



УДК 004.8

МРНТИ 28.23.15, 28.23.37

https://doi.org/10.53364/24138614_2026_41_2_15

М.А.Карменова¹, А.С.Тлебалдинова^{2*}, Ж.Ш.Оразбаева³, М.А.Қайдарова¹

¹ Восточно-Казахстанский университет им. С. Аманжолова, Усть-Каменогорск, Казахстан

² Восточно-Казахстанский технический университет им. Д. Серикбаева,
Усть-Каменогорск, Казахстан

³ Областная специализированная школа-лицей-интернат для одаренных детей управления образования Восточно-Казахстанской области, Усть-Каменогорск, Казахстан

*E-mail: atilebaldinova@edu.ektu.kz

МЕТОДЫ ГЛУБОКОГО ОБУЧЕНИЯ ДЛЯ ОБНАРУЖЕНИЯ И ЛОКАЛИЗАЦИИ ТУБЕРКУЛЕЗА НА РЕНТГЕНОВСКИХ ИЗОБРАЖЕНИЯХ

Аннотация. Заболевание туберкулеза в настоящее время остается одной из наиболее распространенных инфекционных заболеваний, требующих своевременной и точной диагностики. В связи с этим, в данной работе представлено исследование, направленное на разработку и сравнительную оценку моделей глубокого обучения для автоматического обнаружения туберкулеза на рентгеновских изображениях органов грудной клетки. Целью исследования является анализ эффективности моделей семейств YOLOv8 и RT-DETR для задачи детекции патологических изменений и определение наиболее точной и устойчивой архитектуры. Исходный набор данных, включающий 2441 изображение, был расширен до 5859 с применением методов аугментации и размечен с использованием ограничивающих рамок (bounding boxes) в среде Roboflow.

В рамках исследования были обучены и сравнительно проанализированы модели YOLOv8 и RT-DETR. Оценка качества проводилась по метрикам Precision, Recall, F1-score и mAP. Экспериментальные результаты показали, что наилучшие показатели продемонстрировала модель YOLOv8m (Precision = 0.94, Recall = 0.91, mAP50 = 0.95, mAP50-95 = 0.72), обеспечившая оптимальный баланс точности и вычислительной эффективности. На основе данной модели был разработан интеллектуальный агент для автоматического анализа медицинских изображений. Полученные результаты подтверждают перспективность применения моделей YOLO в задачах компьютерной диагностики и поддержки принятия врачебных решений.

Ключевые слова: туберкулез, рентгенография грудной клетки, глубокое обучение, YOLO, RT-DETR, детекция объектов, медицинские изображения, ИИ-агент.

Введение.

Туберкулез остается одним из наиболее распространенных инфекционных заболеваний в мире и представляет серьезную угрозу для общественного здравоохранения. Несмотря на развитие медицинских технологий, своевременная диагностика заболевания по-прежнему является актуальной задачей, особенно в условиях ограниченных ресурсов и высокой нагрузки на медицинский персонал. Рентгенография органов грудной клетки является одним из основных методов первичной диагностики туберкулеза, позволяющим выявлять патологические изменения в легких [1].

Однако интерпретация рентгеновских изображений требует высокой квалификации специалистов и может сопровождаться субъективными ошибками, особенно на ранних стадиях заболевания, когда изменения имеют слабовыраженный характер. В связи с этим возрастает необходимость разработки автоматизированных методов анализа медицинских изображений. Современные исследования показывают, что методы глубокого обучения позволяют значительно повысить точность и воспроизводимость диагностики туберкулеза по рентгеновским снимкам [2].

В последние годы архитектуры глубокого обучения, включая сверточные нейронные сети и модели семейства YOLO, активно применяются для автоматического обнаружения патологий на медицинских изображениях. В частности, современные работы демонстрируют высокую эффективность моделей YOLOv8 при анализе рентгеновских изображений грудной клетки, обеспечивая высокую скорость и точность детекции [3].

Несмотря на достигнутые результаты, существующие исследования имеют ряд ограничений. Во-первых, большинство работ сосредоточено на задачах классификации изображений, тогда как задачи детекции и локализации патологических областей остаются менее изученными. Во-вторых, в ряде исследований рассматриваются отдельные архитектуры без комплексного сравнительного анализа современных моделей. В-третьих, ограничено количество работ, посвященных сравнению современных архитектур детекции, включая YOLOv8 и трансформерные модели, такие как RT-DETR, в условиях медицинских данных. Таким образом, существует необходимость проведения комплексного сравнительного анализа современных моделей глубокого обучения для автоматического обнаружения туберкулеза.

Целью данного исследования является разработка и сравнительный анализ моделей глубокого обучения семейств YOLOv8 и RT-DETR для автоматического обнаружения и локализации туберкулеза на рентгеновских изображениях органов грудной клетки.

Вклад работы заключается в следующем:

- выполнена подготовка и адаптация открытого набора рентгеновских изображений, включая этапы предобработки, аннотирования и аугментации;
- реализовано и проведено экспериментальное сравнение современных архитектур детекции YOLOv8 и RT-DETR;
- проведена количественная оценка эффективности моделей по метрикам Precision, Recall, F1-score и mAP;
- выявлена архитектура, обеспечивающая наилучшее соотношение точности и вычислительной эффективности.

Структура статьи состоит из таких разделов, как введение, обзор литературы по применению методов глубокого обучения для анализа медицинских изображений, материалы и методы исследования, результаты экспериментов и их обсуждение. В заключении сформулированы основные выводы и направления дальнейших исследований.

Обзор литературы.

Задача автоматизированного анализа рентгеновских изображений органов грудной клетки для выявления туберкулеза активно развивается уже более десяти лет. Одними из базовых работ в данной области стали исследования [4, 5], где были представлены открытые наборы рентгеновских изображений Montgomery и Shenzhen, а также показана возможность автоматического скрининга туберкулеза по рентгенограммам с использованием алгоритмов компьютерного анализа.

С развитием глубокого обучения внимание исследователей сместилось от традиционных признаков методов к сверточным нейронным сетям. В систематическом обзоре M. Oloko-Oba и S. Virigi показано, что именно методы глубокого обучения в последние годы стал доминирующим направлением в автоматическом выявлении туберкулеза на рентгеновских изображениях, при этом наибольшее число работ посвящено

задачам бинарной классификации «ТВ/non-ТВ» [6]. Сходные выводы были получены и в клинически ориентированных исследованиях. Так, в [7] оценили несколько AI-алгоритмов для первичного отбора пациентов с подозрением на туберкулез и показали, что современные модели могут демонстрировать высокую диагностическую эффективность и быть применимыми в массовом скрининге. Наряду с классификацией постепенно стали развиваться методы локализации патологических областей. В работе [8] предложен подход, сочетающий диагностику и локализацию туберкулезных проявлений на рентгеновских изображениях с использованием моделей глубокого обучения. Аналогично, исследователи [9] показали, что использование сегментации легких и визуализации областей внимания позволяет повысить точность выявления туберкулеза. В работе [10] дополнительно продемонстрирована эффективность сочетания методов сегментации и интерпретируемости для анализа пораженных областей.

