

УДК 681.518+004.932.2+576.315
<https://doi.org/10.56871/ViM.2025.26.56.005>

Разработка требований к функциональным характеристикам программного средства для выявления ядер клеток

Александра Александровна Тихомирова, Ксения Станиславовна Ефремова,
Михаил Александрович Дохов, Артём Викторович Леванчук,
Никита Александрович Дементьев

Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский университет, 194100, г. Санкт-Петербург, ул. Литовская, д. 2, Российская Федерация

Контактная информация: Артём Викторович Леванчук — преподаватель кафедры медицинской информатики.
E-mail: artemlevanchuk@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0003-4248-4392>; SPIN: 6116-5289

Для цитирования: Тихомирова А.А., Ефремова К.С., Дохов М.А., Леванчук А.В., Дементьев Н.А. Разработка требований к функциональным характеристикам программного средства для выявления ядер клеток. *Визуализация в медицине*. 2025;7(3): 41–47. <https://doi.org/10.56871/ViM.2025.26.56.005>.

Поступила: 19.08.2025

Одобрена: 26.09.2025

Принята к печати: 18.11.2025

Резюме. Введение. Автоматизированное выделение ядер является важным шагом в анализе клеточных образцов, позволяющим повысить воспроизводимость и масштабируемость количественного морфологического анализа, а корректно заданные через техническое задание требования к функциональным характеристикам программного средства ускоряют обработку больших наборов изображений и минимизируют вероятность ложных определений, что напрямую влияет на достоверность клинических выводов и последующих диагностических решений. **Цель исследования** — разработать требования к функциональным характеристикам программного средства для выделения ядер клеток на цифровых микроизображениях и оценить его эффективность. **Материалы и методы.** Анализ современных научных публикаций в отечественных и зарубежных электронных библиотеках за последние 15 лет, индексируемых в РИНЦ и Scopus. Медицинские изображения взяты из виртуальной базы гистологических микрофотографий HistologyGuide. Автоматизированное выявление клеточных ядер выполнялось с использованием библиотеки OpenCV на языке программирования Python. **Результаты.** Эффективность алгоритма с техническим заданием, учитывающим функциональные характеристики программного средства для выделения ядер клеток на цифровых микроизображениях, оказалась статистически значимо ($p < 0,001$) выше, чем у алгоритма без технического задания. **Выводы.** Учет площади (в пикселях) в диапазоне от 100 до 1000 пикселей и удлиненности в диапазоне от 1 до 3,5 пикселей при формировании требований к функциональным характеристикам программного средства позволяет увеличить точность и чувствительность выделения клеточных ядер на цифровых изображениях микропрепаратов.

Ключевые слова: функциональные требования к информационным системам, оценка эффективности, компьютерный анализ изображений, клеточные ядра

<https://doi.org/10.56871/ViM.2025.26.56.005>

Development of requirements for functional characteristics of a software tool for detecting cell nuclei

Alexandra A. Tikhomirova, Ksenija S. Efremova,
Mikhail A. Dokhov, Artem V. Levanchuk, Nikita A. Dementyev

Saint Petersburg State Pediatric Medical University, 2 Lithuania, Saint Petersburg 194100, Russian Federation

Contact information: Artem V. Levanchuk — Lecturer of the Department of Medical Informatics.

E-mail: artemlevanchuk@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0003-4248-4392>; SPIN: 6116-5289

For citation: Tikhomirova A.A., Efremova K.S., Dokhov M.A., Levanchuk A.V., Dementyev N.A. Development of requirements for functional characteristics of a software tool for detecting cell nuclei. *Visualization in Medicine*. 2025;7(3):4–10. <https://doi.org/10.56871/ViM.2025.26.56.005>.

