

Хмельницький національний університет
Факультет інформаційних технологій
Кафедра комп'ютерної інженерії та інформаційних систем

КВАЛІФІКАЦІЙНА РОБОТА

Галузь знань 12 – Інформаційні технології

Спеціальність 123 – Комп'ютерна інженерія

на тему «Кіберфізична система діагностики раку молочної залози з використанням нейромережі»

КвРКІП. 190199.22.01.09ПЗ

Виконав: студент 2 курсу, група КІ2м-22-1


Підпис

Сіпайло А.О.
Ініціали, прізвище

Керівник доктор техн. наук, професор
Науковий ступінь, вчене звання

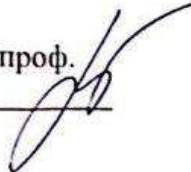

Підпис

Федоров С.С.
Ініціали, прізвище

До захисту допускаю:
Зав. кафедри КІС, д.т.н., проф.

Т.О. Говорущенко

23 05 2024 р.



Хмельницький, 2024

ХМЕЛЬНИЦЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ

Факультет Інформаційних технологій

Кафедра Комп'ютерної інженерії та інформаційних систем

Освітній рівень магістр

Галузь знань 12 Інформаційні технології

Спеціальність 123 Комп'ютерна інженерія

Освітня програма освітньо-наукова програма «комп'ютерна інженерія та програмування»

ЗАТВЕРДЖУЮ

Зав. кафедри Т.О.Говорущенко

“ 01 ” 09 2023 р.

**ЗАВДАННЯ
НА КВАЛІФІКАЦІЙНУ РОБОТУ МАГІСТРА**

Сіпайло Анатолію Олександровичу

Прізвище, ім'я, по батькові студента

1. Тема проекту (роботи) Кіберфізична система діагностики раку молочної залози з використанням нейромережі»

Керівник проекту (роботи) Федоров Є.Є., д.т.н., професор

Прізвище, ім'я, по батькові, науковий ступінь, вчене звання

Затверджена наказом ректора університету від 01.01.2024 р. № 1

2. Строк подання студентом проекту (роботи) на кафедру 01.05.2024 р.

3. Вихідні дані до проекту (роботи) Завдання на дипломне проектування

4. Зміст пояснювальної записки (перелік питань, які потрібно розробити) _____

Аналіз сучасних моделей діагностики онкологічних захворювань


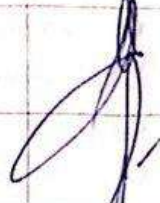

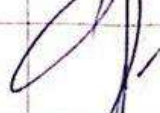
Дослідження методів, алгоритмів та програмних засобів для опрацювання медичних зображень

Модель виявлення раку молочної залози на базі нейронної мережі

Кіберфізична система діагностики раку молочної залози

5. Перелік графічного матеріалу (із зазначенням обов'язкових креслень) _____

6. Консультанти розділів дипломного проєкту (роботи)

Розділ	Прізвище, ініціали та посада консультанта	Підпис, дата	
		завдання видав	завдання прийняв
Нормоконтроль	Лисенко С.М., професор кафедри КПС		
Антиплагиат	Нічепорук А.О., доцент кафедри КПС		

7. Дата видачі завдання « 01 » 09 2023.

КАЛЕНДАРНИЙ ПЛАН

№з/п	Назва етапів (розділів) кваліфікаційної роботи магістра	Термін виконання етапів проєкту (роботи)	Примітка
1	Вибір напрямку дослідження та узгодження тематики ДРМ з керівником	01.09.2023	виконано
2	Ознайомлення з предметною областю; формулювання мети та задач дослідження; визначення об'єкта та предмета дослідження	01.10.2023	виконано
3	Робота над розділом 1 – аналіз сучасних моделей діагностики онкологічних захворювань	01.11.2023	виконано
4	Робота над розділом 2 – дослідження методів, алгоритмів та програмних засобів для опрацювання медичних зображень	01.12.2023	виконано
5	Робота над науковою публікацією	01.02.204	виконано
6	Робота над розділом 3 – модель виявлення раку молочної залози на базі нейронної мережі	15.02.2024	виконано
7	Робота над розділом 4 – кіберфізична система діагностики раку молочної залоз	01.04.204	виконано
8	Оформлення пояснювальної записки згідно вимог	18.04.2024	виконано
9	Попередній захист ДРМ	29.04.2024	виконано
10	Захист ДРМ на засіданні ЕК	До 15.05.2024	

Студент


Підпис

Сіпайло А.О.
Ініціали, прізвище

Керівник роботи


Підпис

Федоров Є.Є.
Ініціали, прізвище

РЕФЕРАТ

Тема кваліфікаційної роботи магістра: Кіберфізична система діагностики раку молочної залози з використанням нейромережі.

Автор роботи: Сіпайло Анатолій Олександрович

Керівник роботи: д.т.н., професор Федоров Євген Євгенович

Пояснювальна записка: 90 с., 37 рис., 8 табл., 1 дод., 54 джерел.

ЗГОРТАЛЬНА НЕЙРОННА МЕРЕЖА, КІБЕРФІЗИЧНА СИСТЕМА, ШТУЧНА НЕЙРОННА МЕРЕЖА, МАМОГРАФІЯ, YOLO-V4, INSERTION-V3, СЕГМЕНТАЦІЯ.

Об'єктом дослідження є процеси оброблення цитологічних та гістологічних зображень.

Предметом дослідження є методи попереднього опрацювання зображення, кількісної оцінки сегментації, а також структура та моделі згорткових нейронних мереж.

Метою кваліфікаційної роботи магістра є створення, вдосконалення та розвиток методів і алгоритмів для опрацювання, класифікації, сегментації та оцінки біомедичних зображень з високою точністю.

Для розв'язання поставлених задач використовуються основні положення, що базується на методах теорії алгоритмів, теорії метрик для порівняння зображень в метриках Фреше та Хаусдорфа, теорії нечіткої логіки для формування правил оброблення зображень, методах комп'ютерного зору для попереднього оброблення зображень, технологіях об'єктно-орієнтованого програмування для програмної реалізації кіберфізичної системи.

Наукова новизна отриманих результатів: набув подальшого розвитку метод метричної кількісної оцінки якості сегментації біомедичних зображень, для підвищення точності оцінки сегментації; набула подальшого розвитку модель автоматичного вибору алгоритмів сегментації біомедичних зображень, який застосовує метрики, базу знань та адаптацію алгоритмів до типу зображень для

підвищення точності сегментації; удосконалено метод опрацювання цитологічних та гістологічних зображень, який забезпечує покращення якості зображень через застосування бази знань, алгоритмів фільтрації, правил гістограмного вирівнювання та адаптації до типу зображень.

На основі проведених досліджень розроблена нейронна мережа для визначення раку молочної залози.

Практична значимість отриманих результатів полягає у реалізації кіберфізичної системи з адаптивними алгоритмами опрацювання зображень та графічними інтерфейсами для різних типів користувачів; на основі досліджень зображень передракових і ракових станів молочної залози реалізовано базу даних для системи автоматизації. Отримані результати підвищують точність оцінки результатів сегментації, покращують якість гістологічних і цитологічних зображень.

У першому розділі проведено аналіз поширення раку молочної залози, що підтверджує високий ризик смерті, але зазначено, що рання діагностика зменшує летальність. Розглянуто процес виявлення раку, включаючи огляд існуючих систем, де основними методами діагностики є метод опорних векторів і методи на основі штучних нейронних мереж, з акцентом на точності та чутливості. Проаналізовано основні методи виявлення раку молочної залози та навчання згорткових мереж для діагностики на медичних зображеннях, підкреслено важливість нормалізації даних і аугментації навчального набору.

У другому розділі проаналізовано ключові методи та алгоритми комп'ютерного зору на різних рівнях, вивчено біомедичні зображення і системи автоматизованої мікроскопії. Досліджено методи обробки зображень, виокремлено їх позитивні та негативні сторони, що сприяло створенню ефективних алгоритмів для обробки біомедичних зображень. Проведено аналіз біомедичних зображень, виправдано важливість обробки гістологічних і цитологічних зображень для діагностики онкологічних захворювань. Вивчено сучасні програмні засоби для обробки та класифікації зображень, виявлено їх переваги та недоліки, що дало можливість використовувати їх у розробці

інтелектуальної САМ. Досліджено існуючі системи автоматизованої мікроскопії, виокремлено їх позитивні та негативні аспекти, підкреслено відсутність інтелектуальних засобів обробки зображень та обґрунтовано необхідність розробки інтелектуальної САМ для раннього діагностування передракових станів молочної залози.

У третьому розділі розглянуто структуру та особливості штучних нейронних мереж, зокрема їхню роль у розв'язанні завдань обробки зображень. Згорткові нейронні мережі (CNN) є потужним інструментом у комп'ютерному зорі завдяки використанню згорткових та пулінгових шарів для визначення та виділення важливих ознак у зображеннях. Удосконалено алгоритм YOLO (You Only Look Once) для виявлення об'єктів, який одночасно визначає їх положення та клас, забезпечуючи високу швидкодію та точність. Побудовано модель Inception-V3 для класифікації зображень, яка використовує ядра різних розмірів для агрегації інформації з різних масштабів, що забезпечує точнішу класифікацію. Досліджено метричний підхід для оцінки якості сегментації для визначення мінімальних відстаней між контурами та зонами зображень, покращуючи точність оцінки. Розроблено метод автоматичного вибору алгоритмів сегментації та адаптивного оброблення зображень, базуючись на алгоритмах фільтрації та гістограмного вирівнювання.

У четвертому розділі описано процес підготовки даних, навчання моделей та створення інтерфейсу. Попередня обробка включає обробку зображень та аугментацію тренувального набору для виділення пухлин та розширення набору. Навчання моделей YOLO-V4 та Inception-V3 показало високі показники: влучність 93%, повнота 82%, mAP 86,6% для YOLO-V4, та точність 82,61%, влучність 90%, повнота 78,26% для Inception-V3. Користувацький інтерфейс дозволяє переглядати та зберігати результати аналізу зображень.

ЗМІСТ

СКОРОЧЕННЯ ТА УМОВНІ ПОЗНАКИ	5
ВСТУП.....	6
1 АНАЛІЗ СУЧАСНИХ МОДЕЛЕЙ ДІАГНОСТИКИ ОНКОЛОГІЧНИХ ЗАХВОРЮВАНЬ.....	10
1.1 Огляд показників виникнення та летальності від раку молочної залози ...	10
1.2 Основні проблеми при обробці медичних зображень	13
1.3 Дослідження існуючих рішень щодо діагностики раку молочної залози ..	18
1.4 Постановка задачі	23
1.5 Висновки.....	23
2 ДОСЛІДЖЕННЯ МЕТОДІВ, АЛГОРИТМІВ ТА ПРОГРАМНИХ ЗАСОБІВ ДЛЯ ОПРАЦЮВАННЯ МЕДИЧНИХ ЗОБРАЖЕНЬ	25
2.1 Аналіз біомедичних зображень	25
2.2 Методи та алгоритми обробки зображень	28
2.3 Методи оцінки точності сегментації	36
2.4 Програмні інструменти для обробки зображень.....	39
2.5 Системи автоматизованої обробки зображень	42
2.6 Висновки.....	45
3 МОДЕЛЬ ВИЯВЛЕННЯ РАКУ МОЛОЧНОЇ ЗАЛОЗИ НА БАЗІ НЕЙРОННОЇ МЕРЕЖІ	47
3.1 Штучні нейронні мережі.....	47
3.2 Навчання штучних нейронних мереж	50
3.3 Згорткові нейронні мережі	53
3.4 Алгоритм YOLO	56
3.5 Модель Inception-V3.....	59

3.6	Метричний метод кількісної оцінки якості сегментації.....	62
3.7	Метод автоматичного вибору алгоритмів сегментації на основі метрик ...	66
3.8	Висновки.....	69
4	КІБЕРФІЗИЧНА СИСТЕМА ДІАГНОСТИКИ РАКУ МОЛОЧНОЇ ЗАЛОЗИ.....	71
4.1	Підготовка навчальних даних.....	71
4.2	Навчання моделі нейромережі YOLO-V4	73
4.3	Навчання моделі нейромережі Inception-V3	76
4.4	Інтерфейс користувача системи	78
4.5	Висновки	81
	ВИСНОВКИ	82
	ПЕРЕЛІК ПОСИЛАНЬ.....	85
	ДОДАТОК А ЛІСТИНГ ПРОГРАМНОГО ЗАБЕЗПЕЧЕННЯ КІБЕРФІЗИЧНОЇ СИСТЕМИ ДІАГНОСТИКИ РАКУ МОЛОЧНОЇ ЗАЛОЗИ З ВИКОРИСТАННЯМ НЕЙРОМЕРЕЖІ	91
	ДОДАТОК Б ДЕМОНСТРАЦІЙНІ МАТЕРІАЛИ ДО РОБОТИ	99

СКОРОЧЕННЯ ТА УМОВНІ ПОЗНАКИ

BI-RADS – Breast Imaging Reporting and Data System

CNN – convolutional neural network (згортальна нейронна мережа)

CPU – central processing unit

MLP – multilayer perceptron (багатошаровий перцептрон)

MPI – message passing interface

PNN – probabilistic neural network (імовірнісна нейронна мережа)

БНМ – багатошарова нейронна мережа

ГНМ – гібридна нейронна мережа

ЗНМ – згортальна нейронна мережа

ІС – інформаційна система

ІТ – інформаційні технології

СТЗ – системи технічного зору

ШІ – штучний інтелект

ШНМ – штучна нейронна мережа

ВСТУП

Одним з основних напрямків наукових досліджень у 21 столітті є розвиток фундаментальних та застосованих наук, спрямованих на здоров'я людини. Серцево-судинні та онкологічні захворювання призводять до найвищої смертності серед населення планети. Девід Балтімор, лауреат Нобелівської премії, описав ракові клітини як «армію клітин», що постійно викликає виклик нашим методам лікування.

Рак молочної залози – серйозне захворювання, яке завжди залишається актуальним через його поширеність та вплив на життя багатьох людей. Щорічно він діагностується у мільйонів жінок по всьому світу. З огляду на постійний прогрес у медичних дослідженнях та технологіях, розвиток методів діагностики та лікування раку молочної залози триває. Таким чином, рання діагностика є ключовим способом боротьби з онкологічними захворюваннями.

Програмно-апаратні засоби відіграють важливу роль у діагностиці онкологічних захворювань. Системи автоматизованої мікроскопії (САМ) використовуються для обробки біомедичних зображень, таких як цитологічні, гістологічні та імуногістохімічні. Апаратне забезпечення включає мікроскоп, відеокамеру та обчислювальний пристрій. Програмне забезпечення САМ в основному використовує методи обробки зображень на низькому та середньому рівнях комп'ютерного зору, але є дефіцит у сучасних методах на високому рівні, зокрема в класифікації зображень.

Лікарі-діагности, такі як цитологи та гістологи, є основними користувачами САМ. Проте існуючі системи не завжди придатні для багатокористувацького використання. Викликом також є використання багатьох експертів для постановки діагнозу, які можуть знаходитися на великій відстані один від одного. САМ із використанням телемедицини дозволяють підвищити ефективність та швидкість роботи медичного персоналу. Сегментація біомедичних зображень є ключовим етапом в САМ, дозволяючи виділити досліджувані мікрооб'єкти. Використання кількісних критеріїв дозволяє об'єктивно оцінити якість сегментації

та підвищити точність дослідження. У сучасних системах використовуються згорткові нейронні мережі для класифікації зображень, що отримали значну популярність. Однак проблемою залишається тривалість навчання цих мереж. Проте, розвиток графічних процесорів сприяє зменшенню часу навчання.

Методи та алгоритми обробки зображень розроблені на основі наукових досягнень як українських, так і зарубіжних учених. Значущий вклад у їх розробку внесли: Gonsales R., Prewitt J. M. S., Шапиро Л. (попереднє оброблення, сегментація, розпізнавання зображень), Абламейко С.В., Недзьведь А.М. (аналіз біомедичних зображень), Медовий В.С. (розробка систем автоматизованої мікроскопії), Шлезінгер М. І., Alt H., Atallah M. J., Zhang Y. J., Rote G. (компаративний аналіз зображень на основі метрик), Воробель Р.А. (попереднє оброблення зображень), Боюн В.П. (апаратні засоби для обробки зображень), Машталір В.П., Пелешко Д.Д. (сегментація зображень), Тимченко Л.І. (паралельна обробка алгоритмів зображень), Бодянський Є.В., Ткаченко Р.О., Цмоць І.Г. (алгоритми класифікації з використанням нейронних мереж).

Розроблені методи та алгоритми використовуються за досягненнями як вітчизняних, так і закордонних дослідників. Незважаючи на значний прогрес, залишаються невирішеними наукові завдання щодо оброблення біомедичних зображень на різних рівнях комп'ютерного зору.

Актуальність роботи полягає в підвищенні якості та точності оброблення, сегментації та класифікації біомедичних зображень в системах автоматизованої мікроскопії, що є актуальною науковою проблемою.

Мета і задачі дослідження. Метою кваліфікаційної роботи є створення, вдосконалення та розвиток методів і алгоритмів для опрацювання, класифікації, сегментації та оцінки біомедичних зображень з високою точністю.