Отдельное направление составляют исследования, ориентированные на семантическую сегментацию. В работе [11] применены архитектуры U-Net для сегментации туберкулезных очагов на рентгеновских изображениях, что позволяет более точно выделять патологические зоны.

В последние годы все большее внимание уделяется детекционным архитектурам семейства YOLO. В работе [12] продемонстрирована эффективность модели YOLOv7 для обнаружения туберкулезных поражений на рентгеновских изображениях. Дальнейшее развитие данного направления связано с применением YOLOv8. В частности, в работе [3] показано, что YOLOv8 обеспечивает высокую точность и скорость детекции туберкулеза на рентгеновских изображениях. Помимо YOLO, активно развиваются трансформерные архитектуры детекции. В работе [13] авторами предложена модель RT-DETR, обеспечивающая высокую точность обнаружения объектов без применения процедуры подавления немаксимумов. Применение подобных моделей в медицинской визуализации демонстрируется и в работе [14], где RT-DETR используется для анализа микроскопических изображений. Также важным направлением является клиническая валидация AI-систем. В более позднем исследовании [15] показано, что эффективность моделей автоматического выявления туберкулеза может существенно зависеть от характеристик исследуемой популяции, что подчеркивает необходимость сравнительных исследований в единых условиях.

Таким образом, анализ литературы показывает, что большинство существующих работ сосредоточено на задачах классификации, тогда как задачи детекции и локализации патологических изменений остаются менее изученными. Кроме того, ограничено количество исследований, в которых проводится сравнительный анализ современных архитектур детекции, включая YOLOv8 и RT-DETR, на медицинских данных.

Материалы и методы исследования.

В рамках данного исследования для решения задачи автоматического обнаружения туберкулеза использовался набор медицинских изображений органов грудной клетки. Набор данных был получен из открытого источника с использованием платформы Roboflow. Первоначально набор данных включал 2441 рентгеновское изображение, включающий два класса: 1) класс 1 «normal» - здоровый; 2) класс 2 «tuberculosis» - признаки наличия заболевания (туберкулеза). На этапе подготовки данных в среде Roboflow была выполнена предварительная обработка изображений, включающая автоматическую ориентацию (Auto-Orient) и изменение размера изображений до разрешения 384×384 пикселей на основе метода растяжения. Аннотирование данных также было выполнено в среде Roboflow с использованием метода ограничивающих рамок (bounding boxes), что позволило точно локализовать области, содержащие признаки туберкулеза на рентгеновских изображениях. Фрагменты этапа аннотирования изображений представлены на рисунке 1.

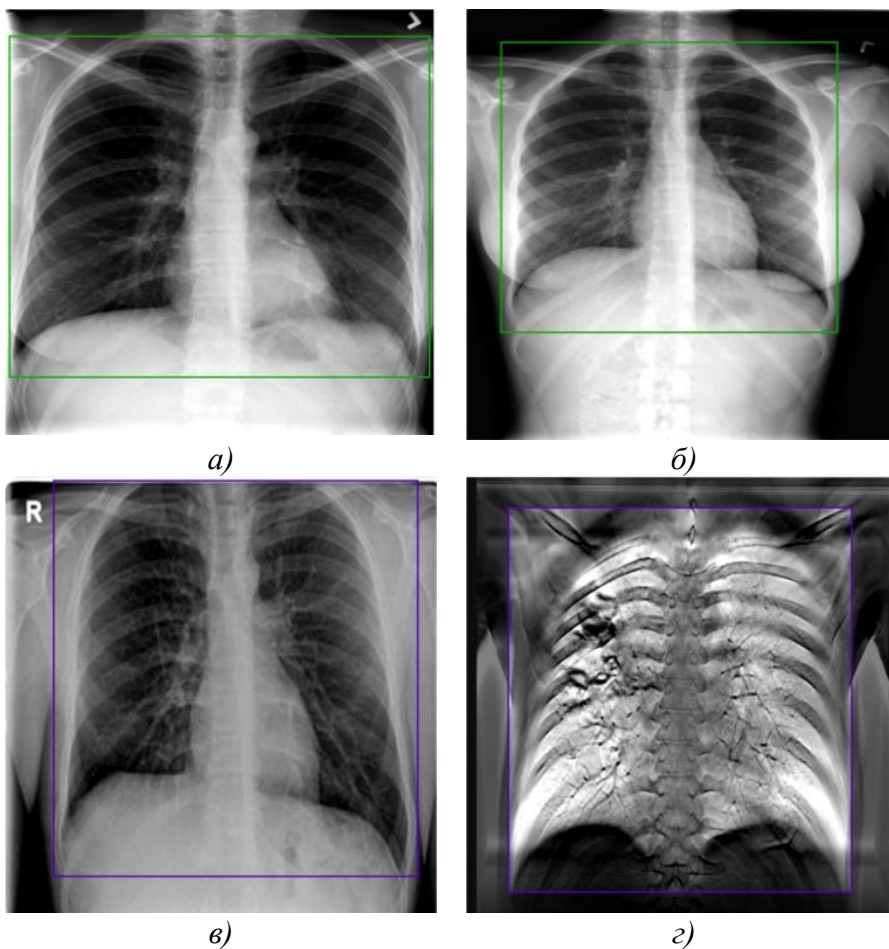


Рисунок 1 – Этап аннотирования набора данных: (а)-(б) класс 1 – здоровые легкие, (в)-(г) класс 2 – легкие с признаками туберкулеза

С целью повышения обобщающей способности модели и увеличения разнообразия обучающей выборки была применена аугментация данных, проведенная в той же среде Roboflow. Для каждого исходного изображения генерировалось по 3 дополнительных варианта. В процессе аугментации использовались следующие преобразования: горизонтальное отражение (Flip: Horizontal), поворот изображений в диапазоне от -15° до $+15^\circ$ (Rotation), а также геометрические искажения (Shear) с параметрами $\pm 10^\circ$ по горизонтали и вертикали, которые продемонстрированы на рисунке 2.