Received: 19.08.2025

Revised: 26.09.2025

Accepted: 18.11.2025

Abstract. Introduction. Automated nuclear extraction is an important step in the analysis of cell samples, allowing for increased reproducibility and scalability of quantitative morphological analysis. Correctly defined software specifications accelerate the processing of large image sets and minimize the chance of false positives, which directly impacts the reliability of clinical conclusions and subsequent diagnostic decisions. **Aim** — to develop requirements for the functional characteristics of a software tool for isolating cell nuclei and to evaluate its effectiveness. **Materials and methods.** Analysis of modern scientific publications in Russian and foreign electronic libraries over the past 15 years, indexed in the Russian Science Citation Index (RSCI) and Scopus. Medical images were taken from the HistologyGuide virtual database of histological micrographs. Automated detection of cell nuclei was performed using the OpenCV library in the Python programming language. **Results.** The efficiency of the algorithm with the technical specifications taking into account the functional characteristics of the software for isolating cell nuclei in digital microimages turned out to be statistically significantly ($p < 0.001$) higher than that of the algorithm without the technical specifications. **Conclusions.** Taking into account the area (in pixels) in the range from 100 to 1000 pixels and the elongation in the range from 1 to 3.5 pixels when forming requirements for the functional characteristics of the software product allows for increasing the accuracy and sensitivity of isolating cell nuclei in digital images of microslides.

Keywords: functional requirements for information systems, efficiency assessment, computer-aided image analysis, cell nuclei

ВВЕДЕНИЕ

В современной медицине анализ микроскопических изображений клеток и тканей по-прежнему остается одним из важнейших диагностических подходов при лечении различных болезней [1–3].

Прогресс в области компьютерной техники и микроскопии открывает возможности для применения вычислительных методов при анализе гистологических препаратов, способствуя автоматизации обработки цифровых изображений [4–6]. Отмечается важность выделения ядер клеток на цифровых микроизображениях, так как проведение этого этапа с соблюдением всех правил обеспечивает надежность последующих шагов обработки изображений [15, 16]. Однако множество морфометрических характеристик и существенные колебания их величин у разных типов клеток создают серьезные препятствия при создании универсального алгоритма [7–9]. Требования к его функциональным характеристикам, заложенные в техническое задание, выступают связующим элементом между целью и технической реализацией продукта [10–14].

Оценка эффективности реализации требований к функциональным характеристикам программного продукта позволяет определить степень соответствия заданным функциональным требованиям, выявить отклонения от ожидаемых режимов функционирования, а также прогнозировать влияние изменений в функциональном составе на общую надежность и удобство эксплуатации [22].

Таким образом, разработка требований к функциональным характеристикам программного средства для выделения ядер клеток на цифровых микроизображениях является актуальной задачей.

ЦЕЛЬ ИССЛЕДОВАНИЯ

Разработать требования к функциональным характеристикам программного средства для выделения ядер клеток и оценить его эффективность.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Анализ свыше 80 современных научных публикаций в электронных библиотеках PubMed и eLIBRARY за последние 15 лет, индексируемых в PИНЦ и Scopus.

Материалом данного исследования послужили цифровые изображения гистологических микропрепаратов почки, выбор которых обусловлен их стабильностью, поскольку частичная замена клеток происходит примерно раз в несколько месяцев или лет. Медицинские изображения взяты из вир-

туальной базы HistologyGuide, как соответствующей критериям наличия масштабной шкалы, корректной цветопередачи окраски гематоксилином–эозином и типичной картины нормальной ткани. В рамках исследования было выделено 60 полей зрения, по 20 для каждого типа ткани: паренхимы, эпителия сосудов и соединительной ткани.

На подготовительном этапе был проведен анализ литературных источников, который позволил выявить ключевой фактор для выделения границ ядер — площадь ядра. В рамках первого этапа исследования эксперты проанализировали набор из 60 цифровых изображений микропрепаратов, измерили площадь, периметр, малый и большой диаметры, удлиненность и округлость ядер и подсчитали общее количество ядер. С помощью критерия Шапиро–Уилка определено, что результаты измерения морфометрических параметров в разных типах тканей соответствуют нормальному закону распределения.