Поставлена мета досягається розв'язанням таких основних задач:

- аналіз існуючих методів, алгоритмів та інструментів оброблення біомедичних зображень;
- розробка моделі автоматичного вибору алгоритмів сегментації та їх параметрів;

- розширення структури згорткової нейронної мережі для класифікації цитологічних та гістологічних зображень;
- створення бази даних гістологічних і цитологічних зображень передракових і ракових станів молочної залози.

Об'єктом дослідження є процеси оброблення цитологічних та гістологічних зображень.

Предметом дослідження є методи попереднього опрацювання зображення, кількісної оцінки сегментації, а також структура та моделі згорткових нейронних мереж.

Наукова новизна отриманих результатів:

- набув подальшого розвитку метод метричної кількісної оцінки якості сегментації біомедичних зображень, для підвищення точності оцінки сегментації;
- набула подальшого розвитку модель автоматичного вибору алгоритмів сегментації біомедичних зображень, який застосовує метрики, базу знань та адаптацію алгоритмів до типу зображень для підвищення точності сегментації;
- удосконалено метод опрацювання цитологічних та гістологічних зображень, який забезпечує покращення якості зображень через застосування бази знань, алгоритмів фільтрації, правил гістограмного вирівнювання та адаптації до типу зображень.

Практична цінність отриманих результатів. В результаті виконаного наукового дослідження розроблена розроблена кіберфізична система з адаптивними алгоритмами обробки зображень та графічними інтерфейсами для різних категорій користувачів.

На основі аналізу зображень передракових і ракових станів молочної залози створено базу даних для автоматизованої системи. Результати дослідження дозволяють підвищити точність оцінювання результатів сегментації та покращити якість гістологічних і цитологічних зображень.

У даній роботі викладено вимоги до методології розробки та впровадження кіберфізичної системи діагностики раку молочної залози з використанням нейромережі. Основні вимоги включають високу точність і надійність діагностики, інтеграцію з медичними базами даних, захист персональних даних та конфіденційність, адаптивність і самонавчання нейромережі, зручний та інтуїтивно зрозумілий інтерфейс користувача, модульність і масштабованість архітектури, а також підтримку прийняття клінічних рішень. Система повинна точно визначати наявність і стадію раку, інтегруватися з існуючими медичними базами, захищати персональні дані пацієнтів, адаптуватися до нових даних, бути зручною у використанні для лікарів, мати можливість подальшого розширення і надавати рекомендації для прийняття рішень. Розробка методології вимагає співпраці між фахівцями медичних технологій, інформатики та клінічної медицини, враховуючи етичні та правові аспекти використання штучного інтелекту в медицині.

Для розв'язання поставлених задач використовуються основні положення, що базується на методах теорії алгоритмів, теорії метрик для порівняння зображень в метриках Фреше та Хаусдорфа, теорії нечіткої логіки для формування правил оброблення зображень, методах комп'ютерного зору для попереднього оброблення зображень, технологіях об'єктно-орієнтованого програмування для програмної реалізації кіберфізичної системи.

За темою кваліфікаційної роботи опубліковане одне наукове видання:

– Сіпайло А.О. Кіберфізична система діагностики раку молочної залози з використанням нейромережі. Стан, досягнення та перспективи інформаційних систем і технологій. Матеріали XXIV Всеукраїнської науково-технічної конференції молодих вчених, аспірантів та студентів. Одеса, 18-19 квітня 2024 р. Одеса: Видавництво ОНТУ. 2024. С. 470. [50].

1 АНАЛІЗ СУЧАСНИХ МОДЕЛЕЙ ДІАГНОСТИКИ ОНКОЛОГІЧНИХ ЗАХВОРЮВАНЬ

1.1 Огляд показників виникнення та летальності від раку молочної залози

Рак молочної залози стоїть на першому місці серед онкологічних захворювань серед жінок, як у розвинених, так і в менш розвинених країнах. Згідно зі статистикою на 2023 рік, це захворювання відповідає за 11,6% всіх випадків раку та призводить до 6,5% смертей у всьому світі. Прогнозується, що захворюваність на рак молочної залози зростає з 2 мільйонів у 2024 році до понад 3 мільйонів до 2046 року, що становить зростання на 46%.

Рак молочної залози є хворобою, яку неможливо позбутися, і його наслідки мають серйозний вплив на якість життя пацієнок та їхніх опікунів. Це також призводить до значних витрат для систем охорони здоров'я, як показують дані США, де щорічно витрачається понад 16 мільйонів доларів на лікування цього захворювання.

Депресія є одним із найпоширеніших психіатричних симптомів серед хворих на рак молочної залози, проте вчасна діагностика та лікування можуть покращити якість життя пацієнок та їхній прогноз.

У 2022 році було зареєстровано 9,56 мільйона смертей від раку, серед яких приблизно 611 625 жінок померли від раку молочної залози. Ця цифра, на жаль, щороку зростає. Наприклад, за оцінками, у 2021 році від раку молочної залози у всьому світі померло понад 508 000 жінок.

У 2023 році рак молочної залози став причиною 522 000 смертей і 1,68 мільйона нових випадків захворювання у всьому світі. Хоча рак молочної залози визнаний хворобою розвинених країн, майже 50% випадків захворювання на рак молочної залози і 58% смертей припадають на менш розвинені країни.

Показники захворюваності широко варіюють у різних регіонах світу, коливаючись від 19,3 на 100 000 жінок у Східній Африці до 89,7 на 100 000 жінок у Західній Європі. У більшості країн, що розвиваються, рівень захворюваності становить менше 40 на 100 000 жінок. Найнижчі показники захворюваності

спостерігаються в більшості африканських країн, але навіть там захворюваність на рак молочної залози зростає.

Показники виживання при раку молочної залози значно відрізняються у різних регіонах світу. У Північній Америці, Швеції та Японії вони перевищують 80%, тоді як у країнах з середнім рівнем доходу вони становлять близько 60%, а в країнах з низьким рівнем доходу – менше 40%. Низькі показники виживання в менш розвинених країнах переважно пов'язані з відсутністю програм раннього виявлення, що призводить до збільшення кількості жінок із запущеними стадіями захворювання, а також з браком належних засобів діагностики та лікування. Кількість смертей від раку молочної залози у 2023 році проілюстрована на рисунку 1.1.

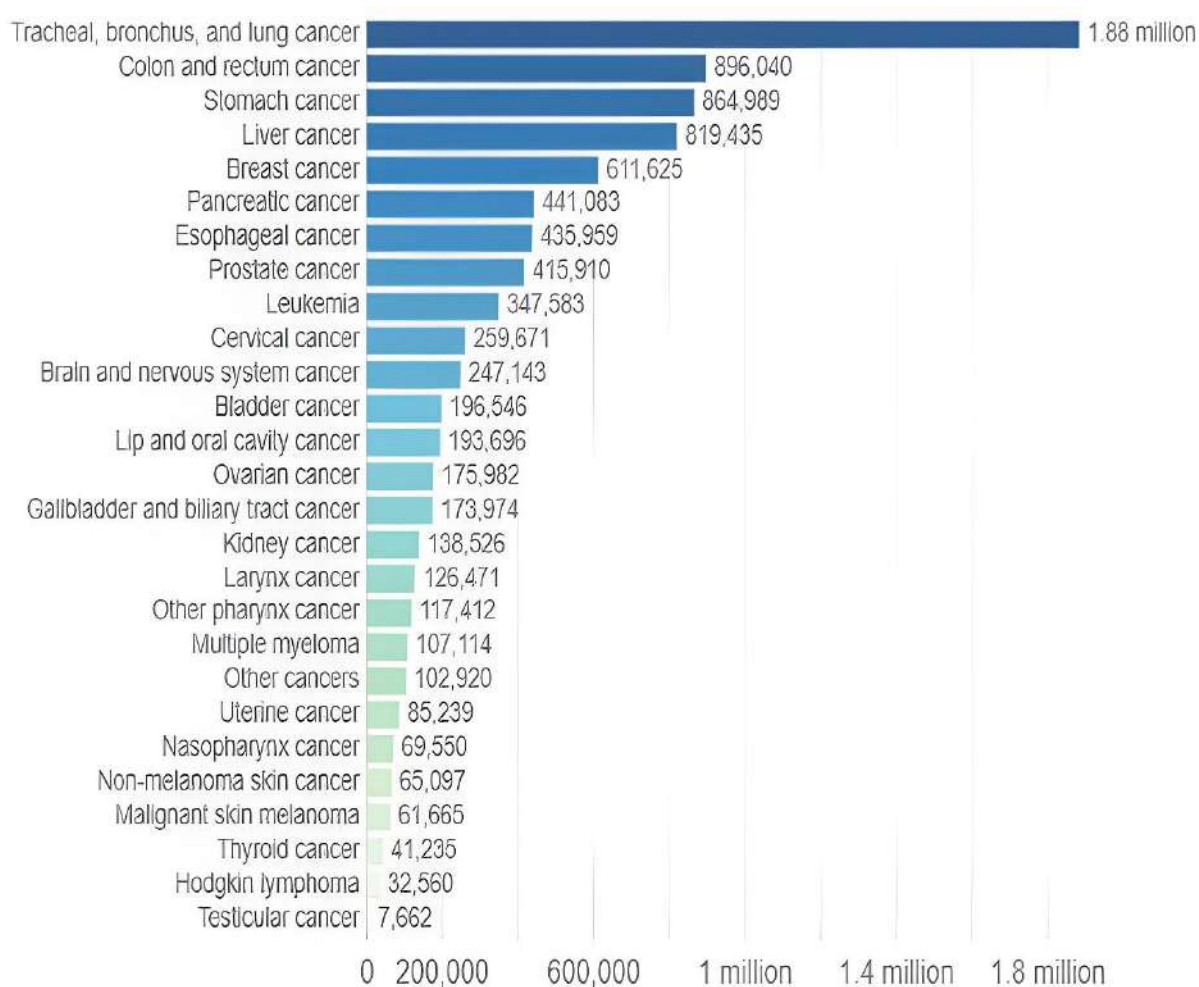


Рисунок 1.1 – Показник летальних випадків від різних ракових захворювань у 2023 р [6]

Фактори ризику раку молочної залози можуть бути різноманітними. Проте, для більшості хворих на цю хворобу, важко визначити конкретні фактори, що сприяють її розвитку. Наприклад, сімейний анамнез раку молочної залози може збільшити ризик розвитку цього захворювання вдвічі або навіть утричі. Деякі мутації, зокрема BRCA1, BRCA2 і p53, також можуть підвищити ймовірність виникнення раку молочної залози, але вони є рідкісними.

Репродуктивні фактори також впливають на ризик розвитку цього захворювання. Наприклад, раннє настання менструацій, пізня менопауза та пізній вік при першому пологу можуть збільшити цей ризик, оскільки вони пов'язані з тривалим впливом ендогенних естрогенів.

Екзогенні гормони, такі як оральні контрацептиви та гормональна замісна терапія, також можуть підвищити ризик. З іншого боку, грудне вигодовування може мати захисний ефект.

Дослідники виявили, що різні модифіковані фактори ризику, такі як вживання алкоголю, надлишкова вага, ожиріння та недостатня фізична активність, відіграють вагомую роль у загальному ризику розвитку раку молочної залози. Наприклад, відповідно до дослідження, проведеного Danaei G. та співавторами, приблизно 21% смертей від раку молочної залози у світовому масштабі пов'язані з цими факторами ризику. У країнах з високим рівнем доходу цей показник може сягати 27%.

Важливо також враховувати різницю в показниках захворюваності між розвиненими та розвиваючими країнами. Це частково пояснюється впливом дієти, віку першого пологів та тривалості періоду грудного вигодовування. Також, розповсюдження західного способу життя в країнах з низьким та середнім рівнем доходу може сприяти збільшенню кількості випадків раку молочної залози в цих регіонах.

За даними Всесвітньої організації охорони здоров'я (ВООЗ), мамографія є ефективним методом діагностики раку молочної залози. Цифрова мамографія, згідно з деякими дослідженнями, є найкращим методом візуалізації для автоматичної діагностики цієї хвороби.

1.2 Основні проблеми при обробці медичних зображень

Розуміння особливостей обробки патологічних зображень та використання обчислювальних методів для їх аналізу є важливим. У таблиці 1.1 наведено огляд досліджень, що досліджують проблеми, пов'язані з аналізом патологічних зображень та методи їх вирішення.

Таблиця 1.1 – Системний аналіз проблем та вирішення гістопатологічного аналізу медичних зображень

Проблема	Рішення	Приклади реалізації
Велика розмірність зображень	Класифікація на рівні кейса, що підсумовує класифікацію на рівні патча або на рівні об'єкта	Марковська мережа, Bag of Words of local structure, Випадковий ліс.
Недостатня кількість маркованих зображень	Навчання з частковим залученням учителя; трансферне навчання (Transfer learning)	Множинне навчання (Manifold learning), SVM, Feature extraction, точне налаштування (fine-tuning)
Різні рівні збільшення призводять до різних рівнів інформації	Багатомасштабний аналіз	CNN, dictionary learning, texture features.
Варіації кольору та артефакти	Видалення ефекту зміни кольору	Нормалізація кольору, посилення кольору (color augmentation)

Висока роздільна здатність зображення

Використання глибинного навчання для аналізу медичних зображень, таких як патологічні зразки, вимагає уваги до розміру зображень. Менші зображення,

такі як ті, які використовуються для класифікації собак або будинків, зазвичай потребують менше обчислювальних ресурсів, оскільки мають менше параметрів для оцінки. На відміну від цього, великі медичні зображення, як от зображення цілих слайдів (WSI), містять значну кількість пікселів, що може складати десятки мільярдів. Обробка таких великих зображень може бути викликом.

Щоб уникнути великої кількості параметрів для оцінки, великі медичні зображення, як правило, розбиваються на менші ділянки (або "патчі") для незалежного аналізу. Це дозволяє аналізувати кожну ділянку окремо, включаючи виявлення областей інтересу (ROI). З розвитком обчислювальних можливостей розміри цих патчів можуть збільшуватись, що сприятиме точнішому аналізу.

Проте, обробка великої кількості патчів може створити проблему помилкового класифікування, навіть якщо окремі патчі коректно класифіковані. Це може бути вирішено шляхом інтеграції результатів з різних патчів, наприклад, шляхом усереднення регіонів і класифікації їх як області інтересу, якщо вони охоплюються кількома патчами.

Для більш складних завдань, таких як стадіювання метастазів у лімфатичних вузлах або оцінка раку простати, можуть бути застосовані більш складні алгоритми, які враховують кілька областей на одному зображенні для інтеграції рішень на рівні патчів або об'єктів.

Обмежена кількість навчальних вибірок

Однією з найбільших труднощів у використанні машинного навчання для аналізу патологічних зображень є обмежена кількість навчальних даних. В інших галузях, де застосовується глибоке навчання для розпізнавання образів, доступні значні обсяги навчальних даних, що значно полегшує процес навчання моделей. Однак у цифровій патології зазвичай недостатньо маркованих даних на рівні патчів або пікселів, або мітки можуть бути доступні лише на рівні випадків, що ускладнює процес. Щоб вирішити цю проблему, деякі дослідники використовують загальнодоступні дані, такі як ImageNet або природні зображення, як додаткові навчальні дані. Також важливо встановити міжнародну співпрацю для обміну даними в галузі цифрової патології. Існують також

загальнодоступні набори даних з гістопатологічними зображеннями, які можна використовувати для навчання моделей. Проте, їх використання може бути складним через необхідність ручного маркування. Для вирішення цієї проблеми проводилися дослідження, що включають ефективне доповнення даних тегами, використання слабких міток або немаркованої інформації, а також використання моделей або параметрів, попередньо навчених на інших завданнях.

Ефективне розширення даних за допомогою міток – один зі способів підвищення гнучкості систем. Скорочення часу, який патологоанатоми витрачають на маркування зразків у цифрових слайдах, є ключовим чинником для підвищення продуктивності. Використання простих у використанні інструментів графічного інтерфейсу дозволяє патологоанатомам швидко та ефективно маркувати більше зразків за менший час.

Іншим методом, який використовується за допомогою машинного навчання, є активне навчання. Цей підхід полягає в тому, що найбільш цінні немарковані зразки автоматично вибираються та представляються для маркування патологоанатомам.

Використання слабких міток або немаркованої інформації є ще одним способом збільшення набору даних. Навіть якщо точне місцезнаходження областей інтересу на цифрових слайдах невідоме, інформацію про наявність чи відсутність таких областей можна отримати з діагнозу патології на слайдах. Ці так звані слабкі етикетки дозволяють збільшити обсяг навчальних даних і полегшують процес навчання моделей.

Напівкероване навчання (Semi-supervised learning, SSL) використовує як мітковані, так і немітковані дані для покращення навчання моделей. Ідея полягає в тому, що немітковані дані використовуються для оцінки справжнього розподілу міткованих даних.

Нарешті, повторне використання параметрів з інших задач, відоме як навчання з перенесенням (Transfer Learning, TL), може допомогти вирішити проблему обмеженої кількості навчальних даних. Замість того, щоб навчати модель з нуля, можна скористатися параметрами раніше навченої моделі, яка була

успішно використана в схожій задачі. Проблеми масштабування виникають у зв'язку з різною природою тканин та їх клітинних характеристик. На мікроскопічних зображеннях з великим збільшенням, зазвичай, фіксується інформація про форму окремих клітин, тоді як зображення з низьким збільшенням краще показують структурні особливості, такі як залозисті структури, що складаються з багатьох клітин. Оскільки ракова тканина включає як клітинні, так і структурні аномалії, для забезпечення повної інформації зазвичай потрібно отримувати зображення з різними рівнями збільшення (рис 1.2). Патологоанатоми регулюють збільшення мікроскопа, щоб отримати різноманітну інформацію від клітинного до тканинного рівня. У дослідженнях з машинного навчання деякі вчені використовують зображення з різними рівнями збільшення, щоб забезпечити адекватне врахування різних аспектів тканинної структури.

