PfMorphoBank database (State Registration Certificate No. 2025624160)

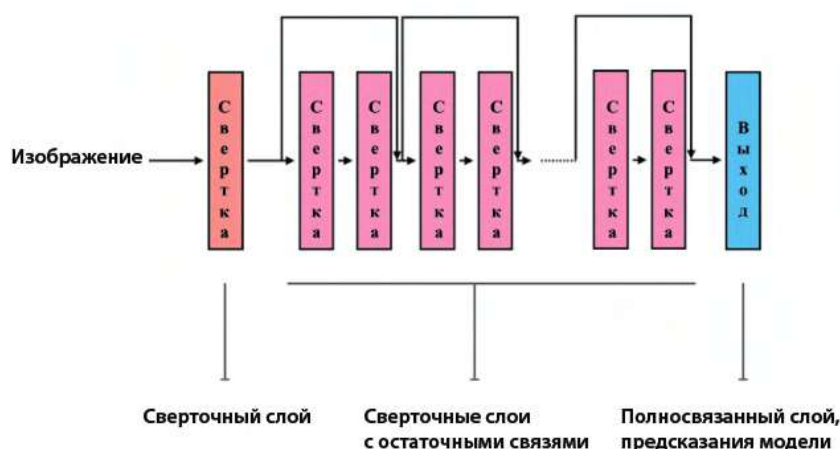


РИС. 2.

Упрощенная архитектура сверточных нейронных сетей семейства ResNet

FIG. 2.

Simplified architecture of convolutional neural networks in the ResNet family

Размер входа составляет 224×224 пикселя. Модель инициализируется весами, полученными на бинарной задаче обнаружения малярийных клеток (детекция «паразит / здоров» на датасете NLM Malaria Screener). Классифицирующая голова исходной модели заменяется на новую голову с 4 выходами и дообучается. Применяется двухфазная стратегия дообучения: в первой фазе обучается только новая 4-классовая голова, во второй – вся сеть размораживается и дообучается с пониженным в 10 раз темпом обучения для сверточных слоев. Такая последовательность соответствует подходу linear probing $\rightarrow$ fine-tuning (LP-FT), для которого показано, что предварительная адаптация головы помогает сохранить полезные предобученные признаки при последующей разморозке модели [9]. При разморозке оптимизатор и расписание скорости обучения пересоздаются заново, что корректно учитывает появление новых групп параметров (backbone) с отдельным темпом обучения.

Протокол обучения

Для достижения наилучшего качества классификации, обучение модели было разделено на два этапа. Сначала ResNet-18, предобученную на наборе данных ImageNet, дообучали на задачу бинарной классификации на наборе «NLM Malaria Screener» [7], размещённом на сайте Национальной медицинской библиотеки США – наиболее крупном доступном наборе данных, содержащем разметку инфицированных и не инфицированных эритроцитов. Затем полученная модель была обучена отличать стадии развития паразита, используя примеры из PfMorphoBank.

Обучение сверточной нейронной сети осуществлялось по двухфазной схеме, согласующейся с принципом LP-FT [9]. На первой фазе в течение 6 эпох оптимизировались параметры только классифицирующей «головы» при замороженных слоях сверточного остова (backbone). На второй фазе производилась полная разморозка сети с ее последующим дообучением продолжительностью до 14 эпох.

В качестве функции потерь на основном этапе многоклассовой классификации использовалась кросс-энтропия (на этапе предварительного обучения применялась бинарная кросс-энтропия). Для компенсации межклассового дисбаланса весовые коэффициенты непосредственно в функцию потерь не вводились – вместо этого выравнивание распределения достигалось за счет процедур батчирования. Формирование батчей объемом 32 изображения выполнялось методом взвешенного сэмплирования с возвращением, что обеспечивало сбалансированное представительство всех морфологических форм в каждом обучающем батче.