На втором этапе был написан программный код на языке Python (версия 3.12) в дистрибутиве Anaconda с использованием библиотеки OpenCV для выделения ядер по их площади (границные значения получены эмпирическим путем перевода средних значений площади ядер из мкм^2 в пиксели). Результат работы программы (число верно выделенных и пропущенных ядер) был оценен экспертами как неудовлетворительный.

На третьем этапе был проведен факторный анализ, по результатам которого определили наиболее значимые параметры при выделении ядер клеток: удлиненность и площадь. Затем были сформулированы новые требования к программному продукту на основании ключевых параметров и их численных значений, которые были взяты по границам доверительного интервала. Имеющийся программный код был изменен в соответствии с новыми требованиями к функциональным характеристикам компьютерного средства и с учетом граничных значений удлиненности и площади. Результат автоматического выделения ядер также оценивался экспертами.

На четвертом этапе оценивалась эффективность программы посредством расчета чувствительности (отношение верно выделенных ядер ко всем выделенным элементам) и точности (отношение числа верно выделенных ядер к сумме всех выделенных элементов и числа пропущенных ядер) в двух группах сравнения:

Группа сравнения 1 — между результатами автоматизированного выделения ядер по их площади [17] без учета требований к функциональным характеристикам программного продукта и результатами ручного подсчета ядер.

Группа сравнения 2 — между результатами автоматизированного выделения ядер с учетом требований к функциональным характеристикам программного продукта и результатами ручного подсчета ядер.

РЕЗУЛЬТАТЫ

В результате факторного анализа в программе STATISTICA 10.0 были выделены фактор размера (основным является параметр площади) и фактор формы (ведущим является параметр удлиненности ядра клетки). Доля общей дисперсии фактора размера 50%, а фактора формы — 43%, следовательно, эти два фактора являются наиболее значимыми [18–21].

Подготовлены требования к функциональным характеристикам программного продукта для выделения контуров объектов:

1. Площадь ядра клетки должна находиться в диапазоне значений от 100 до 1000 (пикселей). Для этого после применения функции `cv2.findContours` нужно использовать функцию `area = cv2.contourArea(contour)`.
2. Удлиненность ядра клетки, определяющаяся по формуле $E = \text{длинный диаметр} / \text{короткий диаметр}$, должна находиться в диапазоне значений от 1,0 до 3,5 пикселей. Для этого после применения функции `cv2.findContours` и `cv2.boundingRect(contour)` нужно использовать функцию `elongation = max(w, h) / min(w, h)`.

Создан программный код, который, согласно уточненному в ходе исследования техническому заданию, выявляет ядра клеток на основании их площади и удлиненности. На рисунке 1 проиллюстрирован результат работы алгоритма.

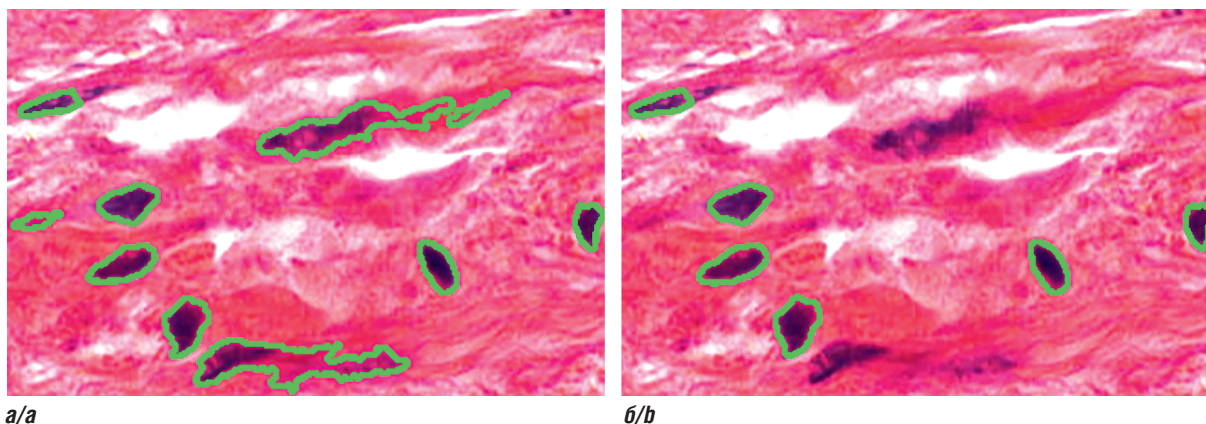


Рис. 1. Выявление ядер на изображении микропрепарата почки (а) без требований, (б) с учетом требований к функциональным характеристикам