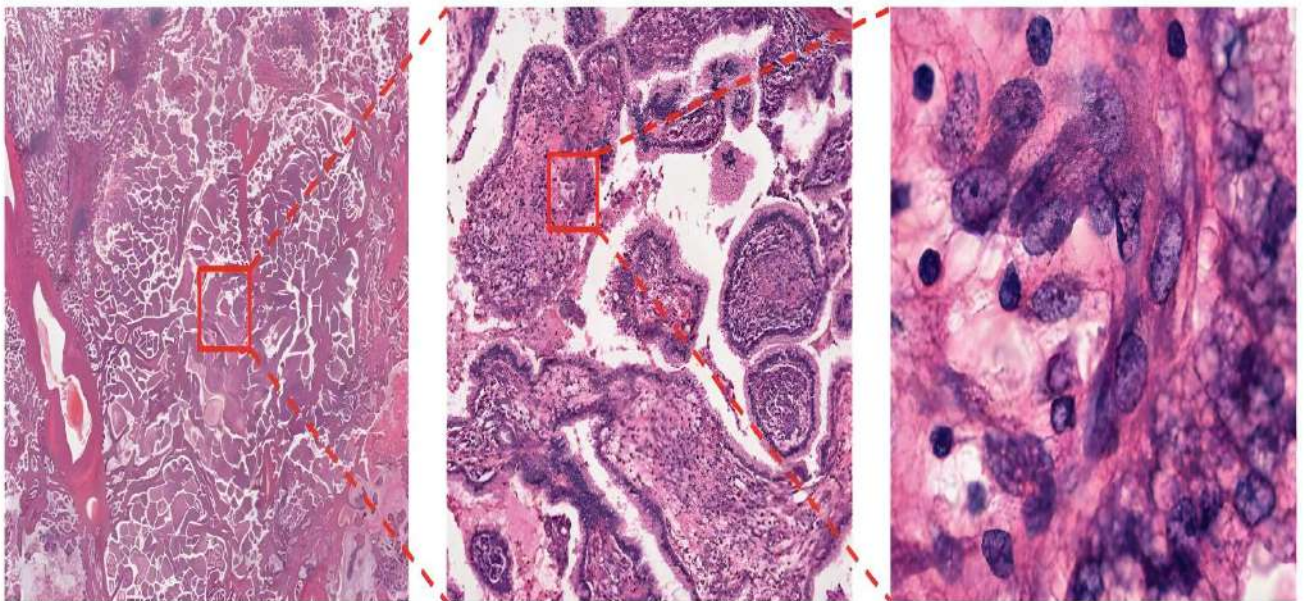


Рисунок 1.2 – Ідентичне гістопатологічне зображення з різними рівнями збільшення [11]

Варіації кольору та артефакти

Ще одним серйозним артефактом є варіація кольору, що ілюструється на рисунку 1.3. Джерелами варіацій є партія реагенту та виробника барвника, товщина зрізу тканини, умови фарбування та модель сканера. Навчання без урахування варіацій кольору може погіршити продуктивність алгоритмів

машинного навчання. Хоча включення достатньої кількості даних з кожного сканера для кожного забарвленого зразка може зменшити вплив варіації кольору на точність класифікації, це наразі видається малоймовірним.

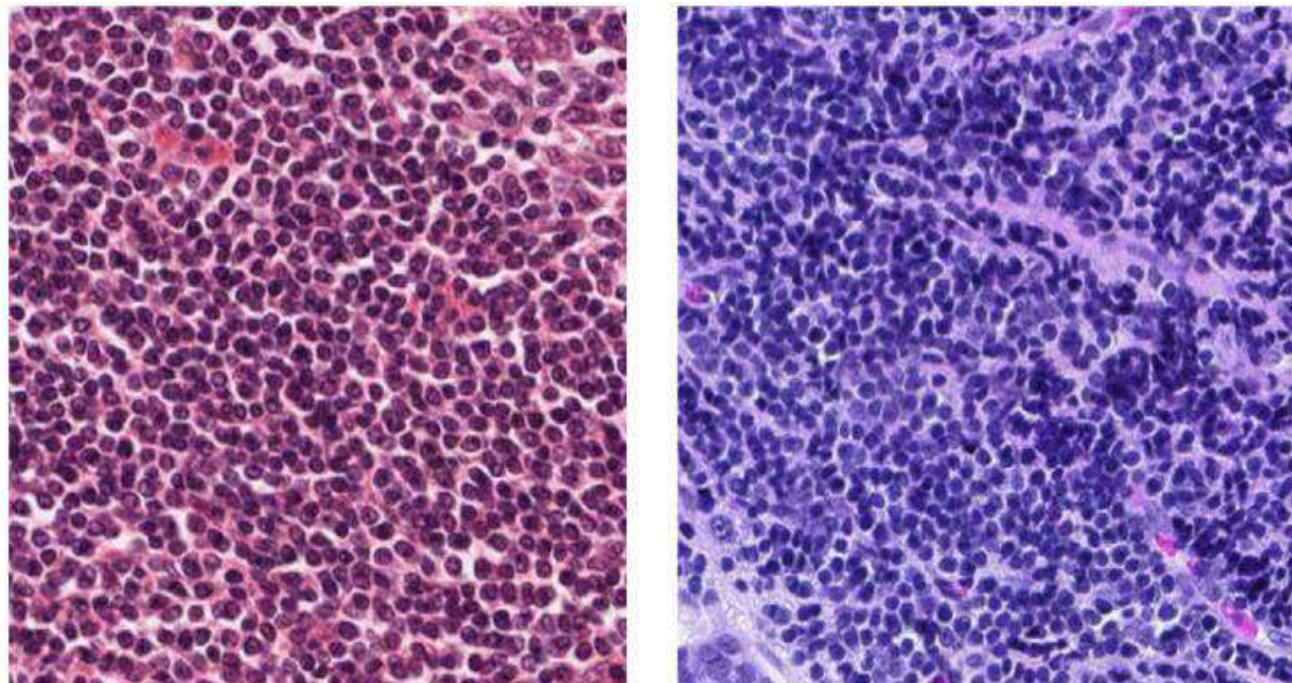


Рисунок 1.3 – Варіації кольору на зображеннях патологічних тканин [21]

Для вирішення цієї проблеми запропоновано кілька методів, включаючи перетворення градацій сірого, нормалізацію кольору та покращення кольору. Перетворення у відтінки сірого є найпростішим методом, але воно ігнорує важливу інформацію про колір зображення, яку регулярно використовують патологоанатоми. Натомість, нормалізація кольору намагається налаштувати колірні значення зображення на піксельній основі так, щоб колірний розподіл вихідного зображення відповідав колірному розподілу еталонного зображення. Однак, оскільки компоненти і співвідношення клітинного і тканинного складу цільового і еталонного зображень часто відрізняються, часто необхідна попередня обробка, наприклад, виявлення ядерних елементів за допомогою спеціальних алгоритмів корекції компонентів. Тому нормалізація кольору може бути доцільною, якщо зображення, що підлягають аналізу в задачі WSI, містять хоча б частково подібний клітинний і тканинний склад.

1.3 Дослідження існуючих рішень щодо діагностики раку молочної залози

Систематичний огляд, проведений у [21], розглядає важливість правильного вибору медичних зображень. Цифрова мамографія є найефективнішим методом скринінгу, який допомагає виявляти пухлини на ранніх стадіях. Автори порівняли різні методи, що використовувалися в період з 2011 по 2017 рік, і прийшли до висновку, що найкращі результати показав метод машини опорних векторів (SVM) [22]-[25].

До цього часу проведено лише кілька досліджень, що досліджували можливість використання згорткових нейронних мереж для розпізнавання раку молочної залози. Вони порівнювали методи машинного навчання, такі як машини опорних векторів (SVM), дерева рішень (C4.5), наївні класифікатори Байєса (NB) і k-найближчих сусідів (k-NN) для лейкозних клітин [26]. Результати показали, що SVM мав найвищу точність – 97,13%. Проте у діагностиці раку точність і достовірність слід розглядати як оціночні показники.

У роботі [27] було запропоновано модифіковану архітектуру згорткової нейронної мережі (CNN) з дев'ятьма шарами, що показала точність 69,99% для класифікації раку і 81,44% для виявлення некрозу. Автори у [28] дослідили фактори, такі як істинно позитивні, хибнопозитивні результати, точність і чутливість класифікації за допомогою гібридного прогнозування рецидиву раку молочної залози (HPBCR). Чутливість, точність та еквівалентність дерева рішень моделі склали 77%, 95%, 67%, 78%, 75% та 77% відповідно.

У [29] автори пропонують наскрізний підхід для локальної класифікації зображень, де моделі попередньо навчаються з використанням повністю анотованого набору даних ROI. Експериментальні результати показали, що ResNet 50 був точнішим (97%), ніж VGG (84%). Наскрізний підхід – це тип процесу глибокого навчання, де всі параметри навчаються разом, а не поетапно. Проте в [29] використовувалася проста валідація, яка може бути менш ефективною, ніж k-кратна перехресна перевірка.

У роботі [32] для вилучення інформативних ознак використовувалися методи аналізу головних компонент (PCA). Оскільки багато потенційно важливих ознак не враховуються в роботі, заснованій на PCA, автори пропонують збільшити кількість ознак шляхом випадкового додавання таких ознак, що були витягнуті зі згорткової мережі.

У роботі [33] був запропонований метод глибокого навчання для виявлення мітозів у молочній залозі. У цій моделі до згорткової мережі був доданий шар краудсорсингу, і показник F1 склав 61,33%.

В роботі [34] розроблено метод глибокого навчання для виявлення раку молочної залози, який показав точність 87,3%. Також проведено порівняльний аналіз з SVM, де точність була на 1,5% нижчою, ніж у розробленого методу. Навчальний набір включав 1000 мамографічних знімків, а тестовий - 204 знімки.

Таблиця 1.2 – Порівняльний аналіз сучасних методів діагностики раку молочної залози

Моделі	Кількість навчальної вибірки	AUC
GoogLeNet	2250	0,85
AlexNet	2250	0,84
VGG-Net 16	2250	0,82
ViDi Red	286	0,81
4Convolutional ANN and 1 fully connected layer	840	0,70
Convolutional Sparse Autoencoder	2244	0,61

У роботі [35] для завдання виявлення раку молочної залози використано глибоку нейронну мережу, яка показала точність 85%. Також проведено порівняння зі звичайними штучними нейронними мережами (ШНМ), які показали точність 79%. Автори провели порівняльний аналіз методів, використаних у

задачі діагностики раку молочної залози, який представлено у таблиці 1.2. Багато досліджень присвячено виявленню раку молочної залози за допомогою ШНМ, проте більшість з них зосереджені на точності своїх результатів. Тим не менш, виявлення раку молочної залози - це не лише питання точності, але й важливість розуміння того, як часто модель помиляється у класифікації раку.

У [36] було запропоновано модифіковану згорткову мережу, яка використовує набір даних BreakHist (7909 мамографічних знімків) для навчання. Оскільки цей набір даних мав незбалансовану природу, автори збільшили його обсяг. Також вони провели експерименти з аналізом гіперпараметра швидкості навчання (LR) і встановили його оптимальне значення на рівні 0,001. У своїх експериментах автори показали, що запропонована модель досягає високої точності як на навчальних, так і на валідаційних даних після 5000 навчальних ітерацій.

У роботі [10] було запропоновано сучасну згорткову нейронну мережу (DenseNet) для виявлення раку молочної залози на гістологічних знімках з точністю 85,6%. У цьому дослідженні середня помилкова класифікація раку становила 14,4%. У порівнянні з моделями CNN, такими як VGG-16, VGG19, Xception, Resnet і Inception, які досягли 80% точності в багатокласовій класифікації, запропонована модель [14] показала середню точність 83,97% для двох класів (доброякісних і злоякісних). Ця модель є комбінацією Conception і Network і використовує набір даних BreakHist, що містить 7909 мамографічних знімків з чотирма збільшеннями (40-кратне, 100-кратне, 200-кратне і 400-кратне збільшення). Робота [15] стверджує, що модель може бути навчена більш ефективно та точно за допомогою архітектури DenseNet, де кожен шар повністю пов'язаний з попереднім, а зв'язки між цими шарами біля входів і виходів є короткими.

У статті [16] представлена мережа DenseNet з часом навчання 11 годин. Автори вперше використали ваги Imagenet і внесли модифікації до моделі для навчання DenseNet. У цій моделі всі згорнуті шари заморожені, і навчання відбувається лише на повністю з'єднаних шарах. Для досягнення

багатомасштабного вилучення ознак використовується Atlas DenseNe, який інтегрує атомарні згорткові блоки в щільні блоки. Порівнявши два набори даних, ВАСН і ССГ, автори з'ясували, що середня точність запропонованої моделі для двох класів (рак/нерак) становила 82,50% і 87,05% відповідно.

У дослідженні [18] пропонується нова модель згорткової нейронної мережі, для якої використовується 400 зображень, збільшених у 40 разів, для навчання, і 200 зображень для тестування. Три різні архітектури ConvNet були також оцінені: тришарова, чотиришарова та більш глибока 6-шарова. В результаті дослідження виявлено, що глибока архітектура (6-шарова архітектура ConvNet) показує кращі результати з точністю на 1,06% вище, ніж 4-шарова архітектура.

Автори [19] пропонують напівкероване навчання (SSL) за допомогою згорткових нейронних мереж. Точність розробленої моделі складає 82,43%, а площа під ROC-кривою, отримана в цьому дослідженні, - 88,18%. У дослідженні було використано 1874 пари мамографічних зображень, а також розроблено три рівня вагових даних з використанням експоненціальної, гауссівської та лапласівської функцій.

У роботі [20] використовується метод аналізу головних компонент (PCA) для гібридної нечіткої мережі CNN з метою зменшення кількості вилучених інформаційних ознак. Також автори пропонують модель з використанням ШНМ VGG 16 для вилучення інформаційних ознак та ШНМ NEFCClass для класифікації.

У дослідженні [39] набір даних ImageNet використовується для навчання згорткової нейронної мережі (CNN). Під час експерименту автори виділяють області розміром 32x32 та 64x64 для навчання ШНМ. Результати показали, що точність ШНМ зменшується зі збільшенням масштабування.

У [40] пропонується модифікація мережі для нормалізації мамографічних скринінгових зображень за допомогою методу, запропонованого в [41]. Для вилучення інформаційних ознак та класифікації використовується згорткова нейронна мережа (ШНМ) та метод опорних векторів (SVM) відповідно.

У [38] експериментальні результати показали, що точність моделі становила 85% при класифікації на чотири класи і 93% - на два класи. Для цих

експериментів використовувався набір даних Breast Cancer Histology Challenge (BACH) розміром 2048 x 1536 пікселів для кожного скану.

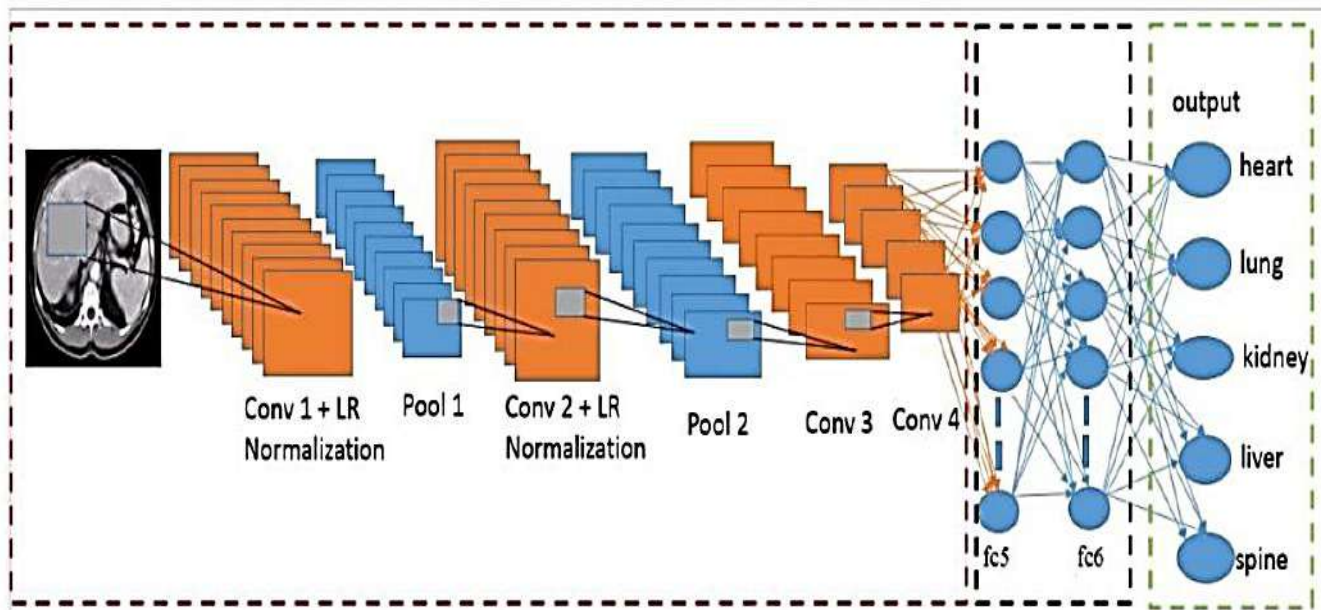


Рисунок 1.4 – Архітектура згорткової мережі [48]

У роботі [48] був проведений експериментальний аналіз, в якому порівнювалися існуючі згорткові мережі LeNet, AlexNet і GoogleNet з запропонованою модифікованою згортковою мережею. Результати дослідження показали, що запропонована архітектура згорткової нейронної мережі [48] перевершує три інші мережі в класифікації медичних зображень. Точність запропонованої моделі становить 81%, що вище, ніж у згорткових мереж LeNet, AlexNet і GoogleNet. Архітектура запропонованої моделі (рис. 1.4) складається з чотирьох згорткових шарів, двох об'єднаних шарів і двох повнозв'язних шарів. Для навчання моделі використовувалася вибірка з 37198 МРТ-зображень, а для тестування - 500 МРТ-зображень.