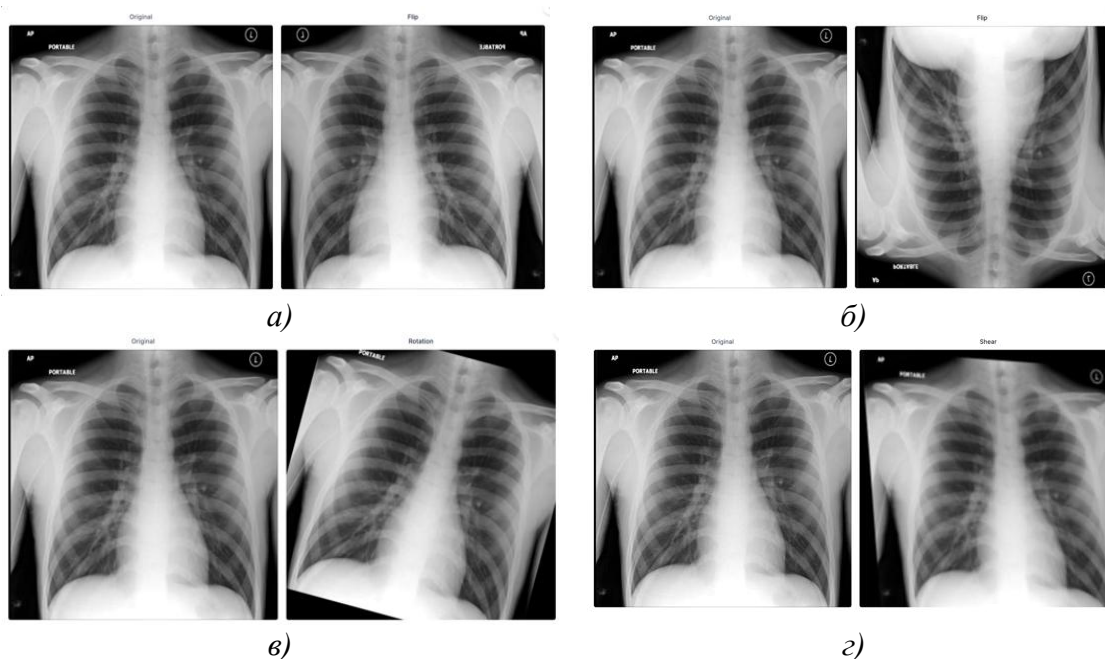


Рисунок 2 – Этап аугментации набора данных со следующими методами преобразования: (а)-(б) горизонтальное отражение (Flip), (в) поворот изображений (Rotation), (г) геометрические искажения (Shear)

Применение указанных методов предварительной обработки и аугментации позволило улучшить качество обучающего набора данных и повысить устойчивость модели к вариативности входных изображений. После выполнения этапов предварительной обработки и аугментации данных был сформирован расширенный набор изображений, который далее был разделен на обучающую, валидационную и тестовую выборки, который представлен в таблице 1.

Таблица 1 – Распределение набора данных

Набор данных	Общее количество данных	Обучающая выборка (train set)	Валидационная выборка (validation set)	Тестовая выборка (test set)
Исходный	2441	1709	488	244
Предобработанный	5859	5127	488	244

Распределение данных осуществлялось следующим образом: обучающая выборка (train set) составила 88% от общего объема и включала 5127 изображений, валидационная выборка (validation set) - 8% (488 изображений), а тестовая выборка (test set) - 4% (244 изображения). Такое распределение данных обеспечило достаточный объем обучающей выборки для эффективного обучения модели, а также позволило выполнить корректную настройку гиперпараметров и объективную оценку качества модели на независимых данных.

Для решения задачи автоматического обнаружения туберкулеза и разработки модели применялись методы глубокого обучения в области компьютерного зрения. В качестве основных архитектур в исследовании использовались модели семейства YOLO (You Only Look Once), включая различные конфигурации YOLOv8 (YOLOv8n, YOLOv8s, YOLOv8m, YOLOv8l и YOLOv8x), отличающиеся глубиной и шириной сети, что позволяет варьировать баланс между точностью и вычислительной эффективностью.