Fig. 1. Identification nuclei in the image of the kidney micropreparation (a) without requirements, (b) taking into account the requirements for functional characteristics

Таблица 1

Оценка чувствительности и точности выделения ядер клеток в группах сравнения

Table 1

Evaluation of sensitivity and accuracy of cell nuclei isolation in comparison groups

Оцениваемые переменные / Estimated variables	Сравнение 1 (автоматизированный подсчет без технического задания) / Comparison 1 (automated counting without technical specifications)	Сравнение 2 (автоматизированный подсчет с техническим заданием) / Comparison 2 (automated counting with technical specifications)
Количество верно выделенных ядер / Number of correctly allocated cores	4703	5301
Количество пропущенных ядер / Number of missed cores	761	163
Количество ошибочно выделенных ядер / Number of incorrectly allocated cores	747	389
Чувствительность / Sensitivity	86%	97%
Точность / Accuracy	77%	91%

Всего на цифровых изображениях 60 полей зрения содержалось 5464 ядер клеток. При автоматизированном подсчете ядер без технического задания 4703 выделено правильно, 761 пропущено, 747 артефактов. При автоматизированном подсчете ядер с использованием технического задания 5301 выделено правильно, 163 пропущено, 389 артефактов. Результаты подсчетов отражены в таблице 1.

Экспертами были рассчитаны следующие показатели эффективности.

- Чувствительность в группе с техническим заданием равна 97%, в группе без него — 86%, что является статистически значимым ($p < 0,001$).
- Точность в группе с техническим заданием равна 91%, в группе без него — 77%, что также считается статистически значимым ($p < 0,001$).

По результатам работы эффективность алгоритма с техническим заданием оказалась статистически значимо ($p < 0,001$) выше, чем у алгоритма без технического задания.

ВЫВОДЫ

Учет площади (в пикселях) в диапазоне от 100 до 1000 пикселей и удлиненности в диапазоне от 1 до 3,5 пикселей при формировании требований к функциональным характеристикам программного продукта для автоматизированного выделения ядер клеток позволяет увеличить точность и чувствительность выделения клеточных ядер на цифровых изображениях микропрепаратов методами компьютерного зрения. Таким образом, постановка требований к функциональным характеристикам программного продукта, отраженная в техническом задании, приводит к более точному определению ядер на цифровых микроизображениях.

ДОПОЛНИТЕЛЬНАЯ ИНФОРМАЦИЯ

Вклад авторов. Все авторы внесли существенный вклад в разработку концепции, проведение исследования и подготовку статьи, прочли и одобрили финальную версию перед публикацией.

Конфликт интересов. Авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов, связанных с публикацией настоящей статьи.

Источник финансирования. Авторы заявляют об отсутствии внешнего финансирования при проведении исследования.

ADDITIONAL INFORMATION

Author contribution. All authors made a substantial contribution to the conception of the study, acquisition,

analysis, interpretation of data for the work, drafting and revising the article, final approval of the version to be published and agree to be accountable for all aspects of the study.

Competing interests. The authors declare that they have no competing interests.

Funding. This study was not supported by any external sources of funding.