У [49] запропоновано модель, що використовує згорткову мережу Xception для вилучення інформаційних ознак та мережу довготривалої короткочасної пам'яті (LSTM) для класифікації. Автори також порівнюють різні класифікатори і експериментально показують, що найкращі результати досягаються при використанні LSTM з точністю 90,97%.

1.4 Постановка задачі

Кваліфікаційна робота має за мету розробку та вдосконалення методів і алгоритмів для оброблення, класифікації, сегментації та оцінки біомедичних зображень з високою точністю. Основними завданнями, щоб досягти цієї мети, визначимо наступні:

1. Аналіз існуючих методів, алгоритмів та інструментів оброблення біомедичних зображень. Включаючи огляд та оцінку наявних підходів для обробки зображень у медичній сфері.

2. Розробка моделі автоматичного вибору алгоритмів сегментації та їх параметрів, що передбачає створення системи, яка здатна самостійно вибирати найбільш підходящі алгоритми для сегментації біомедичних зображень залежно від їхнього типу та характеристик.

3. Розширення структури згорткової нейронної мережі для класифікації цитологічних та гістологічних зображень. Включаючи модифікацію архітектури нейронної мережі для більш ефективного виявлення та класифікації різних типів біомедичних зображень.

4. Створення бази даних гістологічних і цитологічних зображень передракових і ракових станів молочної залози, що передбачає зібрання, структурування та поповнення бази даних зображень для подальшого використання у дослідженні та навчанні моделей.

Для досягнення цих завдань необхідно провести детальний аналіз літератури та наявних даних, розробити алгоритми та моделі, використовуючи сучасні методи машинного навчання та оброблення зображень, а також створити ефективну базу даних для досліджень у медичній сфері.

1.5 Висновки

У даному розділі:

- Проаналізовано основні методи виявлення раку молочної залози.

– Проведено аналіз поширення раку молочної залози, що підтверджує його високий ризик смерті. Однак рання діагностика може допомогти зменшити летальність.

– Розглянуто процес виявлення раку молочної залози, включаючи огляд існуючих систем. Найпоширенішими методами діагностики є метод опорних векторів і методи на основі штучних нейронних мереж, проте багато з них базуються на точності моделі, у той час як чутливість також є важливим фактором.

– Розглянуто навчання згорткових мереж для діагностики раку на медичних зображеннях, зокрема потребу у нормалізації вхідних даних та можливість розширення навчального набору за допомогою аугментації.

2 ДОСЛІДЖЕННЯ МЕТОДІВ, АЛГОРИТМІВ ТА ПРОГРАМНИХ ЗАСОБІВ ДЛЯ ОПРАЦЮВАННЯ МЕДИЧНИХ ЗОБРАЖЕНЬ

2.1 Аналіз біомедичних зображень

Сучасні методи медичної діагностики активно використовують візуалізацію внутрішніх структур біомедичних об'єктів.

Медична візуалізація (медична інтроскопія) - це метод і техніка отримання візуальних зображень внутрішніх органів для проведення клінічного аналізу та медичних втручань [1].

У наукових дослідженнях медична візуалізація входить до складу біомедичної інженерії, медичної фізики або медицини, залежно від контексту, такого як отримання зображень (наприклад, рентгенографія), біомедична інженерія, медична фізика та інформатика.

Зображення служить для візуального подання інформації і є однією з найбільш ефективних форм представлення діагностичної інформації про органи людини [1].

Медичне зображення представляє собою структурно-функціональний образ органів людини, що використовується для діагностики захворювань та вивчення анатомофізіологічних характеристик організму [2].

Біомедичне зображення - це структурно-функціональний образ органів людини і тварин, що використовується для діагностики захворювань та дослідження анатомофізіологічної структури організму [3].

Медичні зображення не завжди надають достатньої інформації для однозначної ідентифікації захворювань. Поділ медичних зображень може бути умовним [2,4]. За основними критеріями класифікації біомедичних зображень виділяються: метод отримання, тип та розмір зображення.

Класифікацію біомедичних зображень представлено в таблиці 2.1.

Рентгенографічні зображення — це двовимірні зображення в градаціях сірого, які відносяться до цифрової радіології (рисунок 2.1 (а)). Цей метод візуалізації використовує широкий спектр рентгенівського випромінювання для

створення зображення. Рентгеноскопія показує внутрішні структури організму, аналогічно радіографії, але з рентгенівськими променями нижчої дози [5]. Дослідження методів та моделей цифрової корекції і покращення якості растрових зображень у рентгенографії описано в роботах [6, 7].

Таблиця 2.1 – Класифікація біомедичних зображень

Критерій класифікації		
За способом отримання зображення	За типом зображення	За розмірністю
<ul style="list-style-type: none"> – Цифрова радіологія – Комп'ютерна томографія – Ядерний магнітний резонанс – Ультразвук – Мікроскопія 	<p>RGB зображення (мікроскопія, еластографія, термографія)</p> <p>Зображення в градаціях сірого (рентгенографія, томографія)</p> <p>Чорно –біле (ультразвукове дослідження)</p>	<p>2D (всі зображення незалежно від способу отримання)</p> <p>3D (послідовність радіологічних зображень, томографічне зображення динамічного об'єкта;)</p>

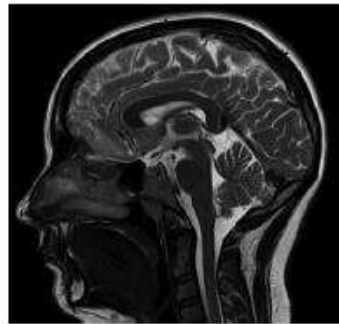
Магнітно-резонансна томографія дає 2D або 3D зображення в градаціях сірого (МРТ зображення). 2D МРТ зображення (рисунок 2.1 (б)) формуються швидше, ніж 3D. Вони також ефективніше для вивчення довгих судин. 3D МРТ зображення мають високу просторову роздільну здатність порівняно з 2D і показують об'єкт у тривимірному просторі [8].

Позитронно-емісійна томографія (ПЕТ) (рисунок 2.1 (в)) – це метод, що використовує радіофармпрепарати з міченими ізотопами, які випромінюють позитрони. Ультразвукове дослідження дає 2D або 3D зображення. 2D зображення (рисунок 2.1 (г)) є двовимірним чорно-білим зображенням. 3D

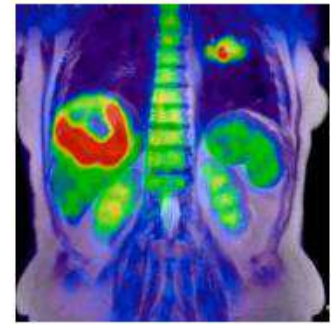
зображення представляє собою об'ємне RGB зображення. Ультразвукова діагностика використовує високочастотні звукові хвилі для формування зображення.



а) Рентгенографічне зображення



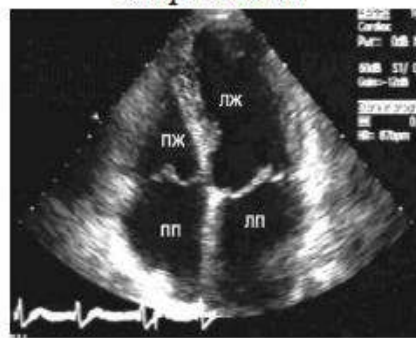
б) МРТ зображення



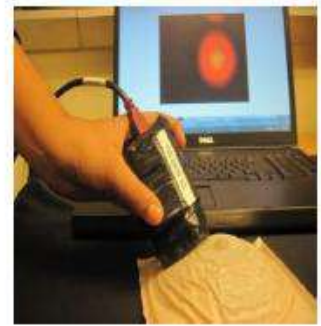
в) ПЕТ зображення



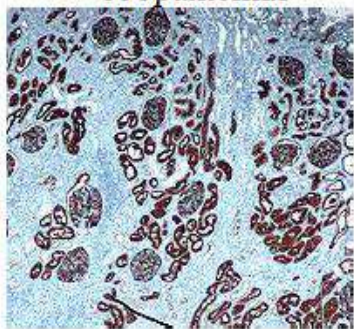
г) УЗД зображення



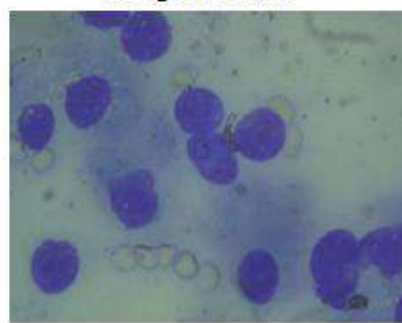
д) ехокардіографічне зображення



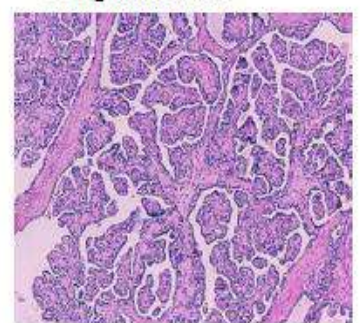
е) ТВ зображення



є) імуногістохімічне зображення



ж) цитологічне зображення



з) гістологічне зображення

Рисунок 2.1 – Приклади медичних зображень [8]

Ехокардіографія – це метод ультразвукової діагностики для вивчення структур клапанного апарату серця. Результатом є чорно-біле зображення (рисунок 2.1 (г)). Цей метод базується на властивості ультразвуку відбиватися від

різних акустичних середовищ [9]. Ехокардіографія дозволяє оцінити стан м'яких тканин, визначити товщину стінок серця, стан клапанного апарату та обсяг порожнин серця. Тактильна візуалізація (ТВ) (рисунок 2.1 (е)) — це метод візуалізації, що перетворює дотик на цифрове зображення.

Імуногістохімія (ІГХ) – це аналітичний метод для визначення протеїнів у клітинах на основі реакції антиген-антитіло. Результатом імуногістохімічного дослідження є двовимірне RGB зображення (рисунок 2.1 (є)). ІГХ може проводитися на свіжезаморожених зразках або, частіше, на фіксованих та вбудованих в парафін тканинах [10].

Гістологічні та цитологічні зображення — це RGB зображення, отримані після мікроскопічного дослідження. Гістологія — це ключовий компонент діагностичної медицини і інструмент для вивчення патогенезу та біології процесів, таких як рак. Для гістологічного дослідження можуть використовуватися зразки різних тканин, таких як шкіра, слизові оболонки, м'язи (рисунок 2.1(з)) [11].

Цитологічні зображення показують клітини поза межами тканини (рисунок 2.1 (ж)). Цитологічний метод дозволяє виявляти різні патології в розвитку клітин, використовуючи той же морфологічний принцип, що і при гістологічному аналізі матеріалу біопсії.

2.2 Методи та алгоритми обробки зображень

Обробка зображень – це процес обробки інформації, при якому вхідні дані представлені у вигляді зображень. Основні завдання обробки зображень включають розпізнавання об'єктів, виокремлення їх характеристик, визначення форми та виявлення переміщення об'єктів [12].

Комп'ютерний зір – це наука та технологія, що зосереджена на створенні машин, які можуть відповідати за виявлення, відстеження та класифікацію об'єктів [13]. У дослідженні [14] автори провели аналіз сучасних технологічних засобів обробки зображень. Основні технології обробки зображень включають:

попередню обробку, сегментацію, аналіз контурів та текстур, а також класифікацію та розпізнавання зображень [15].

Ці етапи обробки зображень можна розділити на три рівні: нижній, середній і високий. Класифікацію рівнів комп'ютерного зору можна побачити на рисунку 2.2.

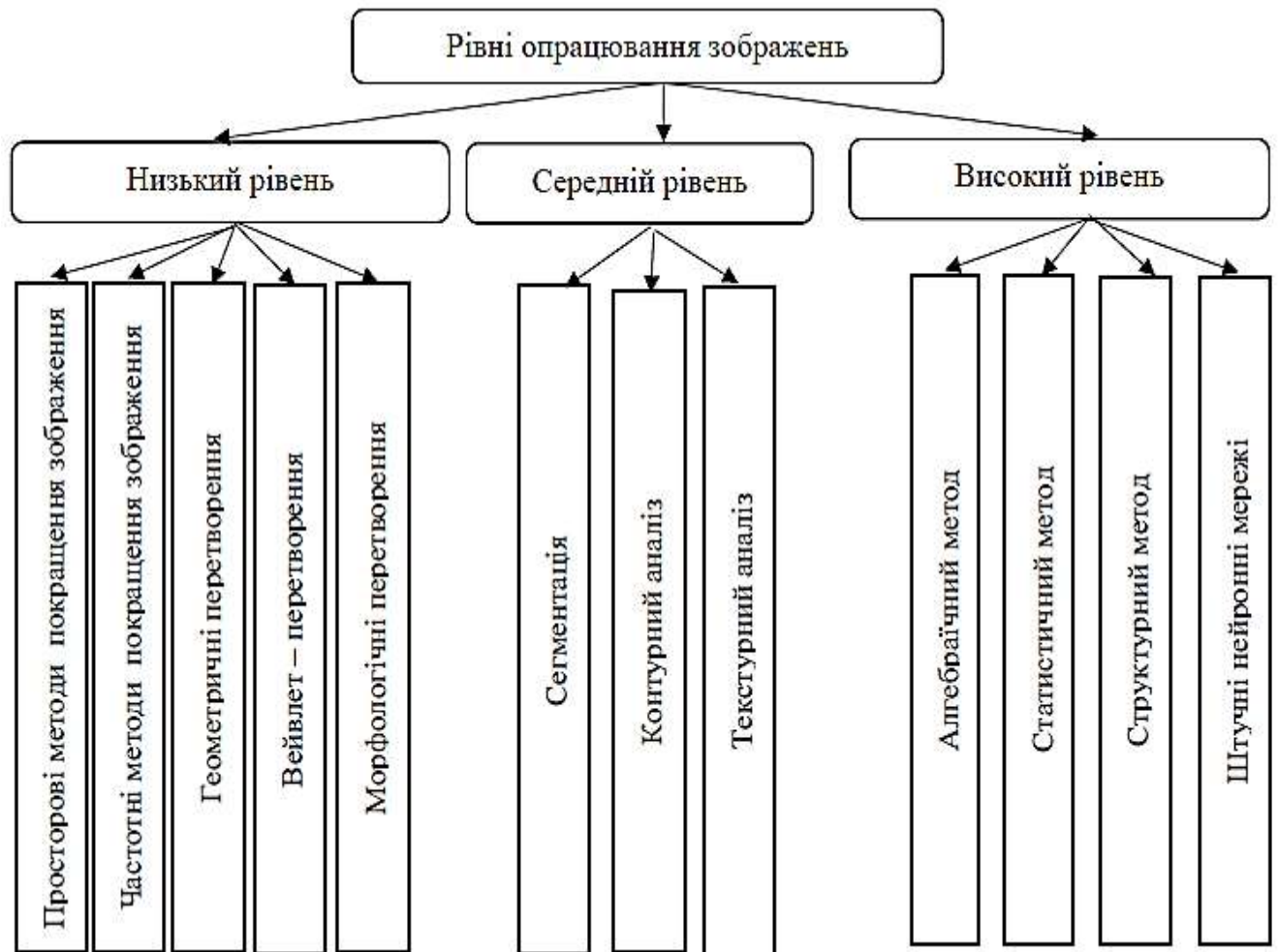


Рисунок 2.2 – Рівні опрацювання зображень [9]

Медицина є ключовою галуззю для застосування комп'ютерного зору. За останні 15 років активно вивчаються завдання опрацювання та класифікації медичних зображень [16]. Наприклад, біомедичні зображення можуть надавати інформацію про виявлення пухлин, атеросклерозу та інших злоякісних процесів узагальнено застосування методів цифрової обробки зображень для гістологічного дослідження раку молочної залози.

У роботах [19, 20] проаналізовано сучасні алгоритми та визначено низку нових наукових проблем у галузі автоматизованої мікроскопії.

Попереднє оброблення зображень

Ключовим етапом в опрацюванні зображень є їх попереднє оброблення, оскільки це безпосередньо впливає на якість зображення та точність результатів на рівнях комп'ютерного зору середнього та високого рівнів.

Зображення можуть бути засмічені різноманітними шумами, які негативно впливають на подальші етапи оброблення. В основному виділяють два типи шумів: адитивний гаусівський та імпульсний [21]. Імпульсний шум часто може бути розпізнаний як частина вивченого об'єкта. В більшості випадків шум формується під час передачі зображення через канали зв'язку [22].

