

# Объяснимое глубокое обучение с использованием симметрии для диагностики рака толстой кишки: бенчмаркинг моделей, кросс-валидация, статистический анализ и интерпретируемость через исследования методом абляции

Источник: Frontiers in AI — Medicine

Оригинал: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/frai.2026.1762636>

Explainable AI

гистопатология

глубокое обучение

диагностика

онкология

рак толстой кишки

## Введение

Гистопатологические ткани демонстрируют естественную радиальную и билатеральную (двустороннюю) симметрию в железистых структурах, которая прогрессивно нарушается в процессе злокачественной трансформации. Основываясь на этом наблюдении, в данной работе представлена модель глубокого обучения на базе **VGG16**, дополненная интерпретацией с учетом симметрии для раннего выявления **аденокарциномы толстой кишки**. Традиционные подходы недостаточно прозрачны и функционируют как «черные ящики», что снижает их клиническое внедрение и принятие в реальных сценариях. Текущая исследовательская работа использует последние достижения в области глубокого обучения в медицинских изображениях и интегрирует стратегии **объяснимого искусственного интеллекта (XAI)**, такие как **LIME**, **SHAP** и **Grad-CAM**, в модель для интерпретации того, как вызванные раком искажения симметрии влияют на решения модели.

## Методы

Данная работа протестирована на сбалансированном наборе данных, состоящем из 10 000 гистопатологических сканов, включая 5 000 образцов тканей **аденокарциномы толстой кишки** и 5 000 образцов **доброкачественной ткани толстой кишки**. Цель данного исследования — пролить свет на то, как доброкачественные ткани сохраняют последовательные симметричные железистые паттерны, в то время как раковые образцы демонстрируют выраженную асимметрию, неровные границы и нарушение структурной повторяемости. Авторы также стремятся количественно оценить эти различия, используя облегченные **2D-индексы симметрии**, демонстрируя четкое различие между нормальными и злокачественными тканями.

## Результаты и обсуждение

Текущее исследование представляет высокоточную модель для диагностики рака толстой кишки с использованием сверточной нейронной сети (CNN) **VGG16**, которая достигает многообещающей точности тестирования (test accuracy) 99,85%. Модель продемонстрировала очень высокие показатели точности (**precision**), полноты (**recall**) и **F1-меры** для обоих классов — нормального и ракового, что подтверждается отчетом о классификации. Среди различных методов **XAI** метод **Grad-CAM** продемонстрировал скорость и масштабируемость, что делает его подходящим выбором для крупномасштабного развертывания в здравоохранении. **SHAP**, несмотря на высокую вычислительную сложность, обеспечил теоретическую надежность и глубокое понимание процессов. **LIME** оказался полезным для локальной интерпретируемости, что особенно удобно при отладке отдельных прогнозов.