Оптимизация параметров модели проводилась с помощью алгоритма AdamW с коэффициентом L2-регуляризации (weight decay), равным 1.0×10^{-4} . На этапе обучения классификатора начальный темп обучения составлял 2.0×10^{-4} , тогда как для весов сверточного остова после его разморозки на второй фазе устанавливалась сниженная скорость обучения – 2.0×10^{-5} . Регулировка темпа обучения осуществлялась

по косинусному расписанию (cosine annealing), которое заново пересоздавалось в момент разморозки backbone для корректного учета изменившейся длины фазы. Контроль качества и ранняя остановка (early stopping) опирались на динамику макро-усредненной F1-метрики (macro-F1) на валидационном множестве: процедура обучения прекращалась досрочно, если значение macro-F1 не увеличивалось на протяжении 5 последовательных эпох.

Для повышения инвариантности алгоритма к вариациям освещенности, ракурса и пространственной ориентации клеток к обучающей выборке применялся комплекс методов аугментации данных. Базовый пайплайн включает случайное кадрирование, горизонтальные и вертикальные отражения, повороты на угол $\pm 15^\circ$, а также цветовые цветокоррекции (изменение яркости, контрастности, насыщенности и оттенка). Для миноритарных классов (молодые трофозоиты, шизонты и гаметоциты) задействовалась усиленная схема аугментации: угол поворота расширялся до $\pm 30^\circ$, дополнительно применялись аффинные преобразования, гауссово размытие и наложение цифрового шума, что позволило существенно искусственно обогатить вариативность редких морфологических стадий.

Статистический анализ

Оценка производительности модели на отложенной тестовой выборке проводилась с помощью стандартных метрик классификации, рассчитанных с макроусреднением по четырем классам:

- Общая точность классификации (Accuracy) – доля правильных ответов по всем четырем классам.
- Macro-Precision и macro-Recall характеризуют соответственно точность и полноту, усредненные поровну по классам; macro-F1 является их гармоническим средним и особенно информативна при дисбалансе классов. Также строилась матрица ошибок для оценки паттернов ложных срабатываний между родственными морфологическими стадиями.

РЕЗУЛЬТАТЫ

Графики обучения

На рисунке 3 показана динамика функции потерь на обучающей и валидационной выборках по эпохам в ходе бинарного предобучения. На рисунке 4 изображена динамика функции потерь на основном этапе обучения, а на рисунке 5 – macro-F1 на валидации по эпохам. Вертикальная пунктирная линия отмечает переход от фазы обучения головы к полному дообучению (разморозка backbone). Графики демонстрируют отсутствие переобучения, а ранняя остановка фиксирует модель в точке лучшего macro-F1.

После завершения итерационного процесса обучения и подбора гиперпараметров, дообученная модель была протестирована на изолированном наборе данных из коллекции PfMorphoBank, который сеть ранее не видела.

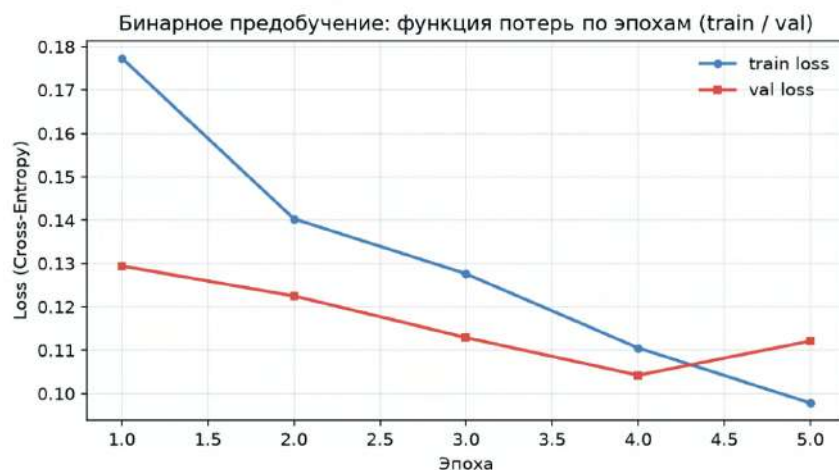


РИС. 3.