Класифікацію методів фільтрації зображень представлено на рисунку 2.3.

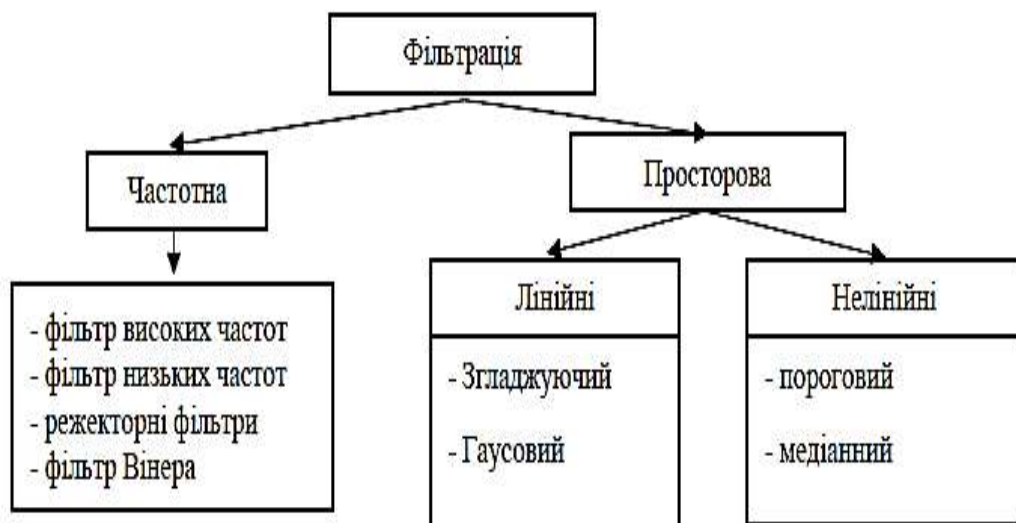


Рисунок 2.3 – Класифікація цифрових фільтрів [22]

Фільтрація зображень використовується для зниження рівня гаусівського та імпульсного шумів. У роботі [23] представлені методи попередньої обробки зображень, які спрямовані на зниження шуму. У роботі [24] розроблено оптимізований обчислювальний метод на основі градієнтного фільтру. Цей метод дозволяє ефективно виділяти контури об'єктів та зменшувати неважливу інформацію, яка формується на фоні та текстурі.

Частотні фільтри спрямовані на підгонку однієї частотної смуги. Вони включають в себе високочастотні (ФВЧ) та низькочастотні (ФНЧ) фільтри. Фільтр, який пригнічує низькі частоти та пропускає високі, називається високочастотним. Фільтр, що пригнічує високі частоти та пропускає низькі, відомий як низькочастотний [25, 26]. У роботах [27, 28] досліджено алгоритми просторової фільтрації. Алгоритм медіанної фільтрації проявляє відмінні шумогасіння властивості, але його обчислювальна складність висока. У роботі [26] було запропоновано вдосконалений алгоритм медіанної фільтрації, який автоматично адаптує розмір вікна в залежності від рівня шуму. Це знижує обчислювальну складність до $O(N)$ і покращує ефективність шумогасіння.

Коригування яскравості застосовується для виділення окремих мікрооб'єктів [30]. Моделі обробки зображень, які враховують освітлення, розглянуті в роботі Воробля Р.А. [31].

Існуючі методи автоматичного покращення зображень базуються на операціях з гистограмою зображення [32]. Методи, які модифікують закони розподілу, відомі як гистограмні методи [33]. Серед сучасних методів покращення зображень виділяють:

- Гістограмне вирівнювання (HE).
- Контрастно-адаптивне вирівнювання гистограми (CLAHE).
- Multi Scale Retinex (MSR).

У статті [32] представлено алгоритм покращення якості зображень у різних колірних просторах на основі методу CLAHE. Для оцінки цього алгоритму використовуються такі метрики, як середнє значення, контраст, ентропія та колірна метрика. Алгоритм MSR зменшує динамічний діапазон вхідного зображення, зберігаючи локальний контраст [34].

Використання вейвлет-перетворень в обробці зображень розглянуто в роботі Наконечного А.Ю. та Федака В.В. [35].

Сегментація – це процес поділу цифрового зображення на окремі сегменти. Основною метою сегментації є спрощення та модифікація представлення зображення та полегшення аналізу [13].

У роботах [36-39] досліджено та проаналізовано різні методи класифікації алгоритмів сегментації; Машталір В.П. [40] описує, як сегментувати зображення великих наборів даних, використовуючи поняття щільності інформації. У роботах [41-43] проаналізовано основні методи сегментації об'єктів на цифрових зображеннях та оцінено їх ефективність для сегментації об'єктів неправильної форми. Графічне представлення методів сегментації наведено на рисунку 2.4.



Рисунок 2.4 – Методи сегментації зображень [41]

Одним з найпоширеніших методів кластеризації є метод k-середніх. Основною перевагою цього методу є його висока швидкість обробки. Основною метою цього методу є мінімізація середньоквадратичного відхилення точок кластера від центру. Основною перевагою сегментації методом гистограми є те, що пікселі можуть бути пройдені тільки один раз. У цьому методі гистограма розраховується для кожного пікселя зображення, а її мінімальні та максимальні значення використовуються для ідентифікації кластерів на зображенні. Аналіз алгоритмів сегментації на основі гистограм представлено в [4].

Методи виявлення країв використовують різницю яскравості на межах областей для виділення окремих сегментів. Однак недоліком цього методу є те, що деякі регіони на зображенні не мають чітких меж, а отже, об'єкти не можуть бути повністю розділені.

Автори Sujatha P. [47] проаналізували результати алгоритмів виявлення країв, таких як Sobel, Prewitt і Roberts; алгоритм Prewitt широко використовується для виділення горизонтальних і вертикальних країв і дає кращі результати, ніж інтенсивність. Алгоритм Собела базується на згортванні зображення за допомогою невеликих цілочисельних фільтрів, що розділяються, в горизонтальному та вертикальному напрямках.

При графовій сегментації пікселі асоціюються з вершинами, а ваги ребер визначаються схожістю (несхожістю) сусідніх пікселів. Faliu Yi [9] розробив алгоритм графової сегментації на основі графів швидкостей, інтерактивних графів та областей попереднього виділення.

Метод водозбору ґрунтується на розмежуванні територій за допомогою математичного морфологічного алгоритму. Водозбір - це хребет, який розділяє річкову систему. Однак недоліком традиційних методів водозбору є надмірна сегментація зображення і, як наслідок, спотворення результатів. Використання маркерів може ефективно вирішити цю проблему: Schüffler описує метод сегментації клітин на основі водозборів з використанням нуклеолярних маркерів і декількох мембранних маркерів, які автоматично вибираються на основі кореляції.

Для побудови регіонів часто використовують енергетичні функції, байєсівські функції, вейвлети, фрактальні функції та методи нейронних мереж. Генерацію областей можна виконати різними способами. Найпростішим є метод потоку. Інші методи базуються на моделях, таких як активне контурне моделювання або зміїні моделі.

Зміїні алгоритми широко використовуються в обробці та сегментації медичних зображень. Однак їхній основний недолік полягає в тому, що внутрішня енергія призводить до того, що модель перерозтягується і стає пласкою.

Контурний аналіз використовується для ідентифікації, зберігання, порівняння та пошуку об'єктів, представлених зовнішніми контурами. У системах комп'ютерного зору найпоширенішими методами контурного кодування є код Фрімена, 2D-кодування та полігональне кодування. Методи аналізу контурів

включають методи активного контуру, методи активного контуру без виділення передньої межі та детектори Кенні [54]. Текстульні методи використовують дифузійні властивості об'єкта, що аналізується. Більшість алгоритмів сегментації на основі однієї енергетичної функції мають такі недоліки, як повільна збіжність і складне налаштування параметрів [6], де було розроблено комбінацію методів машинного навчання та моделей активного контуру на основі регіонів; автори в [7] розробили метод опорних векторів і метод нечітких C-середніх. У [5] запропоновано метод сегментації кольорових зображень на основі пікселів з використанням k-найближчого сусіда (kNN), класифікатора випадкових лісів (RanForest) і методів опорних векторів для класифікації зображень, який враховує текстульні ознаки в медичних зображеннях.

Статистичний текстульний аналіз базується на обчисленні матриць суміжності, які враховують яскравість та взаємне розташування об'єктів. Ці матриці використовуються для обчислення таких характеристик текстури, як кутовий момент, кореляція, контраст і ентропія.

Структурні методи аналізу простору зображення ґрунтуються на тому, що текстури складаються з регулярно або майже регулярно повторюваних груп окремих елементів (мікротекстур), розташованих за певними правилами та ієрархічно зібраних у просторово впорядковані структури (макротекстури).

Методи та техніки обробки високого рівня зображень

Глибинне навчання демонструє високу ефективність у завданнях комп'ютерного зору, включаючи класифікацію зображень, виявлення об'єктів та семантичну сегментацію.

Алгебраїчний підхід базується на ідеї індуктивного створення математичних об'єктів через загальні індуктивні правила. Цей підхід використовує базові алгоритми та моделі розпізнавання, де застосовуються операції для створення нових алгоритмів. Це підходить для задач розпізнавання і прогнозування, де можна створити алгоритм, що при певних умовах вирішує конкретну задачу. Логічний підхід базується на булевій алгебрі та її логічних операторах, зокрема, операторі IF (якщо). Вихідні дані зберігаються в базі даних у

формі аксіом, а правила логічного висновку виражаються як відношення між ними. Дерева рішень та нечітка логіка є прикладами практичної реалізації логічних методів. Структурний підхід використовується для задач розпізнавання образів, де важлива інформація про структуру об'єкта. Цей підхід застосовує алгоритми зіставлення графів, а Байєсівський класифікатор є ключовим для структурного підходу в класифікації зображень.

Статистичні методи розпізнавання образів використовують представлення класу об'єктів як ансамблю реалізацій випадкової величини. Ці методи базуються на статистичних моделях класу об'єктів, і з їх допомогою можна розробити алгоритм розпізнавання.

Штучні нейронні мережі (ШНМ) - це математичні моделі, які базуються на принципах біологічних нейронних мереж. ШНМ отримують навчальні дані, а алгоритм навчання аналізує структуру даних і встановлює залежність між входом і виходом [67]. Основні методи навчання включають навчання з вчителем, навчання з підкріпленням та навчання без вчителя.

Ткаченко Р.О. та Цмоць І.Г. в своїх роботах аналізують інтелектуальні компоненти інтегрованих автоматизованих систем управління та представляють нейроподібні методи обробки сигналів і зображень. У роботі [7] запропоновано нейро-фаззі систему для розв'язання задач нечіткого кластерування даних.

Згорткові нейронні мережі (ЗНМ) використовуються для виділення основних ознак зображень та їх розпізнавання. У статті [12] обговорюється використання ШНМ для великомасштабного розпізнавання зображень, а в статтях [13-14] обговорюються принципи застосування ШНМ у медицині.

У статті [10] запропоновано метод паралельного навчання нейронних мереж з використанням CUDA. Графічні процесори, які є важливими для практичної реалізації алгоритмів, що потребують великих обчислень.

В роботі [8] проаналізовано застосування паралельних обчислень в медицині на основі технології CUDA. В роботах [11, 15] представлені методи побудови високопродуктивних паралельних ієрархічних обчислювальних систем. В роботі Ярового А.А. та Тимченко Л.Д. представлено метод

розпаралелювання процесів обробки зображень. Основна увага приділяється розпаралелюванню.

Машина опорних векторів (SVM) - це набір алгоритмів керованого навчання для класифікації та регресійного аналізу; особливістю SVM є безперервне зменшення помилки класифікації. Використання SVM для класифікації медичних зображень було досліджено в роботах [17-19].

Алгоритм AdaBoost – це метод покращення класифікатора шляхом об'єднання його в комітети; AdaBoost є адаптивним і кожен комітет нового класифікатора будується на об'єктах, неправильно класифікованих попередніми комітетами.

Байєсівський класифікатор використовує теорему Байєса для визначення ймовірності належності об'єкта до одного з класів. Якщо клас об'єкта відомий, класифікатор показує ймовірність того, що він належить до цього класу. В іншому випадку класифікатор показує вектор ймовірностей належності до різних класів.

2.3 Методи оцінки точності сегментації

Вибір відповідного алгоритму сегментації для обробки конкретного типу зображень є часом затратним і складним. Для оцінки ефективності сегментації виділяються два основних підходи: об'єктивний і суб'єктивний. Головний недолік суб'єктивних методів полягає в тому, що оцінку проводить людина. Класифікація критеріїв для оцінки точності сегментації представлена на рисунку 2.5.

Об'єктивні методи оцінки сегментації використовують числові показники замість візуальної оцінки. Згідно з Zhang та Mattana, точність виокремлення окремих об'єктів може бути показником якості сегментації. Lee, Chung та Park представили міру ймовірності помилки сегментації, засновану на кількості неправильно класифікованих пікселів під час оцінки методів порогового розпізнавання. Критерій помилки відстані між пікселями (PDE) вимірює відстань між пікселями на вихідному та сегментованому зображеннях. [18] запропонували критерій FOM для визначення відстані між сегментованим пікселем та його

"правильним" положенням. Алгоритм порівняння результатів сегментації за допомогою метрик базується на добре відомих метриках Фрешета та Хасдорфа.

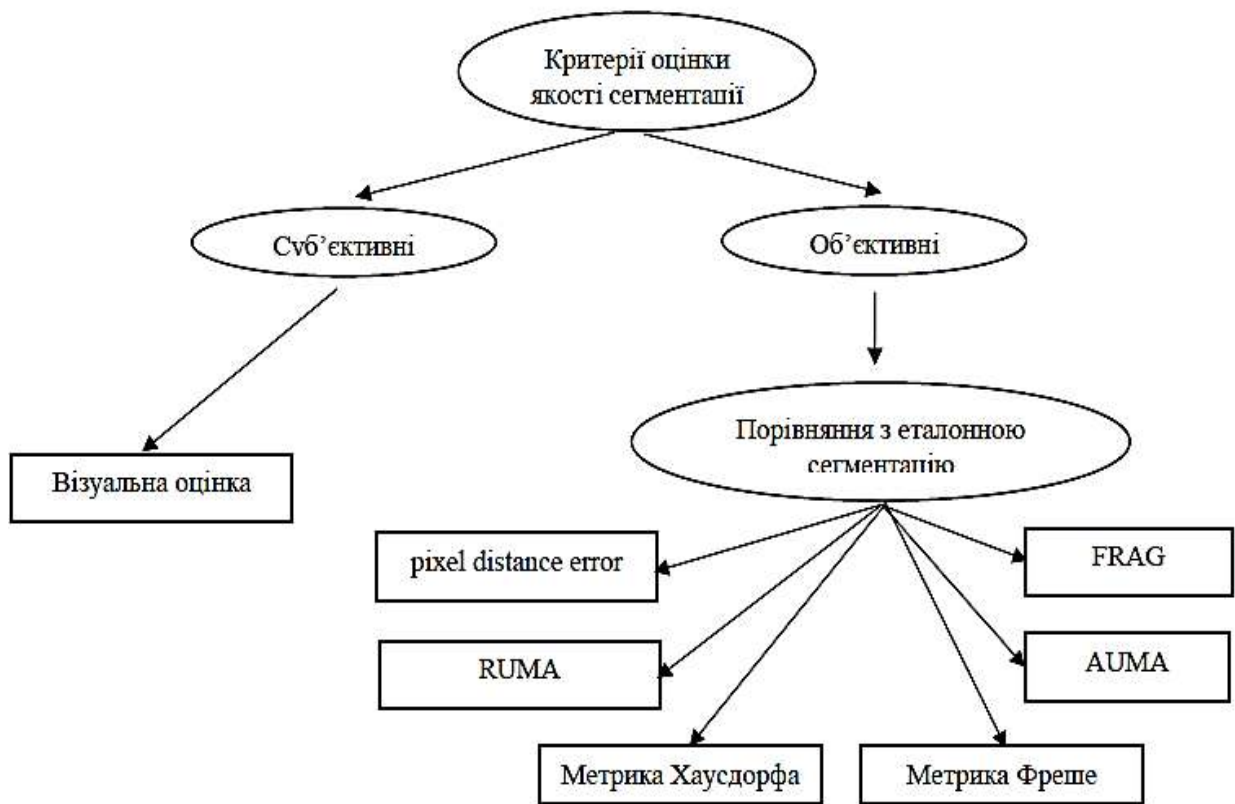


Рисунок 2.5 – Класифікація критеріїв оцінки якості сегментації

Маріо А. Лопес та Шломо Рейснер розробили метод зменшення кількості вершин опуклого многокутника з урахуванням похибки ξ у метриці Хаусдорфа; Х. Х. Альт та Л. Шарфц використали діаграми Вороного для обчислення відстані Хаусдорфа між алгебраїчними плоскими кривими Л. П. Чу та К. Кедем розробили алгоритм для знаходження мінімальної відстані Хаусдорфа у мірах L_1 та L_∞ .