ЛИТЕРАТУРА

1. Медовый В. С. Исследование и разработка программного обеспечения автоматической микроскопии биоматериалов. Автореф. дис. ... канд. техн. наук. М.; 2007.
2. Автандилов Г.Г. Медицинская морфометрия. М.: Медицина; 1990.
3. Андриянов Н.А., Дементьев В.Е., Ташлинский А.Г. Обнаружение объектов на изображении: от критериев Байеса и Неймана-Пирсона к детекторам на базе нейронных сетей. *Компьютерная оптика*. 2022;46(1):139–159. <https://doi.org/10.18287/2412-6179-CO-922>. EDN: IGOBDC.
4. Шапиро Л., Стокман Дж. Компьютерное зрение. М.: БИНОМ. Лаборатория знаний; 2015. EDN: SUFYRZ.
5. Стернин В.Е., Леванчук А.В., Ваулин Г.Ф. Применение искусственного интеллекта в решении задач распознавания объектов на медицинских изображениях. В кн.: Материалы XIX Санкт-Петербургской международной конференции «Региональная информатика». СПб.; 2024: 302–303. EDN: CYWOOD.
6. Стернин В.Е., Дохов М.А., Тихомирова А.А., Леванчук А.В. Методы предварительной обработки цифровых фотографий лимфоцитов. *Визуализация в медицине*. 2023;5(3):16–20. EDN: LYFJFS.
7. Арешидзе Д.А. Механизмы поддержания и изменений формы и размеров клеточного ядра (обзор). *Морфологические ведомости*. 2022;30(3):73–80. [https://doi.org/10.20340/mv-mn.2022.30\(3\).670](https://doi.org/10.20340/mv-mn.2022.30(3).670).
8. Поляков Е.В., Попов В.В., Дмитриева В.В. Система анализа изображений ядродержащих клеток костного мозга для формирования диагностического заключения в онкогематологии. *Моделирование, оптимизация и информационные технологии*. 2025;13(1). <https://doi.org/10.26102/2310-6018/2025.48.1.016>.
9. Леванчук А.В., Дохов М.А., Тихомирова А.А., Стернин В.Е. Современные подходы к определению параметров для исключения артефактов изображения на цифровых микрофотографиях. *Визуализация в медицине*. 2022;4(4):3–6. EDN: KQGUNO.
10. Гутгарц Р.Д. Особенности проектирования и программирования при создании информационных систем. *Программные продукты и системы*. 2020;33(3):385–395. <https://doi.org/10.15827/0236-235X.131.385-395>. EDN: MQLBTZ.
11. Лученко А.В., Горбаченко И.М. Проектирование информационной системы по учету товара на складе IT-отдела