Динамика функции потерь на этапе обучения на бинарную классификацию

FIG. 3.

Loss function dynamics during training for binary classification

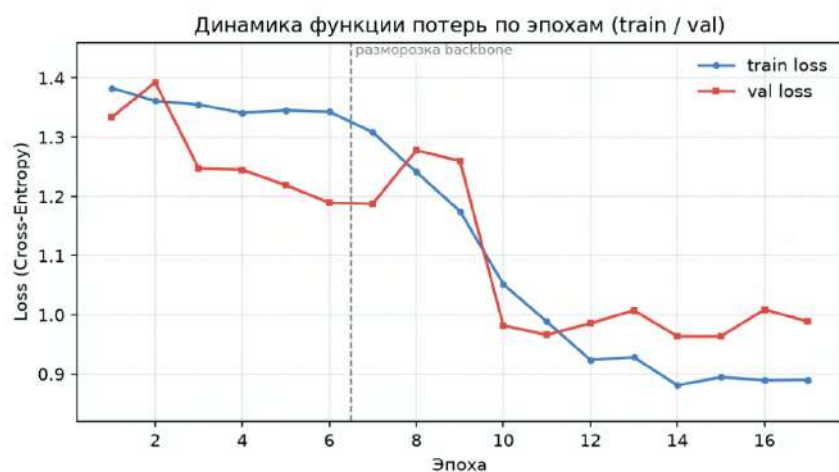


РИС. 4.

Динамика функции на основном этапе обучения

FIG. 4.

Dynamics of the function at the main training stage

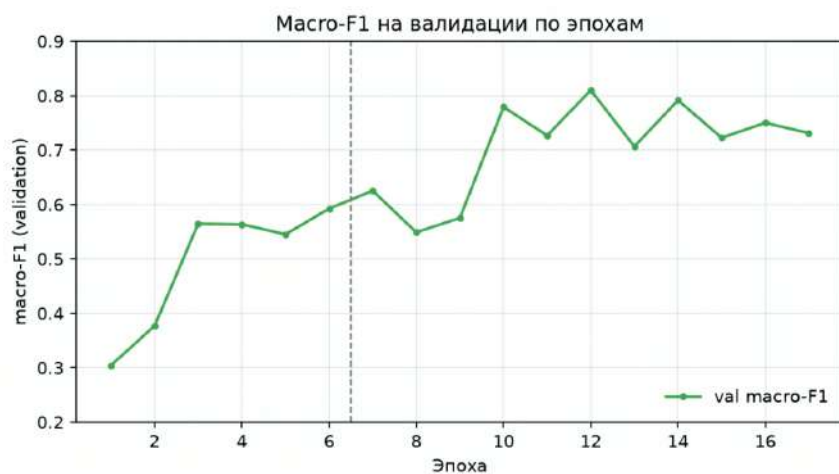


РИС. 5.

Macro-F1 на валидации по эпохам

FIG. 5.

Macro F1 on validation by epochs

На отложенной тестовой выборке модель классифицировала стадии *P. falciparum* с Accurasy – 80,83 %. Итоговые макроусредненные метрики составили: Precision – 0,812, Recall – 0,808 и F1 – 0,806. Использование макроусреднения позволяет учитывать качество на каждом классе независимо от его представленности в несбалансированном наборе данных.

Анализ ошибок модели

Анализ ошибок модели на отложенной выборке показывает, что модель хорошо различает ранние формы паразита, но заметно чаще путает поздние морфологически похожие стадии, что представлено на матрице ошибок на рисунке 6. Лучше всего при этом распознаются зрелые трофозоиты.

1. **Проблема классификации гаметоцитов.** Самая сложная для модели категория – гаметоциты: верно распознаётся только 66,7 % объектов. Остальные случаи чаще всего ошибочно относят к зрелым трофозоитам и шизонтам. Это говорит о том, что модель плохо улавливает признаки поздних стадий и часто принимает гаметоциты за морфологически близкие формы.