Обчислювальна складність цього алгоритму становить $O(n^2 \log^2 n)$. С. Кнауер, М. Scherfenberg представили метод пошуку зображення з мінімальною відстанню в метриці Хаусдорфа. V. V. Alvarez представив метод визначення відстаней на основі метрики Хаусдорфа в d -вимірному просторі. Він розробив метод визначення відстаней на основі метрики Хаусдорфа в d -вимірному просторі та розв'язав задачу апроксимації такого дерева за поліноміальний час. Atallah представив алгоритм знаходження відстані Хаусдорфа між опуклими

багатокутниками. Обчислювальна складність становить $O(m*n)$, де m і n – кількість вершин першого і другого багатокутників відповідно.

Робота Н. Alt та М. Godau [11] присвячена розробці алгоритмів знаходження відстаней між параметрично заданими кривими. Обчислювальна складність цього методу становить $O(mn \log mn)$. [102] розроблено алгоритм обчислення дискретної відстані Фреше полігональних кривих. Обчислювальна складність становить $O(m^2n^2)$, де m і n - кількість відрізків першої та другої кривих; Rote G. пропонує алгоритм для обчислення відстані Фреше між кривими за набором $m+n$ лінійно апроксимованих відрізків. Обчислювальна складність становить $O(m*n)$; К. Бучин розробляє алгоритм для знаходження відстані Фреше полігональної області, обчислювальна складність якого є поліноміальною.

В [18] обчислювальна складність відстані Фреше становила $O(m*n)$ для замкнутих полігональних кривих; Н.-К. Ahn представив алгоритм для знаходження дискретних відстаней Фреше, де вершини не точно визначені, а обчислювальна складність становить $O(d*m*n)$ для d -вимірних просторів.

В роботі [15] представлено алгоритм знаходження відстані Фреше між неплощинами та отримано поліноміальний час в метриці L_∞ ; J. Gudmundsson та М. Smid пропонують алгоритм визначення подібності полігональних дерев в метриці Фреше в термінах поліноміальної складності. Запропоновано алгоритм визначення подібності полігональних дерев у метриці Фрешета за поліноміальною складністю.

Один з найпростіших способів вимірювання сегментації - асоціювання правильно вибраного пікселя на цільовому зображенні з еталонним зображенням. Однак цей метод простий і не завжди надійний. Критерій помилки відстані між пікселями враховує не тільки те, чи належить помилково ідентифікований піксель певному об'єкту (сегменту), але і його положення відносно цього сегменту.

Критерій AUMA (Absolute Ultimate Measurement Accuracy - абсолютна гранична точність вимірювання) розраховується за наступною формулою:

де f – значення ознаки f , отримане на еталонному зображенні;

f – значення ознаки f , отримане на досліджуваному зображенні.

Коефіцієнт RUMA обчислюється за допомогою такого перетворення:

(2.2)

де f – значення ознаки f , отримане на еталонному зображенні;

S_f – значення ознаки f , отримане на досліджуваному зображенні.

Площа, периметр, периметр і співвідношення сторін використовуються як ознаки для розрахунку критеріїв *AUMA* і *RUMA*. В результаті, чим ближче отримані значення до нуля, тим вища оцінка сегментації.

2.4 Програмні інструменти для обробки зображень

Сьогодні існує безліч програмних пакетів і бібліотек для роботи з різними типами зображень. На рис. 2.6 показано деякі з найпопулярніших бібліотек для роботи з графікою.

СImg – бібліотека, яка включає інноваційні методи обробки зображень, такі як розфарбовування спотворених або зашумлених зображень.

Java2D – бібліотека, яка може обробляти зображення в різних форматах і колірних просторах, а також включає функції оптимізації та обробки тексту.

OpenCV – бібліотека функцій та алгоритмів для комп'ютерного зору з відкритим вихідним кодом. OpenCV надає можливості для розпізнавання об'єктів на зображеннях, обробки зображень та застосування методів машинного навчання. У бібліотеці реалізовано понад 2500 алгоритмів машинного навчання.

MATLAB Image Processing Toolbox - це інструмент для обробки зображень у MATLAB. Інструментарій містить основні функції для обробки зображень, аналізу зображень та покращення якості зображень.

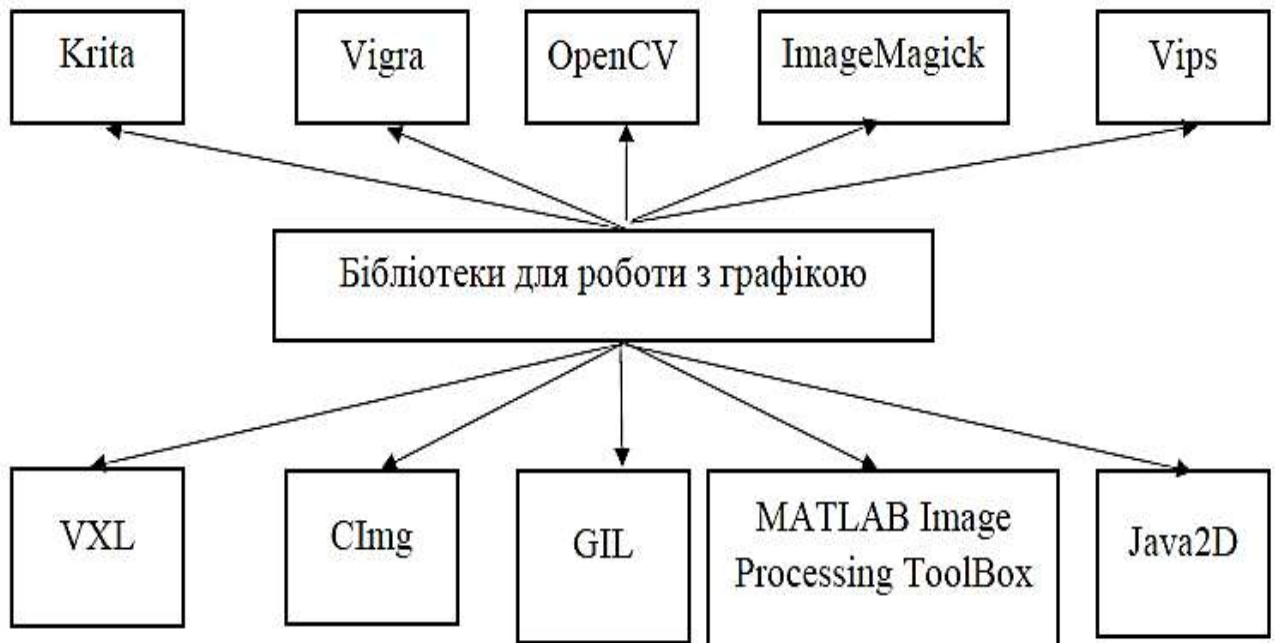


Рисунок 2.6 – Бібліотеки для роботи із зображеннями [35]

Більшість бібліотек мають стандартний набір алгоритмів комп'ютерного зору низького і середнього рівня; особливою перевагою таких інструментів, як OpenCV і MATLAB Image Processing Toolbox, порівняно з іншими рішеннями є розширений набір алгоритмів і постійна підтримка розробників.

Крім програмних рішень для обробки зображень, спостерігається також тенденція до розвитку апаратних засобів для обробки графічної інформації. Наприклад, в роботі В.П. Боюна значний акцент зроблено на створенні та дослідженні апаратних засобів для аналізу зображень.

Порівняльний огляд бібліотек для обробки зображень наведено в таблиці 2.2.

Таблиця 2.2 – Порівняльна характеристика бібліотек опрацювання зображень

Бібліотека	Переваги	Недоліки
Java2D	об'єктно-орієнтована архітектура; повнофункціональна.	із закритим кодом.

Продовження таблиці 2.2

OpenCV	перетворення зображень в інші базиси; наявність методів та алгоритмів усіх рівнів комп'ютерного зору; наявність інтерфейсів для мов програмування: Python, Java, MATLAB, C++	відсутність версії
MATLAB Image Processing ToolBox	Збільшення можливостей управління додатковими засобами в GUI; зчитування і запис даних в файл медичного формату; перегляд декількох зображень;	орієнтована на дослідницьку роботу
CImg	проста у застосуванні;	не оптимізована; неструктурована документація.
Krita	оптимізована для інтерактивної роботи	не оптимізована; проблеми з великими зображеннями.
Vigra	працює з великими зображеннями; зручна документація.	орієнтована здебільшого на дослідницьку роботу
VIPS	працює з великими за розміром зображеннями; працює з різними колірними моделями.	великий обсяг; не оптимізована.
VXL	працює з великими за розміром зображеннями;	давно не оновлялась; оптимізована лише для простих зображень в RGB форматі

2.5 Системи автоматизованої обробки зображень

Алгоритми та методи обробки зображень реалізовані в спеціалізованих програмних рішеннях. Автоматизовані системи мікроскопії (АСМ) – це програмно-апаратні комплекси, призначені для автоматизації процесу діагностики; АСМ включають апаратне (мікроскоп, відеокамера) і програмне забезпечення. Існуючі рішення часто мають обмежені алгоритми обробки зображень і не мають адаптованих інтерфейсів для різних категорій користувачів. Серед поширених САМ можна виділити наступні: VideoTesT Morpho 5.2, AnalySIS Five, BioVision, MEKOS-C2, Ariol, ImageJ, TissueFAXS, BioImageXD, analySIS FIVE, DiaMorph, Motic Images Advanced 3.2.

У статті S. Kankaanpää та Raavolainen описано систему автоматизованої мікроскопії BioImageXD для багатоканальної стекової візуалізації та складної 3D-обробки; Малов А. М. розробив для використання в біомедичних дослідженнях мультиспектральне зображення лікарських препаратів, що застосовуються в біомедичних дослідженнях. Метод дозволяє в інтерактивному режимі готувати інструменти для автоматичного вимірювання морфометричних параметрів мікрооб'єктів. Якщо С.В. Абламейко та А.М. Недзвед мали значний вплив на розвиток та впровадження систем автоматизованої мікроскопії в медицині, то Бріджит Сероусі (Brigitte Séroussi) [20] розглядає систему OncoDoc, призначену для підвищення якості діагностики раку молочної залози. OncoDoc - це система підтримки прийняття рішень, призначена для надання рекомендацій щодо лікування пацієнтам з раком молочної залози. Vrekoussis Т досліджує імуногістохімічні методи діагностики раку молочної залози з використанням програмного забезпечення ImageJ.

Всі розглянуті автоматизовані системи мають можливості попередньої обробки зображень та виявлення ознак; недоліком ImageTool, IMAGER-CG та ScreenMeter є те, що вони не масштабуються за допомогою додаткових плагінів.

Медовий В.С. активно досліджує САМ: Такі програмні рішення, як BioVision, VideoTest, MECOS-C2, TissueFAXS PLUS і Ariol мають базу даних для

зберігання зображень і результатів досліджень. Крім того, MECOS-C2 надає можливість працювати з віддаленими базами даних.

Image-Pro Plus пропонує широкий спектр інструментів для розрахунку властивостей мікрооб'єктів, а TissueFAXS дозволяє отримувати багатоканальні зображення, виділяти окремі клітини та обробляти заморожені і парафінові зрізи.

Програмний комплекс Ariol може бути підключений до дев'яти робочих станцій, що полегшує одночасну роботу декількох користувачів і доступ до широкого спектру препаратів і результатів досліджень. Результати досліджень зберігаються в базі даних для подальшого аналізу і статистичної обробки; основною перевагою Ariol і BioVision є можливість використання ґрид-технології.

Порівняльний огляд систем автоматизованої мікроскопії наведено в таблиці 2.3 (+ наявність, - відсутність, +/- наявність додаткового модуля).

Таблиця 2.3 – Порівняльна характеристика САМ на низькому рівні оброблення зображень

Критерії	ImageJ	Axio Visison	BioImage XD	motic	QCapture PRO	Icy	Image Pro Plus	Micro Manager	analYSIS FIVE
Контрастування	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Зміна рівня яскравості	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Фільтри:									
Гаусовий	+	+	+	+	+	+	+	+	+/-
Медіанний	+	+	+	+	+	-	+	+/-	+/-
Усереднюючий	+	+	-	-	-	-	-	+/-	+/-
Швидке перетворення Фур'є	+	+	+	+	+	-	+	+	+

Недоліками систем, таких як Image-Pro Plus, Cell D, QCapture PRO 6.0, у порівнянні з іншими, є відсутність функції передачі даних до зовнішніх програмних середовищ. Порівняльний огляд алгоритмів середнього рівня обробки зображень представлено в таблиці 2.4.

Таблиця 2.4 – Порівняльна характеристика алгоритмів середнього рівня

CAM	Метод K – means	Розумні ножниці	Snakes	Метод водорозподілу	Алгоритм Крускала	Grab Cut	Mean shift	Кодування контурів	RANSAC	Перетворення Хафа
ImageJ	+	+/-	+	+	+/-	+/-	+	-	+	+/-
Axio Vision	+	-	+	+	+	+	-	+/-	-	+
BioImage	+	+	+	+	+	-	-	+/-	+	+/-
Motic	+	-	+	-	+	-	-	-	+	-
QCapture	+	+	-	+	-	-	-	+/-	+	+
Image Pro	+	-	+	-	+	+	-	-	-	+
Icy	+	-	-	+	-	-	+	-	-	-
Micro Manager	+	+/-	+	+/-	-	+/-	-	-	+	+

Системи, такі як BioImageXD та AxioVision, мають найбільший набір реалізованих алгоритмів для сегментації. ImageJ дозволяє встановлювати додаткові програмні модулі. Порівняльний огляд систем автоматизованої мікроскопії на високому рівні обробки зображень представлено в таблиці 2.5.

Таблиця 2.5 – Порівняльна характеристика САМ на високому рівні опрацювання зображень

Критерії	ImageJ	Axio Vision	BioImage XD	motic	QCapture PRO	Icy	Image Pro Plus	Micro Manager	analysis FIVE
Автоматична адаптація до зображення	-	-	+	-	-	-	+	-	-
Детектування об'єктів	+/-	+/-	-	-	-	-	+/-	+/-	-
Порівняння зображень	-	+	+	+	+	+	+	-	-
Класифікатори нейронні мережі SVM	- +/-	+	-	-	- +/-	-	-	- +/-	-
		-	-	-		-	+		-

Після проведеного аналізу можна визначити, що сучасні САМ включають основні алгоритми оброблення зображень. Проте, їм відсутній адаптивний графічний інтерфейс, придатний для лікарів-онкологів, діагностів, адміністраторів та експертів. Тому, актуальним завданням є створення інтелектуальної САМ для раннього виявлення передракових станів молочної залози.

2.6 Висновки

У цьому розділі проаналізовано ключові методи та алгоритми на різних рівнях комп'ютерного зору, вивчено біомедичні зображення і системи автоматизованої мікроскопії. Досліджено існуючі методи і алгоритми оброблення зображень на низькому, середньому та високому рівнях комп'ютерного зору.

Виокремлено їх позитивні та негативні сторони, що сприяло створенню ефективних алгоритмів для обробки біомедичних зображень у системах автоматизованої мікроскопії.

Проведено аналіз біомедичних зображень на підставі визначених критеріїв, виправдано важливість обробки гістологічних і цитологічних зображень у системах автоматизованої мікроскопії для діагностики онкологічних захворювань.

Вивчено сучасні програмні засоби для обробки, аналізу та класифікації зображень за визначеними критеріями, в результаті чого було виявлено їх переваги та недоліки. Це надало можливість використовувати функціонал цих засобів у розробці інтелектуальної САМ.

Досліджено існуючі системи автоматизованої мікроскопії та їх модифікації. Виокремлено їх позитивні та негативні аспекти і підкреслено відсутність у них інтелектуальних засобів оброблення зображень. Також було обґрунтовано необхідність розробки інтелектуальної САМ для раннього діагностування передракових станів молочної залози.

3 МОДЕЛЬ ВИЯВЛЕННЯ РАКУ МОЛОЧНОЇ ЗАЛОЗИ НА БАЗІ НЕЙРОННОЇ МЕРЕЖІ

3.1 Штучні нейронні мережі

У попередніх розділах розглядаються існуючі підходи до комп'ютерного аналізу мамографічних зображень. Результати аналізу, проведеного в цьому розділі, свідчать про те, що глибоке навчання, зокрема, тип штучних нейронних мереж (ШНМ), може досягати кращих результатів. Це пояснюється тим, що моделі, що базуються на ШНМ, можуть ефективно вивчати складні нелінійні зв'язки між вхідним зображенням і кінцевим результатом, при цьому не потребуючи ручного проектування функцій.

ШНМ можуть навчатися розпізнаванню образів на основі вхідних даних і самостійно приймати рішення, використовуючи заздалегідь визначені правила обробки даних. Після навчання на відповідному наборі даних, модель на основі ШНМ може ефективно узагальнювати нові дані.

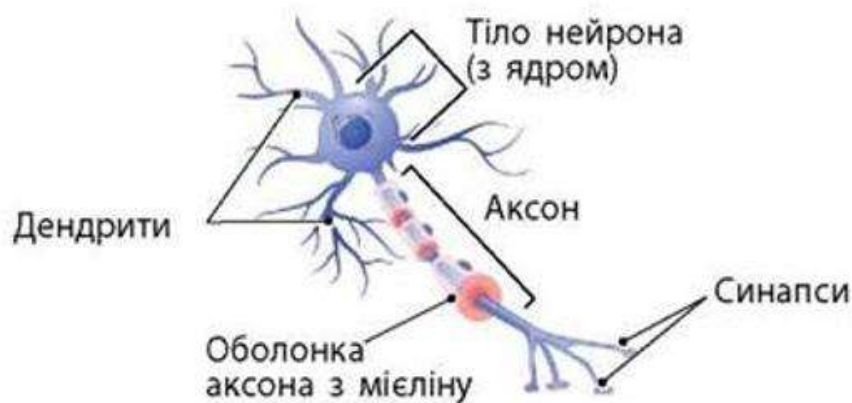
Штучні нейронні мережі (ШНМ) – це системи, що інспіруються людським мозком та його здатністю навчатися, запам'ятовувати та узагальнювати інформацію. Мозок містить мільйони нейронів і зв'язків між ними, які утворюють нейронну мережу мозку. ШНМ відтворюють цю структуру, містять взаємопов'язані штучні нейрони, і є спробою симулювати роботу людського мозку.