- в системе 1С. Теоретический и практический потенциал современной науки. Сборник научных статей. А.Х. Цечоева, научн. ред. Ч. П. М.: Перо; 2019: 104–108. EDN: AOYKXS.
12. Грекул В.И., Денищенко Г.Н., Коровкина Н.Л. Проектирование информационных систем. М.: Интернет-Университет Информационных Технологий (ИНТУИТ), Ай Пи Ар Медиа; 2024.
 13. Гутгарц Р.Д., Провилков Е.И. О формализации функциональных требований в проектах по созданию информационных систем. *Программные продукты и системы*. 2019;32(3):349–357. <https://doi.org/10.15827/0236-235X.127.349-357>. EDN: GXHPFX.
 14. Гутгарц Р.Д., Полякова П.М. Анализ особенностей формулирования функциональных требований к автоматизированной информационной системе. *Программные продукты и системы*. 2019;32(3):358–367. <https://doi.org/10.15827/0236-235X.127.358-367>. EDN: OQHPTB.
 15. Loukas C.G., Wilson G.D., Vojnovic B., Linney A. An image analysis-based approach for automated counting of cancer cell nuclei in tissue sections. *Cytometry A*. 2003;55(1):30–42. <https://doi.org/10.1002/cyto.a.10060>.
 16. Byun J., Verardo M.R., Sumengen B., Lewis G.P., Manjunath B.S., Fisher S.K. Automated tool for the detection of cell nuclei in digital microscopic images: application to retinal images. *Mol Vis*. 2006;12:949–960. PMID: 16943767.
 17. Salvi M., Molinari F. Multi-tissue and multi-scale approach for nuclei segmentation in H&E stained images. *BioMedical Engineering OnLine*. 2018;89(17). <https://doi.org/10.1186/s12938-018-0518-0>.
 18. Irshad H., Veillard A., Roux L., Racocanu D. Methods for Nuclei Detection, Segmentation, and Classification in Digital Histopathology: A Review — Current Status and Future Potential. *IEEE Reviews in Biomedical Engineering*. 2014;(7):97–114. <https://doi.org/10.1109/RBME.2013.2295804>.
 19. Chen H., Qi X., Yu L., Heng P.-A. DCAN: Deep Contour-Aware Networks for Accurate Gland Segmentation. Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). 2016:2487–2496. <https://doi.org/10.1109/CVPR.2016.273>.
 20. Xu J., Xiang L., Liu Q., Gilmore H., Wu J., Tang J., Madabhushi A. Stacked Sparse Autoencoder (SSAE) for Nuclei Detection on Breast Cancer Histopathology Images. *IEEE Trans Med Imaging*. 2016;35(8):119–130. <https://doi.org/10.1109/TMI.2015.2458702>.
 21. Caicedo J.C., Goodman A., Karhohs K.W., Cimini B.A., Ackerman J., Haghighi M., Heng C., Becker T., Doan M., McQuin C., Rohban M., Singh S., Carpenter A.E. Nucleus segmentation across imaging experiments: the 2018 Data Science Bowl. *Nat Methods*. 2019;16(12):1247–1253. <https://doi.org/10.1038/s41592-019-0612-7>.
 22. Adewumi A., Misra S., Omoregbe N., Crawford B., Soto R. A systematic literature review of open source software quality assessment models. *Springerplus*. 2016;5(1):1936. <https://doi.org/10.1186/s40064-016-3612-4>.
- ## REFERENCES
1. Medovyy V.S. Research and development of software for automatic microscopy of biomaterials. MD thesis. Moscow; 2021. (In Russian).
 2. Avtandilov G.G. Medical morphometry. The manual. Moscow: Medicina; 1990. (In Russian).
 3. Andriyanov N.A., Dementiev V.E., Tashlinskiy A.G. Detection of objects in the images: from likelihood relationships towards scalable and efficient neural networks. *Computer Optics*. 2022;46(1):139–159. (In Russian). <https://doi.org/10.18287/2412-6179-CO-922>. EDN: IGOBDC.
 4. Shapiro L., Stockman G. Computer vision. Moscow: BINOM. Laboratoriya znaniy; 2015. (In Russian). EDN: SUFYRZ.
 5. Sternin V.E., Levanchuk A.V., Vaulin G.F. Artificial intelligence in solving problems of object recognition in medical images. In: V kn.: Materialy XIX Sankt-Peterburgskoy mezhdunarodnoy konferentsii “Regionalnaya informatika”. Saint Petersburg; 2024: 302–303. (In Russian). EDN: CYWOOD.
 6. Sternin V.E., Dokhov M.A., Tikhomirova A.A., Levanchuk A.V. Methods of preprocessing digital photos of lymphocytes. *Visualization in Medicine*. 2023;5(3):16–20. (in Russian). EDN: LYFJFS.
 7. Areshidze D.A. Mechanisms of the keeping and change of forms and sizes of the cell nuclei (review). *Morphological newsletter*. 2022;30(3):73–80. (In Russian). [https://doi.org/10.20340/mv-mn.2022.30\(3\).670](https://doi.org/10.20340/mv-mn.2022.30(3).670).
 8. Polyakov E.V., Popov V.V., Dmitrieva V.V. A system for analyzing images of nucleated bone marrow cells for the formation of a diagnostic conclusion in oncohematology. *Modeling, Optimization and Information Technology*. 2025;13(1). (In Russian). <https://doi.org/10.26102/2310-6018/2025.48.1.016>.
 9. Levanchuk A.V., Dokhov M.A., Tikhomirova A.A., Sternin V.E. Modern approaches to the determination of parameters for the exclusion of image artifacts in digital microphotography. *Visualization in Medicine*. 2022;4(4):3–6. (In Russian). EDN: KQGUNO.
 10. Gutgarts R.D. Design and programming features when creating information systems. *Software & Systems*. 2020;33(3):385–395. (In Russian). <https://doi.org/10.15827/0236-235X.131.385-395>. EDN: MQLBTZ.
 11. Luchenko A.V., Gorbachenko I.M. Design of an information system for accounting of goods in the warehouse of the IT department in the 1C system. Theoretical and practical potential of modern science. Collection of scientific articles. A.Kh. Tsetshoeva, scientific ed. Part II. Moscow: Pero; 2019: 104–108. EDN: AOYKXS. (In Russian).
 12. Grekul V.I., Denishchenko G.N., Korovkina N.L. Designing information systems. Textbook. Internet-Universitet Informatsionnykh Tekhnologiy (INTUIT), Ai Pi Ar Media; 2024.
 13. Gutgarts R.D., Provilkov E.I. On the formalization of functional requirements in information system projects. *Software & Systems*. 2019;32(3):349–357 (In Russian). <https://doi.org/10.15827/0236-235X.127.349-357>. EDN: GXHPFX.