2. **Разделение стадий трофозоитов.** Стадии трофозоитов модель различает достаточно уверенно. Молодые трофозоиты распознаются в 86,7 % случаев, зрелые – в 93,3 % случаев, что является лучшим результатом среди всех классов. Ошибки здесь немногочисленны, что указывает на хорошее выделение ранних и средних морфологических признаков.

3. **Ошибки на стадии шизонтов.** Для шизонтов точность ниже, чем для трофозоитов: правильно классифицируется 76,7 % объектов. Основная

путаница наблюдается с гаметоцитами и, в меньшей степени, со зрелыми трофозоитами. При этом шизонты почти не смешиваются с молодыми трофозоитами, что говорит о том, что ранние формы модель отделяет уверенно.

ОБСУЖДЕНИЕ

Результаты тестирования ResNet-18 на базе PfMorphoBank подтверждают, что автоматизация классификации внутриэритроцитарных стадий развития *Plasmodium falciparum* возможна: Accurasy составила 80,83 %, а macro-Precision, macro-Recall и macro-F1 – 0,812, 0,808 и 0,806 соответственно. Эти показатели отражают сбалансированное качество по классам, включая малочисленные; однако анализ ошибок позволяет выявить ключевые «точки роста» разработанного алгоритма.

Главным недостатком представленного вычислительного пайплайна является объективно малое количество микрофотографий полноформатных гаметоцитов в обучающей выборке. Как следствие, наблюдается заметно более низкое качество модели при распознавании половых форм относительно бесполовых стадий развития паразита. Для преодоления этого ограничения и повышения общей надежности классификатора возможны два параллельных пути улучшения.

Во-первых, качество классификации может быть увеличено за счет усложнения архитектуры модели. Перспективным выглядит переход от базовой