Біологічні нейрони (рис. 3.1) складаються з клітинного тіла, аксону і дендритів. Зв'язок між аксоном одного нейрона і дендритами іншого нейрона називається синапсом.

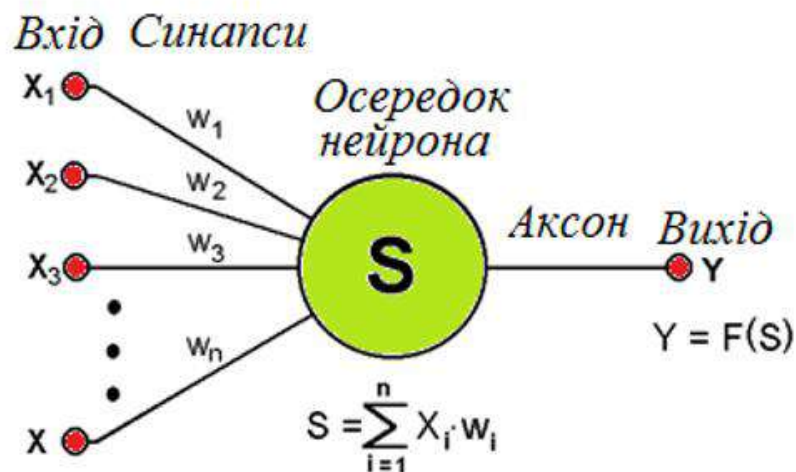
Сила синаптичних зв'язків часто змінюється у відповідь на зовнішні подразники, що є основою навчання в організмах. Дендрити отримують електрохімічні сигнали від інших нейронів і передають їх до клітинного тіла. Після обробки вхідного сигналу клітинним тілом, генерується вихідний сигнал, який передається від нейрона через аксони, що розгалужуються і з'єднуються з дендритами інших нейронів.

Штучні нейрони (рис. 3.1) – це вузли ШНМ, що намагаються імітувати структуру та поведінку біологічних нейронів. Зв'язки між штучними нейронами відповідають дендритам та аксонам біологічних нейронів.

Штучні нейрони отримують один або більше вхідних сигналів ($x \dots x_n$) і один або більше вагованих вхідних сигналів ($w \dots w_n$), пов'язаних з числовим значенням. Ваги контролюють силу зв'язків між нейронами, аналогічно до сили синаптичних зв'язків між біологічними нейронами. Ваги встановлюються під час навчання ШНМ і визначають, наскільки сильно впливає кожне вхідне значення на вихідне значення.



a



b

Рисунок 3.1 – Порівняння нейронів: (а) біологічний нейрон; (б) штучний нейрон

Для об'єднання вхідних сигналів штучних нейронів сума обчислюється шляхом множення значень вхідних сигналів на ваговий коефіцієнт і додавання константи, відомої як зсув. Ця константа виступає як додаткове вхідне значення для функції суми [47]:

$$(3.1)$$

де w_i – вагові коефіцієнти;

x_i – вхідні значення;

b – зсув.

Отримані значення передаються на наступний етап, де використовується нелінійна функція активації. Ця функція перетворює вхідні значення в вихідні значення, які відповідають поведінці нейронів у заданому діапазоні значень.

$$(3.2)$$

де φ – функція активації.

Важливість нелінійної функції активації полягає у тому, що більшість даних мають складну нелінійну залежність між вхідними та вихідними значеннями. Основна одиниця ШНМ, яка відома як шар ШНМ, складається з одного або кількох штучних нейронів. Зазвичай ШНМ включає вхідний шар, один або декілька прихованих шарів і вихідний шар, але деякі нейронні мережі можуть містити лише вхідний і вихідний шари. Під час обчислень приховані і вихідні шари виконують обчислення, тоді як вхідний шар просто передає дані наступному шару. Зазвичай вхідні шари не враховуються при підрахунку загальної кількості шарів нейронної мережі. Найбільш поширеною архітектурою багат шарових ШНМ є нейронна мережа з прямим поширенням (рис. 3.2). У цій архітектурі нейрони вхідного шару передають вхідні дані нейронам прихованого шару, які обробляють дані і передають результати обробки в наступний прихований або вихідний шар. Кожен нейрон у шарі з'єднаний з нейроном у попередньому шарі.

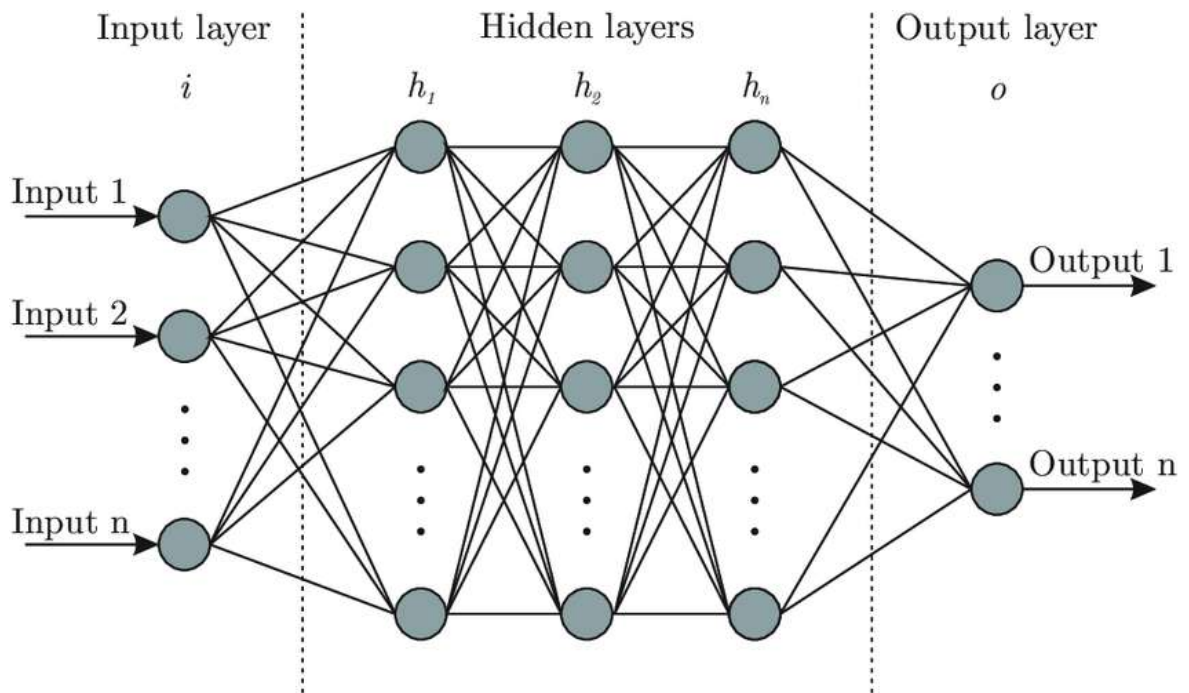


Рисунок 3.2 – Нейронна мережа прямого поширення із двома прихованими шарами [10]

3.2 Навчання штучних нейронних мереж

Навчання нейронної мережі – це процес, під час якого використовуються навчальні дані для налаштування вагових коефіцієнтів, щоб забезпечити точні прогнози. Штучні нейронні мережі навчаються через послідовні ітерації, під час яких вагові коефіцієнти оновлюються з метою поліпшення точності прогнозів на кожній наступній ітерації. Цей процес оптимізації базується на функції втрат, яка вимірює різницю між прогнозами моделі та очікуваними значеннями. Головною метою навчання є мінімізація цієї функції втрат, яка зазвичай вибирається відповідно до конкретної проблеми, що вирішується.

Оптимізація – це процес пошуку оптимального набору ваг та зсувів, які мінімізують функцію втрат. Один з найбільш поширених методів оптимізації для навчання нейронних мереж - це алгоритм градієнтного спуску (ГС). Цей алгоритм полягає в тому, що на кожній ітерації ми робимо крок у напрямку, протилежному градієнту функції втрат у поточній точці, з метою знаходження локального або глобального мінімуму функції втрат.

Алгоритм градієнтного спуску ітеративно оновлює значення вагових коефіцієнтів W та зсуву b за допомогою градієнта у поточній точці, який множиться на коефіцієнт швидкості навчання α (learning rate) та віднімається від поточних значень.

(3.3)

де W – вагові коефіцієнти;

b – зсув;

α – коефіцієнт швидкості навчання;

$J(W, b)$ – функція втрат.

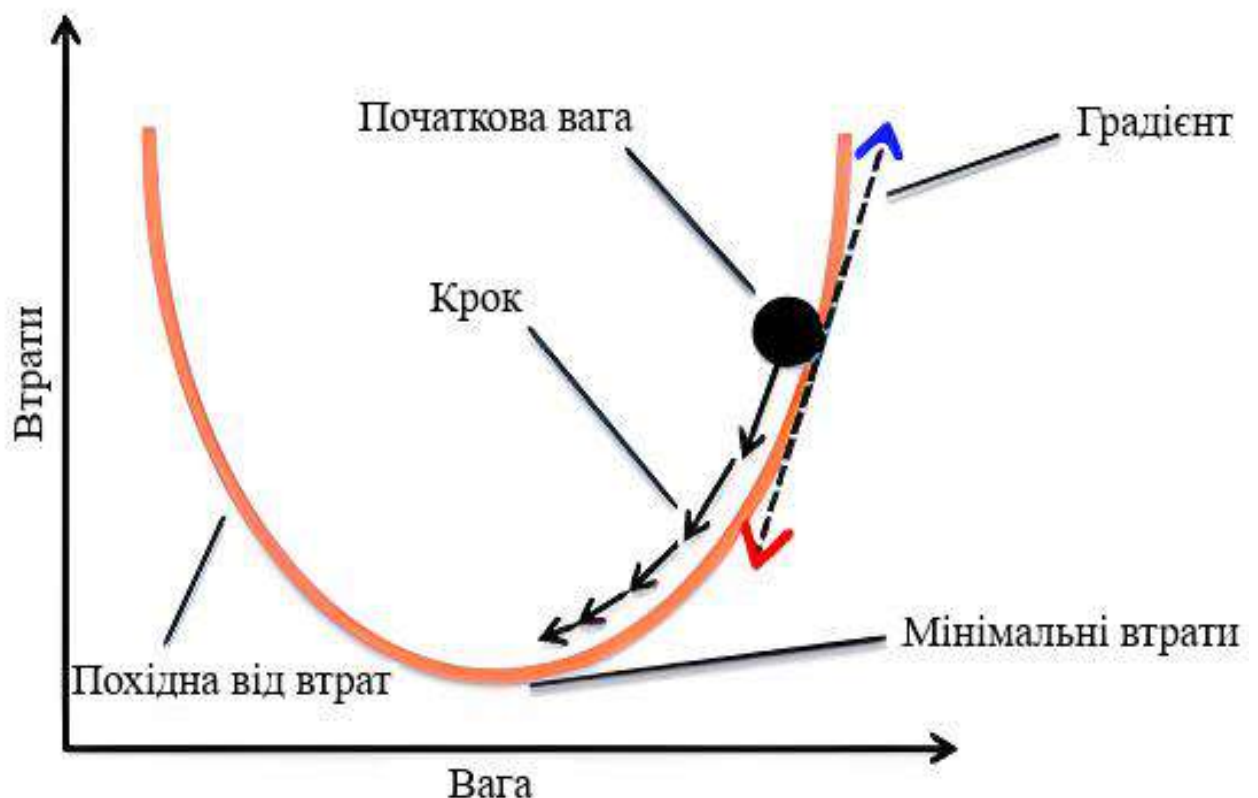


Рисунок 3.3 – Процес зменшення значення функції втрат з використанням алгоритму градієнтного спуску [26]

З оновленими параметрами розраховуються нові значення функції втрат, і параметри перераховуються. Цей процес повторюється стільки разів, скільки потрібно для досягнення мінімального значення функції втрат (рис. 3.3).

Коефіцієнт швидкості навчання - це гіперпараметр, що налаштовується і визначає розмір кроку в кожній ітерації навчання. Якщо цей фактор зменшити, параметри змінюються повільніше, а кількість ітерацій збільшується. І навпаки, якщо коефіцієнт швидкості навчання занадто великий, параметри змінюються занадто швидко і мінімальне значення функції втрат не може бути досягнуто або виникають осциляції. І навпаки, якщо він занадто малий, швидкість навчання сповільнюється і оптимальне значення параметра може бути не досягнуто навіть після тривалого періоду навчання (рис. 3.4).

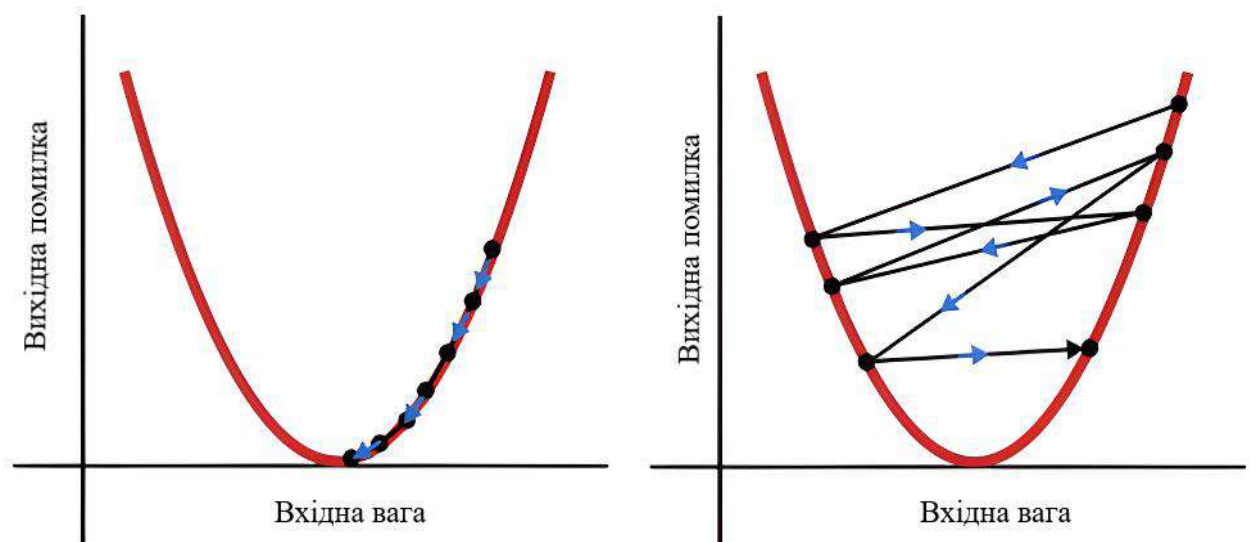


Рисунок 3.4 – Процес оптимізації із різними значеннями коефіцієнту швидкості навчання: завеликий коефіцієнт та замалий коефіцієнт швидкості навчання [38]

Так, на основі алгоритму градієнтного спуску розроблено різні варіанти оптимізації, оскільки сам градієнтний спуск може бути неефективним та вимагати значних обчислювальних ресурсів. Один із таких алгоритмів - це стохастичний градієнтний спуск (SGD), що відрізняється тим, що градієнт функції втрат розраховується на випадкових вибірках з набору навчальних даних. Це дозволяє ефективніше використовувати великі обсяги даних для навчання мереж.

3.3 Згорткові нейронні мережі

Згорткова нейронна мережа (CNN) – це тип штучної нейронної мережі, що використовується в аналізі зображень. Згорткові нейронні мережі схожі на звичайні ШНМ, які складаються з нейронів і мають значення ваг і зсуву, які можна вивчити.

Однак, на відміну від ШНМ, РНМ складаються з трьох вимірів (висота, ширина і глибина) і кожен нейрон пов'язаний з локальною областю попереднього шару тільки через ядро; ШНМ складаються з трьох типів шарів: згорткових, об'єднаних і всіх з'єднаних шарів (рис. 3.5).