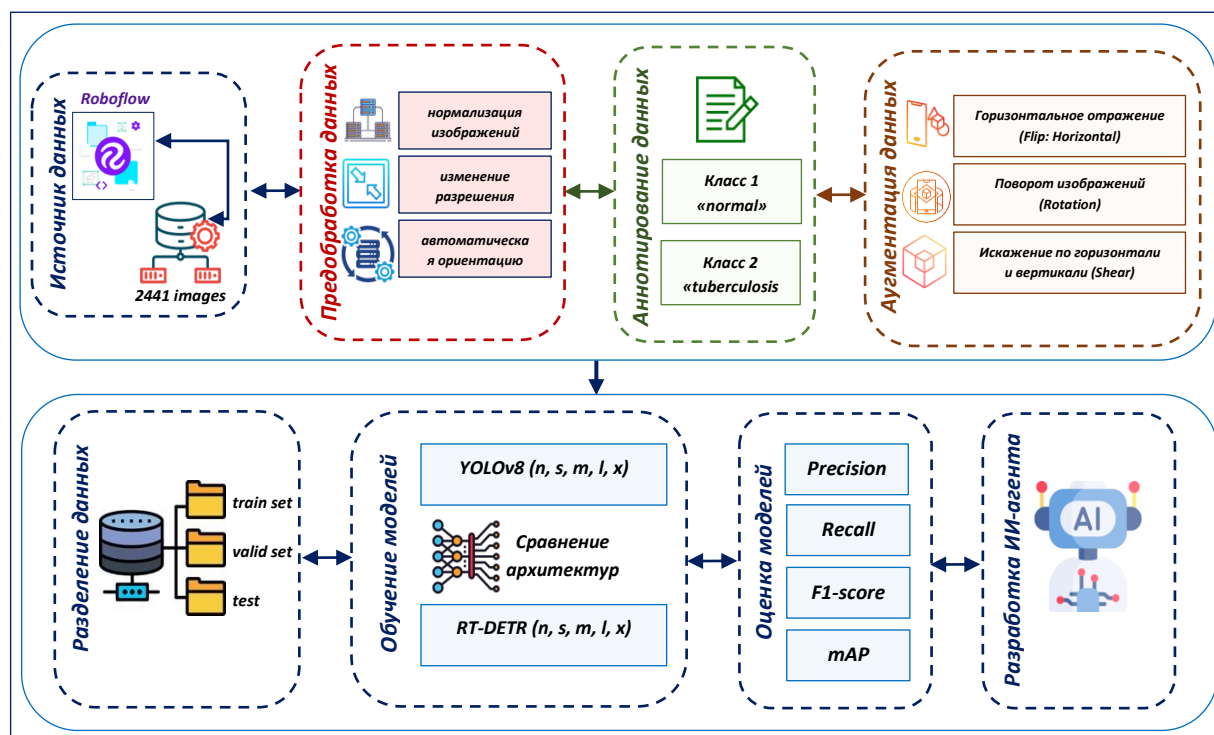


Рисунок 3 – Методология исследования для автоматического обнаружения туберкулеза

В рамках реализации задачи автоматического обнаружения туберкулеза была разработана методология исследования, которая представлена на рисунке 3. Дополнительно были рассмотрены модели семейства RT-DETR (Real-Time Detection Transformer), включая их основные модификации (RT-DETR-n, RT-DETR-s, RT-DETR-m, RT-DETR-l, RT-DETR-x), основанные на трансформерной архитектуре и обеспечивающие высокую точность обнаружения за счет учета глобальных зависимостей в изображении. Использование нескольких архитектур и их вариаций позволило провести сравнительный анализ эффективности современных подходов к детекции объектов и определить наиболее подходящую модель для задачи автоматического обнаружения признаков туберкулеза на рентгеновских изображениях.

Методология исследования включает последовательную реализацию следующих 10 этапов: 1) сбор и подготовка данных, т.е., формирование набора медицинских изображений из открытого источника и их структуризация по классам; 2) предварительная обработка данных, которая включает нормализацию изображений, изменение разрешения и автоматическую ориентацию; 3) аннотирование данных, где проведена разметка изображений с выделением здоровых областей, а также содержащих признаки туберкулеза; 4) аугментация данных, увеличение объема обучающей выборки за счет применения методов геометрических и цветовых преобразований; 5) разделение данных, а именно формирование обучающей, валидационной и тестовой выборок; 6) выбор и настройка моделей, использование архитектур YOLOv8 и RT-DETR с различными конфигурациями; 7) обучение моделей, настройка гиперпараметров и проведение обучения на подготовленных данных; 8) оценка эффективности, анализ качества моделей с использованием метрик Precision, Recall, F1-score и mAP; 9) сравнительный анализ моделей и определение наиболее эффективной архитектуры для поставленной задачи; 10) разработка интеллектуального агента для автоматического анализа изображений и поддержки диагностики.

В рамках исследования были использованы модели семейства YOLOv8, включая различные подмодели (YOLOv8n, YOLOv8s, YOLOv8m, YOLOv8l и YOLOv8x), а также

модели семейства RT-DETR с их соответствующими модификациями. Все модели были обучены на сформированном наборе медицинских изображений и использованы для решения задачи автоматического обнаружения туберкулеза.

Архитектуры YOLOv8 включают три ключевых компонента: backbone, предназначенный для извлечения признаков, neck, обеспечивающий агрегацию и передачу признаков между различными уровнями, и head, выполняющий детекцию объектов. Одной из особенностей YOLOv8 является использование усовершенствованного блока C2f, который повышает эффективность извлечения признаков при сохранении вычислительной производительности. Кроме того, модели поддерживают многомасштабное обнаружение объектов, что особенно важно при анализе медицинских изображений с различной степенью выраженности патологий. Модели семейства RT-DETR, основанные на трансформерной архитектуре, также были обучены и протестированы в рамках данного исследования. Они используют механизм внимания для учета глобальных зависимостей в изображении и позволяют выполнять детекцию без применения процедуры подавления немаксимумов (NMS). По результатам проведенного сравнительного анализа двух подходов глубокого обучения было установлено, что наиболее эффективной моделью в задаче обнаружения туберкулеза на рентгеновских изображениях является YOLOv8m, продемонстрировавшая наилучшее соотношение точности и вычислительной эффективности. На рисунке 4 представлена архитектура модели YOLOv8m.

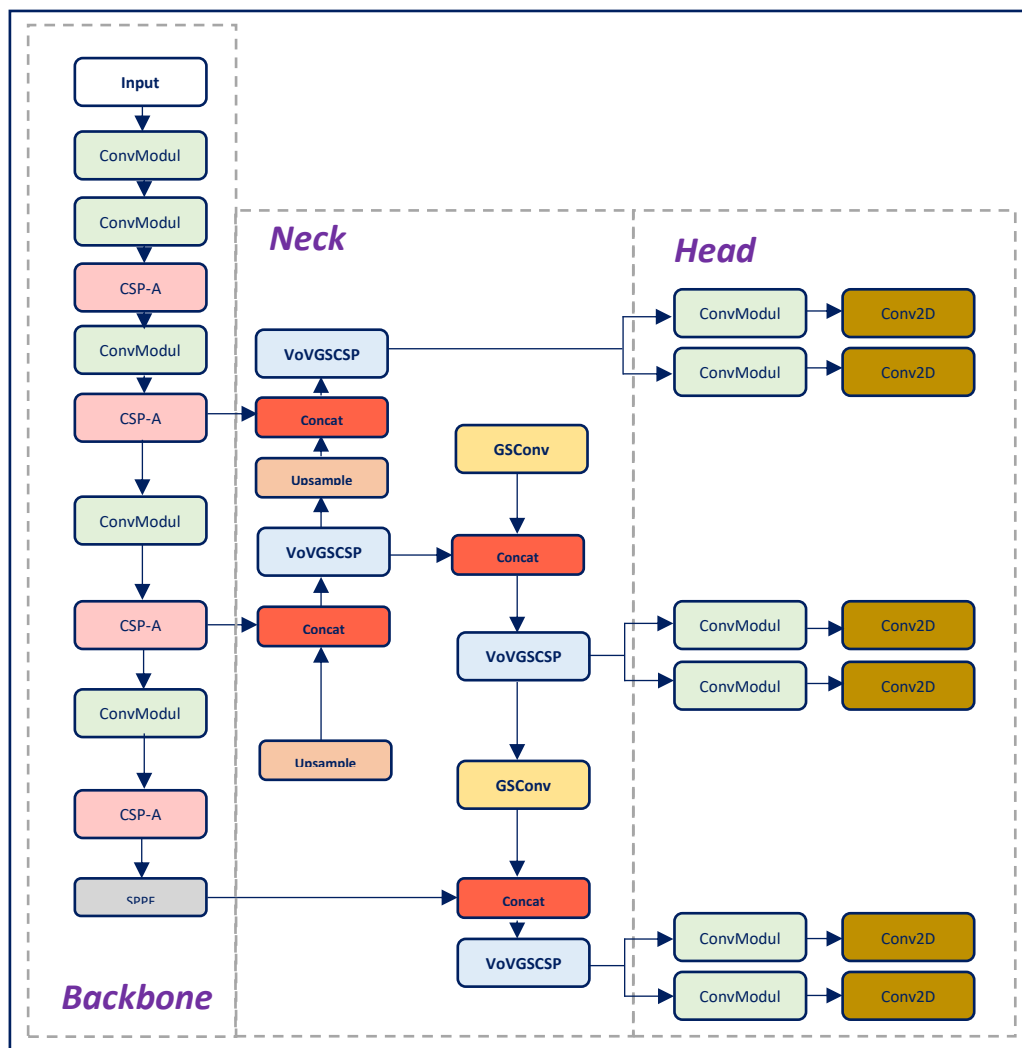


Рисунок 4 – Архитектура и компоненты модели YOLOv8m

Оценка эффективности алгоритмов обнаружения объектов, включая модели семейства YOLO, основывается на использовании специализированных метрик. Для анализа способности модели выявлять целевые объекты и определения ее общей результативности применяется набор количественных показателей, позволяющих объективно оценить точность, надежность и эффективность работы. В рамках данного исследования использованы следующие метрики:

Precision (точность): характеризует долю корректно предсказанных положительных случаев среди всех положительных предсказаний модели. Формула вычисления точности представлена в уравнении 1.

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

Recall (полнота): характеризует способность модели выявлять положительные случаи, показывая долю корректно обнаруженных положительных объектов среди всех реальных положительных примеров в наборе данных. Формула приведена в уравнении 2.

$$Recall = \frac{TP}{TP+FN} \quad (2)$$

Кроме того, для оценки эффективности алгоритма также может быть использован показатель F1-score, который учитывает одновременно Precision и Recall. Формула F1-score представлена в уравнении 3:

$$F1\ score = \frac{2 \cdot Precision \cdot Recall}{Precision + Recall} \quad (3)$$

mAP (Mean Average Precision) является одной из ключевых метрик оценки качества моделей детекции объектов. Это ключевая метрика оценки качества моделей детекции объектов, отражающая баланс между точностью (precision) и полнотой (recall) по нескольким классам и порогам IoU. Показатель mAP50 рассчитывается при IoU = 0.50 и оценивает более простые случаи обнаружения, тогда как mAP50-95 усредняется по диапазону IoU от 0.50 до 0.95 с шагом 0.05, обеспечивая более комплексную оценку. Общее значение mAP определяется по формуле (4), где AP – средняя точность для каждого класса, а n – количество классов.

$$mAP = \frac{1}{n} \sum_{k=1}^n AP_k \quad (4)$$

Результаты и их обсуждение.

Анализ полученных результатов показывает, что все модели продемонстрировали достаточно высокую точность обнаружения туберкулеза. Однако наилучшие показатели были достигнуты моделью YOLOv8m, которая обеспечила максимальные значения по всем ключевым метрикам качества. Модели семейства YOLOv8 в целом продемонстрировали более высокую эффективность по сравнению с моделями RT-DETR, что выражается в более высоких значениях mAP и F1-score. Это может быть обусловлено тем, что архитектуры YOLO лучше адаптированы для работы с ограниченными по объему медицинскими данными и обеспечивают более стабильную локализацию объектов. Модели RT-DETR, несмотря на использование трансформерных механизмов, показали несколько более низкие результаты, что может быть связано с их большей чувствительностью к объему данных и вычислительным требованиям. Таким образом, проведенное исследование показало, что модель YOLOv8m является наиболее эффективной для решения задачи автоматического обнаружения туберкулеза на рентгеновских изображениях, обеспечивая оптимальное

сочетание точности и производительности. Результаты сравнительного анализа моделей глубокого обучения представлены в таблице 2.

Таблица 2 – Сравнительный анализ и оценка эффективности моделей по результатам обучения

Модель	Precision	Recall	F1-score	mAP50	mAP50-95
YOLOv8n	0.89	0.86	0.87	0.90	0.65
YOLOv8s	0.91	0.88	0.89	0.92	0.68
YOLOv8m	0.94	0.91	0.92	0.95	0.72
YOLOv8l	0.93	0.90	0.91	0.94	0.70
YOLOv8x	0.93	0.89	0.91	0.94	0.71
RT-DETR-s	0.88	0.85	0.86	0.89	0.64
RT-DETR-m	0.89	0.86	0.87	0.90	0.65
RT-DETR-l	0.90	0.87	0.88	0.91	0.66
RT-DETR-x	0.91	0.88	0.89	0.92	0.67

В процессе обучения число эпох было установлено равным 100, что обеспечило устойчивую сходимость модели и стабильные значения метрик качества. Порог уверенности (confidence threshold) был задан на уровне 0.5, что позволило достичь оптимального баланса между точностью детекции и количеством ложных срабатываний. Полученные результаты обучения показали стабильный рост показателей mAP, что свидетельствует об эффективной настройке гиперпараметров и отсутствии переобучения. На рисунке 5 представлены результаты обучения модели YOLOv8m.

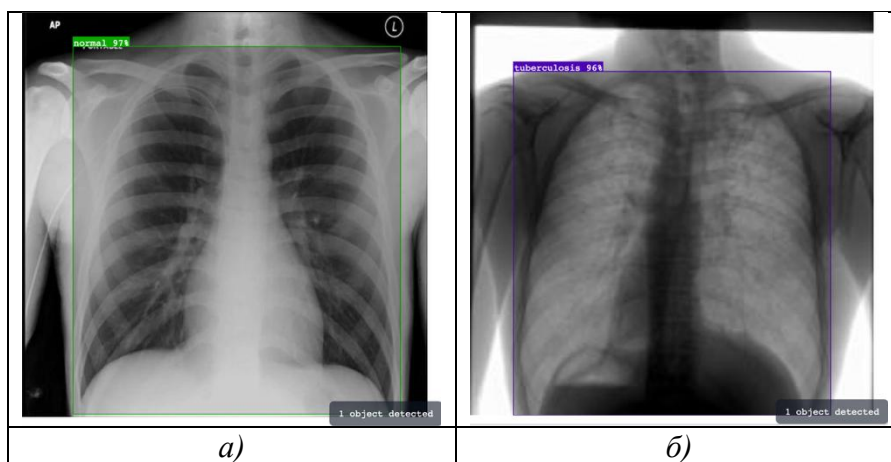


Рисунок 5 – Результат обнаружения объектов на основе обучения модели YOLOv8m: (а) – класс 1, (б) – класс 2

Анализ полученных результатов показывает, что все исследуемые модели продемонстрировали достаточно высокий уровень точности в задаче обнаружения туберкулеза на рентгеновских изображениях. Тем не менее, наилучшие показатели были достигнуты моделью YOLOv8m, которая обеспечила максимальные значения по всем ключевым метрикам: Precision = 0.94, Recall = 0.91, F1-score = 0.92, mAP50= 0.95 и mAP50-95 = 0.72. Сравнение подмоделей семейства RT-DETR показывает, что наиболее эффективной моделью является RT-DETR-x, которая продемонстрировала более низкие результаты по сравнению с YOLOv8m: Precision = 0.91, Recall = 0.88, F1-score = 0.89, mAP50= 0.92 и mAP50-95 = 0.67. Таким образом, преимущество модели YOLOv8m составляет около 3% по основным метрикам и достигает 5% по mAP50-95, что особенно важно при строгой оценке качества локализации патологических областей. Матрица

ошибок, представленная на рисунке 6, демонстрирует распределение предсказаний модели YOLOv8m на тестовой выборке.