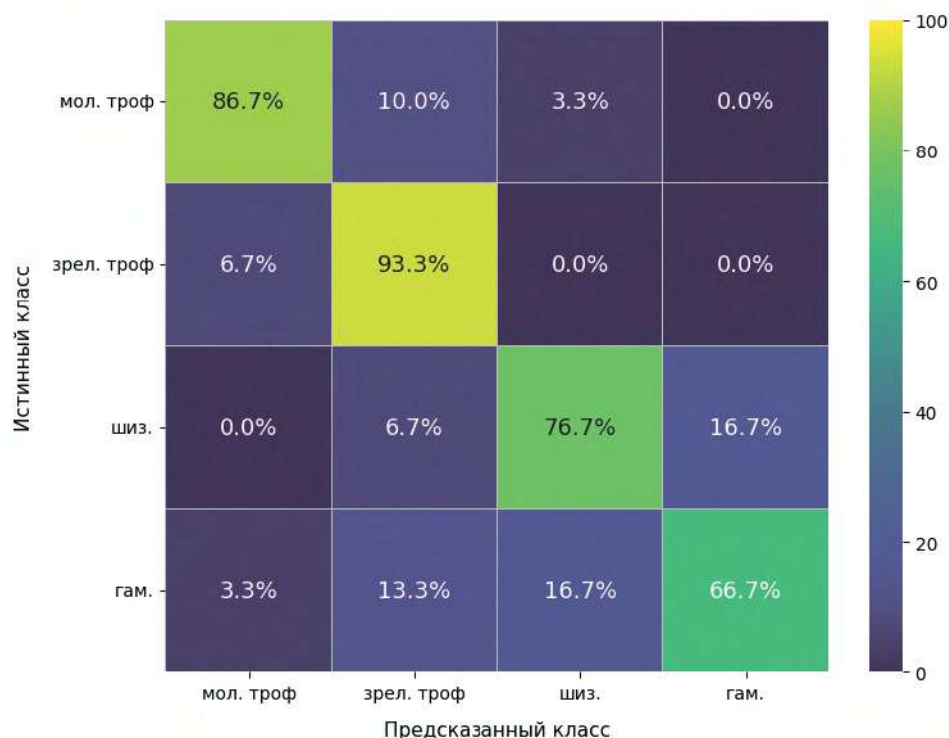


РИС. 6.
Матрица ошибок классификатора на тестовой выборке

FIG. 6.
Classifier error matrix on the test set

ResNet-18 к более глубоким сверточным сетям (ResNet-101, ResNet-152), способным извлекать более высокоуровневые признаки морфологического полиморфизма. Кроме того, оправдан переход к визуальным трансформерам [10] и гибридным визуально-языковым моделям разных семейств. Использование механизмов внимания доказало свою эффективность в работе со сложными медицинскими изображениями [5] и может минимизировать путаницу между поздними шизонтами и зрелыми трофозоидами. В долгосрочной перспективе архитектуру можно масштабировать до мультипаразитарных моделей [11, 12], а также оптимизировать для работы на портативных устройствах [13].

Во-вторых, уже обученную в рамках данного исследования базовую модель можно использовать для расширения датасета алгоритмами полуавтоматического обучения. Нейросеть способна разметить крупнейшие открытые массивы неаннотированных или бинарно размеченных изображений, включая датасет «NLM Malaria Screener» [7]. После ручной экспертной валидации полученной разметки, сформированные данные позволят компенсировать дисбаланс по малым классам в PfMorphoBank, в частности – по гаметоцитам.

Разработанный пайплайн стадирования плазмодия открывает новые возможности для автоматизации в лабораторной практике. В настоящий момент поиск новых терапевтических мишеней требует сложных тестов на эффективность ингибиторов. В этом контексте ИИ-классификатор обладает рядом беспрецедентных преимуществ для цифровизации *in vitro* экспериментов:

- **Автоматизация.** Метод полностью исключает субъективный человеческий фактор при подсчете уровня паразитемии в культуре.
- **Скорость.** Система позволяет анализировать сотни тысяч эритроцитов в сжатые сроки, недоступные для лаборанта.
- **Информативность.** Благодаря стадированию паразита, модель позволяет выявлять *стадийно-специфичную активность* тестируемых химических соединений (например, является ли препарат чисто шизонтоцидным или обладает гаметоцидным действием, обрывающим передачу инфекции).
- **Воспроизводимость.** Использование стандартизированной нейросети повышает сопоставимость результатов доклинического скрининга между разными научно-исследовательскими институтами и фармакологическими компаниями.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В ходе настоящего исследования был разработан и валидирован биоинформатический инструмент для цифровизации доклинических исследований антималярийных препаратов. Созданная модель компьютерного зрения на базе сверточной нейронной сети не только детектирует возбудителя тропической малярии, но и автоматически определяет стадию

жизненного цикла *Plasmodium falciparum*. Несмотря на необходимость дальнейшего расширения базы данных для лучшего распознавания гаметоцитов, внедрение такого автоматизированного инструмента повысит информативность скрининга библиотек химических соединений, обеспечит объективный контроль влияния лекарств на паразита *in vitro* и будет способствовать ускорению разработки эффективных антималярийных препаратов.

Финансирование

Исследование выполнено без привлечения внешнего финансирования.