14. Gutgarts R.D., Polyakova P.M. Analysis of formulation features of functional requirements to an automated information system. *Software & Systems*. 2019;32(3):358–367 (In Russian). <https://doi.org/10.15827/0236-235X.127.358-367>. EDN: OQHPTB.
15. Loukas C.G., Wilson G.D., Vojnovic B., Linney A. An image analysis-based approach for automated counting of cancer cell nuclei in tissue sections. *Cytometry A*. 2003;55(1):30–42. <https://doi.org/10.1002/cyto.a.10060>.
16. Byun J., Verardo M.R., Sumengen B., Lewis G.P., Manjunath B.S., Fisher S.K. Automated tool for the detection of cell nuclei in digital microscopic images: application to retinal images. *Mol Vis*. 2006;12:949–960. PMID: 16943767.
17. Salvi M., Molinari F. Multi-tissue and multi-scale approach for nuclei segmentation in H&E stained images. *BioMedical Engineering OnLine*. 2018;89(17). <https://doi.org/10.1186/s12938-018-0518-0>.
18. Irshad H., Veillard A., Roux L., Racoceanu D. Methods for Nuclei Detection, Segmentation, and Classification in Digital Histopathology: A Review — Current Status and Future Potential. *IEEE Reviews in Biomedical Engineering*. 2014;(7):97–114. <https://doi.org/10.1109/RBME.2013.2295804>.
19. Chen H., Qi X., Yu L., Heng P.-A. DCAN: Deep Contour-Aware Networks for Accurate Gland Segmentation. Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). 2016:2487–2496. <https://doi.org/10.1109/CVPR.2016.273>.
20. Xu J., Xiang L., Liu Q., Gilmore H., Wu J., Tang J., Madabhushi A. Stacked Sparse Autoencoder (SSAE) for Nuclei Detection on Breast Cancer Histopathology Images. *IEEE Trans Med Imaging*. 2016;35(8):119–130. <https://doi.org/10.1109/TMI.2015.2458702>.
21. Caicedo J.C., Goodman A., Karhohs K.W., Cimini B.A., Ackerman J., Haghighi M., Heng C., Becker T., Doan M., McQuin C., Rohban M., Singh S., Carpenter A.E. Nucleus segmentation across imaging experiments: the 2018 Data Science Bowl. *Nat Methods*. 2019;16(12):1247–1253. <https://doi.org/10.1038/s41592-019-0612-7>.
22. Adewumi A., Misra S., Omoregbe N., Crawford B., Soto R. A systematic literature review of open source software quality assessment models. *Springerplus*. 2016;5(1):1936. <https://doi.org/10.1186/s40064-016-3612-4>.