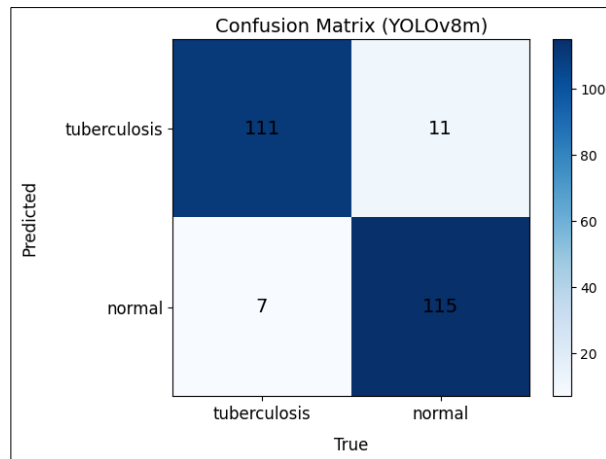
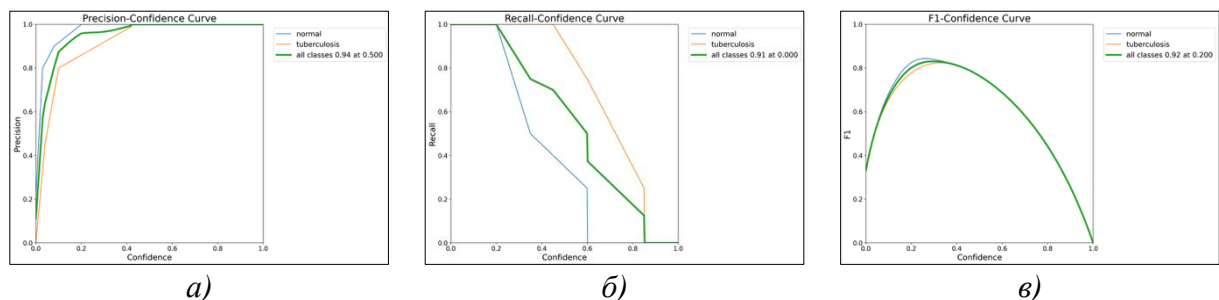


Рисунок 6 – Матрица ошибок (Confusion Matrix) модели YOLOv8m для задачи обнаружения туберкулеза на тестовой выборке

Модель корректно классифицировала 111 случаев туберкулеза (TP) и 115 нормальных изображений (TN). При этом было зафиксировано 7 ложноположительных (FP) и 11 ложноотрицательных (FN) предсказаний. Полученные результаты подтверждают высокую точность модели и ее способность эффективно выявлять патологические изменения при минимальном количестве ошибок, что является критически важным для задач медицинской диагностики. Также на рисунке 7 представлены оценочные кривые модели YOLOv8m.



а)

б)

в)

Рисунок 7 – Оценочные кривые модели YOLOv8m, (а) - Precision, (б) - Recall, (в) - F1-score в зависимости от Confidence

В целом, модели семейства YOLOv8 продемонстрировали более высокую эффективность по сравнению с RT-DETR, что выражается в стабильно более высоких значениях mAP и F1-score. Это может быть обусловлено лучшей адаптацией архитектур YOLO к задачам с ограниченным объемом медицинских данных, а также их способностью обеспечивать более точную и устойчивую локализацию патологических изменений, характерных для туберкулеза. Модели RT-DETR, несмотря на использование современных трансформерных механизмов внимания, оказались более чувствительными к объему обучающей выборки и вычислительным требованиям, что могло повлиять на снижение их эффективности в рамках данного исследования. Таким образом, проведенный сравнительный анализ убедительно показывает, что модель YOLOv8m является наиболее эффективной для решения задачи автоматического обнаружения туберкулеза на рентгеновских изображениях, обеспечивая оптимальное сочетание точности, устойчивости и вычислительной производительности. На основе полученных результатов проведенного исследования и выявления наиболее эффективной модели YOLOv8m был разработан

интеллектуальный агент для автоматического обнаружения туберкулеза на рентгеновских изображениях.

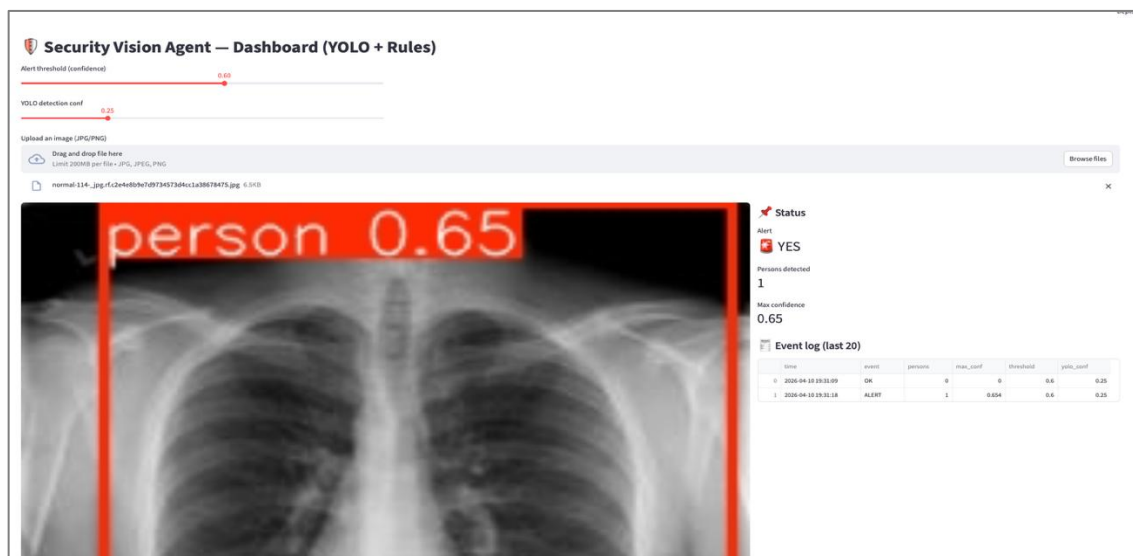


Рисунок 8 – Разработанный ИИ-агент с применением модели глубокого обучения YOLOv8m для автоматического обнаружения туберкулеза