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Liu Q, Jing WZh, Kang LYU, Liu J, Liu M. Trends of the global, regional and national incidence of malaria in 204 countries from 1990 to 2019 and implications for malaria prevention. *Journal of Travel Medicine*. 2021; 28(5): taab046. doi: 10.1093/jtm/taab046
2. Sergiev VP, Baranova AM, Kozhevnikova GM, Tokmalayev AK, Chernyshov DV, Chentsov VB, et al. Problems of clinical diagnosis and treatment of *P. falciparum* malaria in Russian Federation. *Terapevticheskii arkhiv*. 2018; 90(11): 4–8. doi: 10.26442/terarkh201890114-8
3. Haldar K, Mohandas N. Malaria, erythrocytic infection, and anemia. *Hematology. American Society of Hematology. Education Program*. 2009: 87–93. doi: 10.1182/asheducation-2009.1.87
4. Shahin OR, Alshammari HH, Alabdali RN, et al. Automated multi-model framework for malaria detection using deep learning and feature fusion. *Sci Rep*. 2025; 15, 25672. doi: 10.1038/s41598-025-04784-w
5. Fu X, Lin R, Du W, et al. Explainable hybrid transformer for multi-classification of lung disease using chest X-rays. *Sci Rep*. 2025; 15(1): 6650. doi: 10.1038/s41598-025-90607-x
6. Saidani O, Umer M, Alturki N, et al. White blood cells classification using multi-fold pre-processing and optimized CNN model. *Sci Rep*. 2024; 14: 3570. doi: 10.1038/s41598-024-52880-0
7. Mujahid M, Rustam F, Shafique R, et al. Efficient deep learning-based approach for malaria detection using red blood cell smears. *Sci Rep*. 2024; 14(1): 13249. doi: 10.1038/s41598-024-63831-0
8. Li S, Du Z, Meng X, Zhang Y. Multi-stage malaria parasite recognition by deep learning. *Giga Science*. 2021; 10(6): giab040. doi: 10.1093/gigascience/giab040
9. Kumar A, Raghunathan A, Jones R, Ma T, Liang P. Fine-tuning can distort pretrained features and underperform out-of-distribution. *International Conference on Learning Representations (ICLR)*. 2022. doi: 10.48550/arXiv.2202.10054

10. Tan D, Liang X. Multiclass malaria parasite recognition based on transformer models and a generative adversarial network. *Sci Rep.* 2023; 13(1): 17136. doi: 10.1038/s41598-023-44297-y
11. Tekle E, Dese K, Girma S, et al. DeepLeish: a deep learning based support system for the detection of Leishmaniasis parasite from Giemsa-stained microscope images. *BMC Med Imaging.* 2024; 24(1): 152. doi: 10.1186/s12880-024-01333-1
12. Mura DA, Zedda L, Loddo A, Di Ruberto C. YOLO-Trypapa: A Novel YOLO-Based Approach for Rapid and Accurate Detection of Small Trypanosoma Parasites. *J. Imaging.* 2025; 11(4): 117. doi: 10.3390/jimaging11040117
13. Lin L, Dacal E, Díez N, et al. Edge Artificial Intelligence (AI) for real-time automatic quantification of filariasis in mobile microscopy. *PLoS Negl Trop Dis.* 2024; 18(4): e0012117. doi: 10.1371/journal.pntd.0012117

Сведения об авторах

Мацаева Ольга Дмитриевна – стажер-исследователь кафедры биологии и общей генетики Института цифрового биодизайна и искусственного интеллекта в медицине ФГАОУ ВО Первый МГМУ им. И.М. Сеченова Минздрава России (Сеченовский Университет); e-mail: trespasserolya@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0009-5121-4926>

Гринева Александр Борисович – кандидат биологических наук, доцент кафедры биологии и общей генетики Института цифрового биодизайна и искусственного интеллекта в медицине ФГАОУ ВО Первый МГМУ им. И.М. Сеченова Минздрава России (Сеченовский Университет); e-mail: sagrinev@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0003-2546-7697>

Information about the authors

Olga D. Matsaeva – research intern of the Department of Biology and General Genetics, Institute of Digital Biodesign and Artificial Intelligence in Medicine, I.M. Sechenov First Moscow State Medical University (Sechenov University); e-mail: trespasserolya@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0009-5121-4926>

Alexander B. Grinev – Cand. Sc. (Biol.), associate professor of the Department of Biology and General Genetics, Institute of Digital Biodesign and Artificial Intelligence in Medicine, I.M. Sechenov First Moscow State Medical University (Sechenov University); e-mail: sagrinev@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0003-2546-7697>

Статья опубликована в рамках VII Всероссийской научно-практической конференции молодых учёных с международным участием «ФУНДАМЕНТАЛЬНЫЕ И ПРИКЛАДНЫЕ АСПЕКТЫ В МЕДИЦИНЕ И БИОЛОГИИ», 22–24 июня 2026 г.