Разработанный ИИ-агент реализован в виде интерактивного веб-приложения и предназначен для анализа медицинских изображений с визуализацией результатов детекции. Запуск системы осуществляется с использованием локальной среды разработки и интерфейса Streamlit, что обеспечивает удобство взаимодействия с пользователем и доступность инструмента для практического применения. На рисунке 8 представлен разработанный ИИ-агент с применением модели глубокого обучения YOLOv8m. Созданный ИИ-агент может выступать в качестве вспомогательного инструмента для медицинских специалистов, особенно на начальных этапах профессиональной деятельности, повышая точность интерпретации рентгеновских снимков и снижая вероятность диагностических ошибок. Его применение способствует ускорению процесса выявления патологий и может быть использовано в системах поддержки принятия врачебных решений.

Заключение.

В результате проведенного исследования была разработана и апробирована модель глубокого обучения для автоматического обнаружения туберкулеза на рентгеновских изображениях. Сравнительный анализ показал, что наилучшие результаты продемонстрировала модель YOLOv8m, обеспечившая высокие значения точности (Precision = 0.94), полноты (Recall = 0.91) и mAP50= 0.95. Установлено, что модели семейства YOLOv8 превосходят архитектуры RT-DETR по показателям эффективности и устойчивости при работе с медицинскими данными. На основе полученной модели был разработан интеллектуальный агент, позволяющий автоматизировать процесс анализа изображений и выступающий в качестве вспомогательного инструмента для медицинских специалистов. В дальнейшем планируется расширение набора данных, исследование и сравнительный анализ других современных моделей глубокого обучения, а также оптимизация существующих архитектур с целью повышения точности и надежности диагностики. Особое внимание будет уделено изучению новых гибридных и трансформерных подходов, а также интеграции разработанного ИИ-агента в реальные медицинские системы для поддержки принятия врачебных решений.

Список литературы

1. World Health Organization. (2024). Global tuberculosis report 2024. Geneva: World Health Organization. License: CC BY-NC-SA 3.0 IGO. (Accessed: March 25, 2025).
2. Rajpurkar, P., Irvin, J., Zhu, K., et al. (2017) CheXNet: Radiologist-Level Pneumonia Detection on Chest X-Rays with Deep Learning. arXiv preprint. <https://doi.org/10.48550/arXiv.1711.05225>
3. Rahamathulla, M. P., Emmanuel, W. R. S., Bindhu, A. & Ahmed, M. M. (2024). YOLOv8's advancements in tuberculosis identification from chest images. *Frontiers in Big Data*, 7:1401981. <https://doi.org/10.3389/fdata.2024.1401981>
4. Jaeger, S., Candemir, S., Antani, S., Wang, Y.-X.J., Lu, P.-X. & Thoma, G. Two public chest X-ray datasets for computer-aided screening of pulmonary diseases. *Quantitative Imaging in Medicine and Surgery*. 2014;4(6):475–477. <https://doi.org/10.3978/j.issn.2223-4292.2014.11.20>
5. Jaeger, S., Karargyris, A., Candemir, S., et al. (2014). Automatic tuberculosis screening using chest radiographs. *IEEE Transactions on Medical Imaging*. 33(2):233–245. <https://doi.org/10.1109/TMI.2013.2284099>
6. Oloko-Oba, M. & Viriri, S. (2022). A Systematic Review of Deep Learning Techniques for Tuberculosis Detection From Chest Radiograph. *Frontiers in Medicine*. 9:830515. <https://doi.org/10.3389/fmed.2022.830515>
7. Qin, Z.Z., Ahmed, S., Sarker, M.S., et al. (2021). Tuberculosis detection from chest x-rays for triaging in a high tuberculosis-burden setting: an evaluation of five artificial intelligence algorithms. *The Lancet Digital Health*.3(9):e543–e554. [https://doi.org/10.1016/S2589-7500\(21\)00116-3](https://doi.org/10.1016/S2589-7500(21)00116-3)
8. Guo, R., Passi, K. & Jain, C.K. (2020). Tuberculosis Diagnostics and Localization in Chest X-Rays via Deep Learning Models. *Frontiers in Artificial Intelligence*.3:583427. <https://doi.org/10.3389/frai.2020.583427>
9. Rahman, T., Khandakar, A., Kadir, M.A., et al. (2020). Reliable Tuberculosis Detection Using Chest X-Ray With Deep Learning, Segmentation and Visualization. *IEEE Access*. 8:191586–191601. <https://doi.org/10.1109/ACCESS.2020.3031384>
10. Sharma, V., Nillmani, Gupta, S.K. & Shukla, K.K. (2024). Deep learning models for tuberculosis detection and infected region visualization in chest X-ray images. *Intelligent Medicine*. 4(2):104–113. <https://doi.org/10.1016/j.imed.2023.06.001>
11. Ou, C.-Y., Chen, Y.-K., Chang, H.-T., Wei, C.-Y., et al. (2024). Deep Learning-Based Classification and Semantic Segmentation of Lung Tuberculosis Lesions in Chest X-ray Images. *Diagnostics*. 14(9):952. <https://doi.org/10.3390/diagnostics14090952>
12. Bista, R., Timilsina, A. & Manandhar, A. (2023). Advancing Tuberculosis Detection in Chest X-rays: A YOLOv7-Based Approach. *Information*. 14(12):655. <https://doi.org/10.3390/info14120655>
13. Zhao, Y., Lv, W., Xu, S., et al. (2023). DETRs Beat YOLOs on Real-time Object Detection. arXiv. <https://doi.org/10.48550/arXiv.2304.08069>
14. Guemas, E. & Routier, B. (2024). Ghelfenstein-Ferreira T., et al. Automatic patient-level recognition of four Plasmodium species on thin blood smear by a real-time detection transformer (RT-DETR) object detection algorithm: a proof-of-concept and evaluation. *Microbiology Spectrum*. 12(2):e01440-23. <https://doi.org/10.1128/spectrum.01440-23>
15. Qin, Z, Vander Walt M, Moyo, S, et al. (2024). Computer-aided detection of tuberculosis from chest radiographs in a tuberculosis prevalence survey in South Africa: external validation and modelled impacts of commercially available artificial intelligence software *The Lancet Digital Health*. 6, e605-e613. [https://doi.org/10.1016/S2589-7500\(24\)00118-3](https://doi.org/10.1016/S2589-7500(24)00118-3)

ТУБЕРКУЛЕЗДІ РЕНТГЕНДІК КЕСКІНДЕРДЕ АНЫҚТАУ ЖӘНЕ ЛОКАЛИЗАЦИЯЛАУҒА АРНАЛҒАН ТЕРЕҢ ОҚЫТУ ӘДІСТЕРІ

Аңдатпа. Туберкулез қазіргі уақытта уақтылы және дәл диагностика жасауды талап ететін ең кең таралған жұқпалы аурулардың бірі болып табылады. Осыған байланысты, бұл жұмыста кеуде қуысының рентген суреттерінде туберкулезді автоматты түрде анықтауға арналған терең оқыту модельдерін әзірлеу және салыстырмалы бағалау зерттеуі ұсынылған. Зерттеудің мақсаты патологиялық өзгерістерді анықтау міндетінде YOLOv8 және RT-DETR модельдерінің тиімділігін талдау және ең дәл әрі тұрақты архитектураны анықтау. Бастапқы деректер жиыны 2441 кескіннен тұрып, аугментация әдістерін қолдану арқылы 5859 кескінге дейін кеңейтілді және Roboflow ортасында шектеуші рамкалар (bounding boxes) көмегімен таңбаланды.

Зерттеу барысында YOLOv8 және RT-DETR модельдері оқытылып, салыстырмалы түрде талданды. Бағалау Precision, Recall, F1-score және mAP метрикалары негізінде жүргізілді. Эксперимент нәтижелері бойынша YOLOv8m моделі ең жоғары көрсеткіштерге қол жеткізді (Precision = 0.94, Recall = 0.91, mAP50 = 0.95, mAP50-95 = 0.72), бұл оның дәлдік пен есептеу тиімділігінің оңтайлы теңгерімін қамтамасыз ететінін көрсетеді. Осы модель негізінде медициналық кескіндерді автоматты талдауға арналған интеллектуалды агент әзірленді. Алынған нәтижелер YOLO модельдерінің компьютерлік диагностика және дәрігерлік шешім қабылдауды қолдау жүйелерінде қолданудың тиімділігін дәлелдейді.

Түйін сөздер: туберкулез, кеуде қуысының рентгенографиясы, терең оқыту, YOLO, RT-DETR, объектілерді анықтау, медициналық кескіндер, ЖИ-агент.

DEEP LEARNING METHODS FOR DETECTION AND LOCALIZATION OF TUBERCULOSIS IN X-RAY IMAGES

Abstract. Tuberculosis remains one of the most widespread infectious diseases, requiring timely and accurate diagnosis. In this regard, this study presents the development and comparative evaluation of deep learning models for the automatic detection of tuberculosis in chest X-ray images. The aim of the study is to analyze the effectiveness of YOLOv8 and RT-DETR model families for detecting pathological changes and to determine the most accurate and robust architecture. The initial dataset consisting of 2441 images was expanded to 5859 using data augmentation techniques and annotated with bounding boxes in the Roboflow environment.

Within the study, YOLOv8 and RT-DETR models were trained and comparatively analyzed. Model performance was evaluated using Precision, Recall, F1-score, and mAP metrics. Experimental results showed that the YOLOv8m model achieved the best performance (Precision = 0.94, Recall = 0.91, mAP50 = 0.95, mAP50-95 = 0.72), providing an optimal balance between accuracy and computational efficiency. Based on this model, an intelligent agent for automatic analysis of medical images was developed. The obtained results confirm the effectiveness of YOLO-based models for computer-aided diagnosis and clinical decision support systems.

Keywords: tuberculosis, chest X-ray, deep learning, YOLO, RT-DETR, object detection, medical images, AI agent.

Авторлар туралы мәлімет

Карменова Мархаба Ахметоллиновна	PhD, С. Аманжолов атындағы Шығыс Қазақстан университетінің қауымдастырылған профессоры, Өскемен қ., Қазақстан E-mail: mmm058246@gmail.com
Тлебалдинова Айжан Солтанғалиевна	PhD, Д. Серікбаев атындағы Шығыс Қазақстан техникалық университетінің қауымдастырылған профессоры, Өскемен қ., Қазақстан E-mail: atlebaldinova@edu.ektu.kz
Оразбаева Жанар Шайкеновна	Шығыс Қазақстан облысы білім басқармасының дарынды балаларға арналған облыстық мамандандырылған мектеп-лицей-интернатының информатика пәні мұғалімі, Өскемен, Қазақстан, E-mail: Dana_69@mail.ru
Қайдарова Меруерт Асанқызы	С. Аманжолов атындағы Шығыс Қазақстан университетінің лекторы, Өскемен қ., Қазақстан, E-mail: meruert.kaydarova.94@mail.ru

Сведение об авторах

Карменова Мархаба Ахметоллиновна	PhD, ассоциированный профессор Восточно-Казахстанского университета имени С. Аманжолова, Усть-Каменогорск, Казахстан, E-mail: mmm058246@gmail.com
Тлебалдинова Айжан Солтанғалиевна	PhD, ассоциированный профессор Восточно-Казахстанского технического университета имени Д. Серикбаева, г.Усть-Каменогорск, Казахстан E-mail: atlebaldinova@edu.ektu.kz
Оразбаева Жанар Шайкеновна	Учитель информатики Областной специализированной школы-лицея-интернат для одаренных детей управления образования Восточно-Казахстанской области, Усть-Каменогорск, Казахстан, E-mail: Dana_69@mail.ru
Қайдарова Меруерт Асанқызы	Лектор Восточно-Казахстанского университета имени С. Аманжолова, Усть-Каменогорск, Казахстан, E-mail: meruert.kaydarova.94@mail.ru

Information about the authors

Karmenova Markhaba	PhD, Associate Professor, S. Amanzholov East Kazakhstan University, Ust-Kamenogorsk, Kazakhstan, E-mail: mmm058246@gmail.com
Tlebaldinova Aizhan	PhD, Associate Professor, D. Serikbayev East Kazakhstan Technical University, Ust-Kamenogorsk, Kazakhstan, E-mail: atlebaldinova@edu.ektu.kz
Orazbayeva Zhanar	Computer Science Teacher at the Regional Specialized Boarding School-Lyceum for Gifted Children of the Education Department of East Kazakhstan Region, Ust-Kamenogorsk, Kazakhstan, E-mail: Dana_69@mail.ru
Kaidarova Meruyert	Lector, S. Amanzholov East Kazakhstan University, Ust-Kamenogorsk, Kazakhstan E-mail: meruert.kaydarova.94@mail.ru