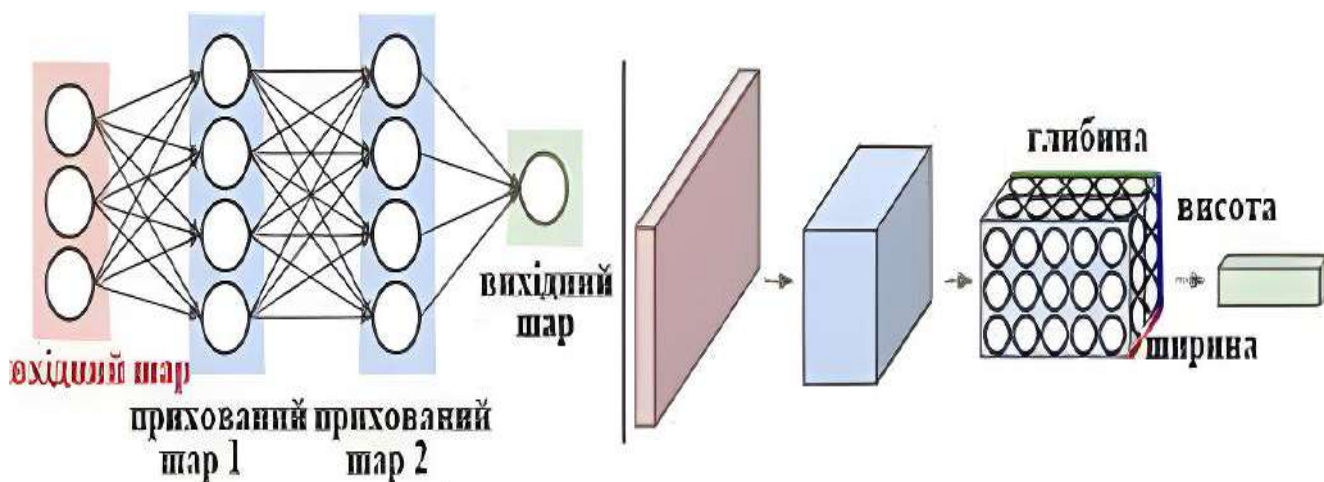


Рисунок 3.5 – Схематичний вигляд архітектури ЗНМ [43]

Згортковий шар

Шар згортки виконує операції згортки за допомогою ядер (невеликих матриць з вагами, встановленими під час навчання мережі). Ядро проходить через вхідне зображення і в кожній позиції виконує поелементне множення з відповідним значенням вхідного зображення.

Результати множень підсумовуються для отримання єдиного вихідного значення. На рисунку 3.6 показано приклад згортки з використанням ядра 3×3 для зображення 4×4 . Початковий розрахунок виглядає наступним чином:

$$(1 \times 1) + (1 \times 1) + (0 \times 0) + (2 \times 0) + (3 \times (-1)) + (2 \times 2) +$$

$$+(1 \times 2) + (4 \times 0) + (2 \times 1) = 7.$$

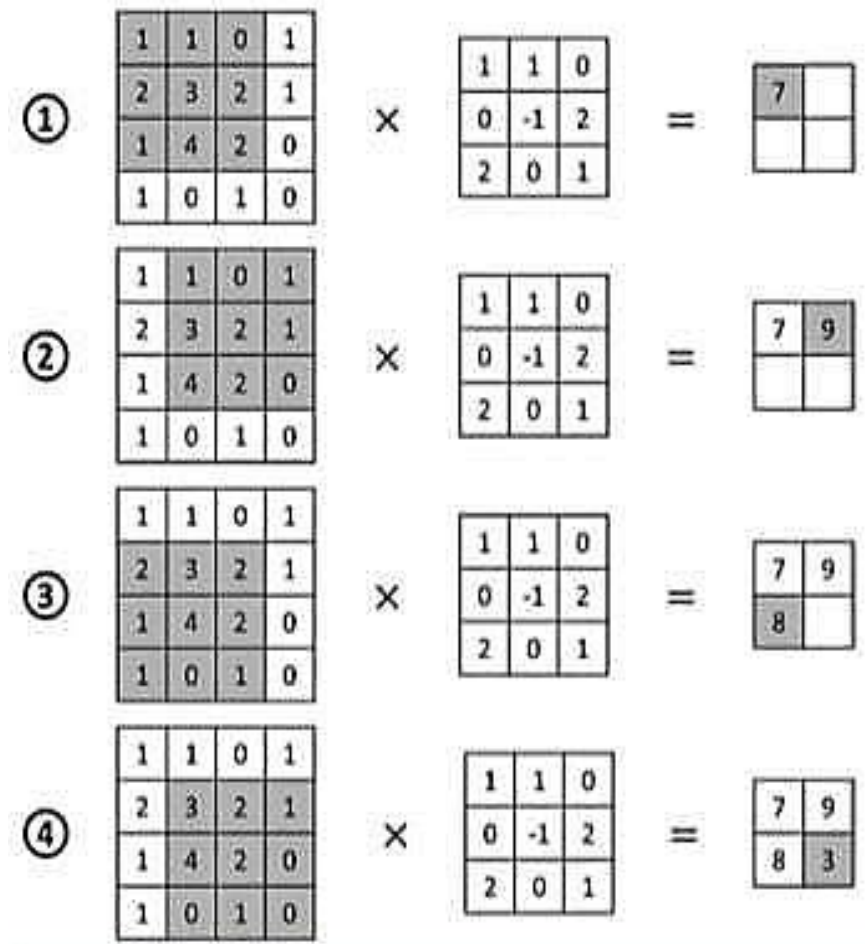


Рисунок 3.6 – Проведення операції згортки [6]

Шар пулінгу

Шар об'єднання зазвичай використовується одразу після шару згортки, щоб зменшити просторову розмірність вхідного зображення та зменшити кількість обчислень, які виконує ШНМ. Шар об'єднання обробляє кожен канал вхідного зображення окремо, так що кількість каналів залишається незмінною. Найчастіше використовується максимальне об'єднання. При цьому вхідне зображення розбивається на області заданого розміру, що не перетинаються. Для кожної такої області обчислюється максимальне значення і це значення включається у вихід шару злиття, тоді як інші значення відкидаються. На рисунку 3.7 показано приклад об'єднання максимального значення для зображення 4×4 , розділеного на області 2×2 .

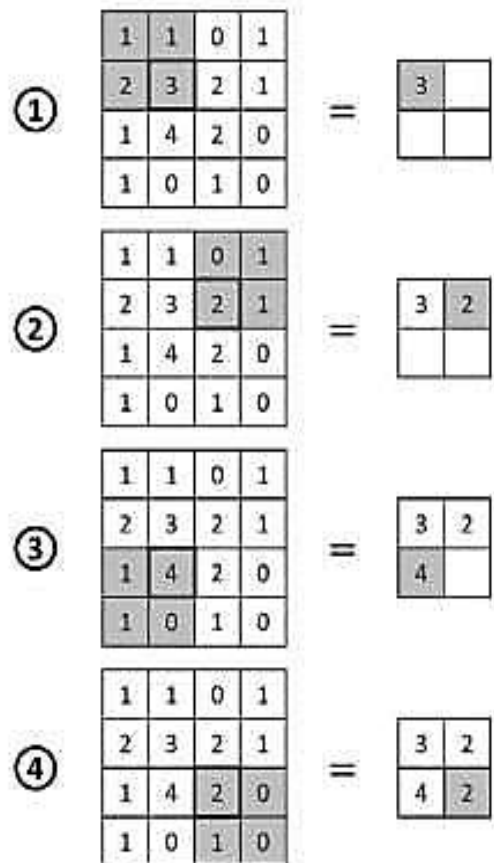


Рисунок 3.7 – Проведення максимального пулінгу

Повнозв'язний шар

Кожен нейрон у повністю пов'язаному шарі (рис. 3.8) з'єднаний з кожним нейроном попереднього шару.

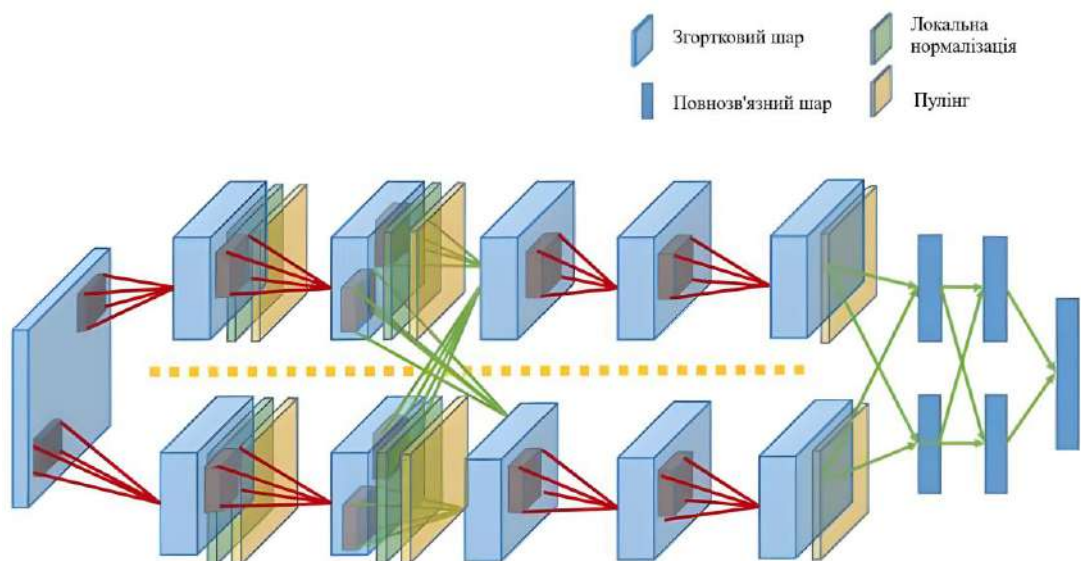


Рисунок 3.8 – Повнозв'язний шар як частина ЗНМ [11]

Цей шар зазвичай використовується в ШНМ після шарів згортки та об'єднання, де з вхідного зображення виділяються ознаки. Ознаки, витягнуті з вхідного зображення, повинні бути згладжені в одновимірний вектор перед подачею на вхід повністю пов'язаного шару. Повністю з'єднаний шар поєднує функції для отримання остаточного прогнозу; використання повністю з'єднаного шару для ШНМ дає кращі результати і вимагає менше обчислень.

3.4 Алгоритм YOLO

YOLO (You Only Look Once) – це алгоритм виявлення об'єктів на зображеннях, заснований на згорткових нейронних мережах. Він здатний виявляти області інтересу та їхні границі на вхідних зображеннях і класифікувати типи виявлених об'єктів. Головна відмінність YOLO від інших алгоритмів виявлення об'єктів, таких як RCNN та прискорений RCNN, полягає в його швидкості, що дозволяє використовувати його в режимі реального часу. Ця швидкість досягається завдяки тому, що YOLO переглядає вхідне зображення лише один раз. Основна ідея алгоритму (рис. 3.9) полягає в тому, що вхідне зображення розбивається на сітку $S \times S$, і кожна комірка містить B обмежувальних рамок, їхнє положення та розмір, ймовірність того, що в комірці знаходиться об'єкт, та ймовірність класу об'єкта. Кожна комірка має декілька обмежувальних рамок, кожна з яких має наступний формат:

(3.4)

де p_c – ймовірність того, що комірка містить об'єкт;

– центр передбаченої обмежувальної рамки;

– розміри передбаченої обмежувальної рамки;

$p(C_i)$ – ймовірність того, що об'єкт належить до класу i ;

n – кількість класів.

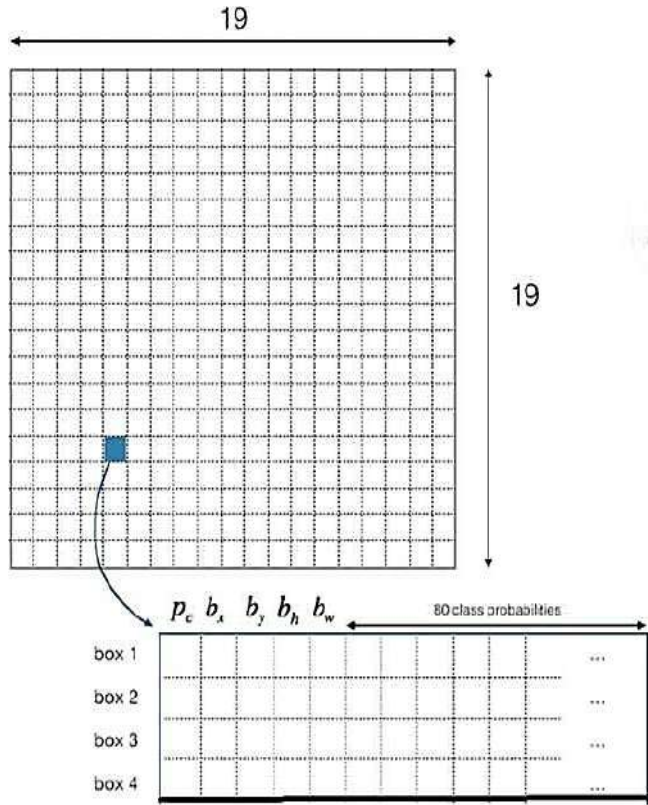


Рисунок 3.9 – Схематичний вигляд поділу зображення на комірки та передбачень однією коміркою [6]

Для кожної граничної області комірка генерує довірчу оцінку. Вона обчислюється шляхом множення на коефіцієнт перетину (Intersection Over Unity, IoU) між істинною та прогнозованою областями, де IoU є мірою збіжності двох областей і являє собою відношення площі перетину до площі спільної області, поділеної на площу спільної області (рис. 3.10).

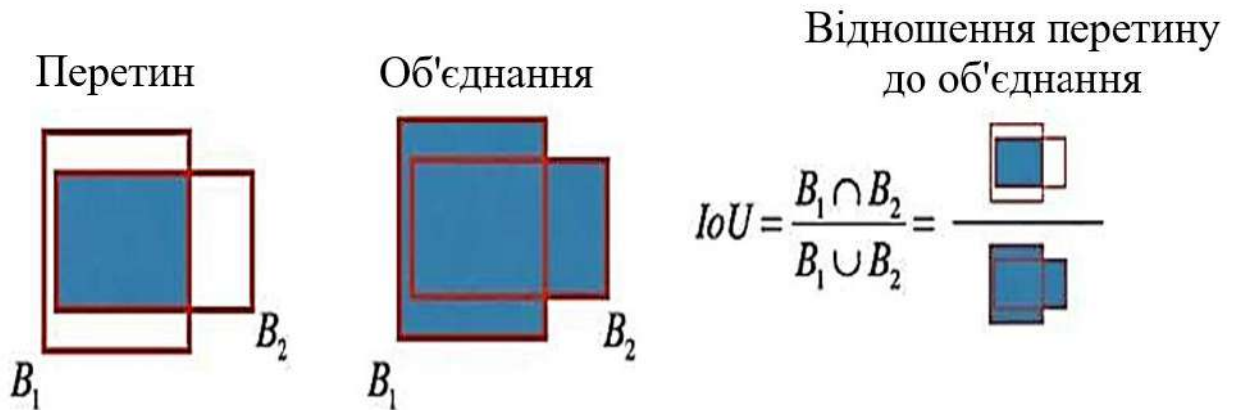


Рисунок 3.10 – Схематичний вигляд розрахунку Intersection over Union [26]

Немаксимальне придушення використовується для видалення надлишкових і повторюваних межових областей. При цьому обирається область з найвищим рівнем достовірності, а решта областей видаляється (рис. 3.11).

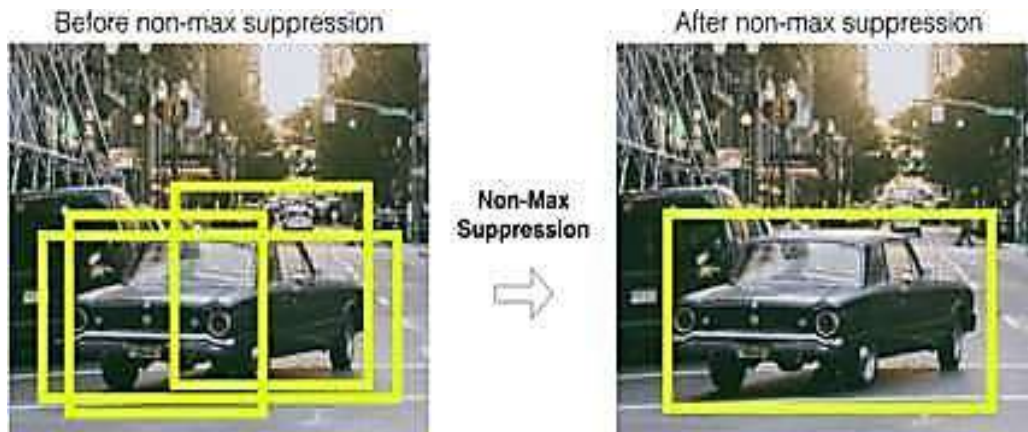


Рисунок 3.11 – Результат роботи немаксимального придушення

Для обчислення функції втрат використовується квадратична похибка. Функція втрат складається з:

- втрат класифікації – зменшує похибку класифікації локалізованих об'єктів;
- втрати локалізації – покращує точність розташування обмежувальної рамки навколо об'єкта;
- втрати індексу довіри.

Модель YOLO-V4

Архітектура YOLO-V4 (рис. 3.12) складається з базової частини, частини шиї та частини голови. Базова частина – це згортова нейронна мережа, яка виокремлює важливі ознаки із зображення; базова частина YOLO-V4 – це згортова нейронна мережа CSPDarknet-53, яка має 53 згорткових шари і містить залишкові зв'язки. Вона використовує механізм Cross-Stage Partial (CSP), який відповідає за об'єднання ознак з різних стадій мережі. Шийна секція є проміжним компонентом між базовою та головною секціями. Шийна секція об'єднує і покращує характеристики, витягнуті базовою секцією. Модуль SPP реалізує кілька шарів об'єднання з різним розміром ядра та об'єднує їх у загальний

результат, що дозволяє алгоритму ефективніше знаходити об'єкти різного розміру. Модуль PAN, який дозволяє йому знаходити їх, об'єднує ознаки з різних етапів мережі, допомагає комбінувати інформацію в різних масштабах, а також допомагає виявляти об'єкти різної форми та розміру.

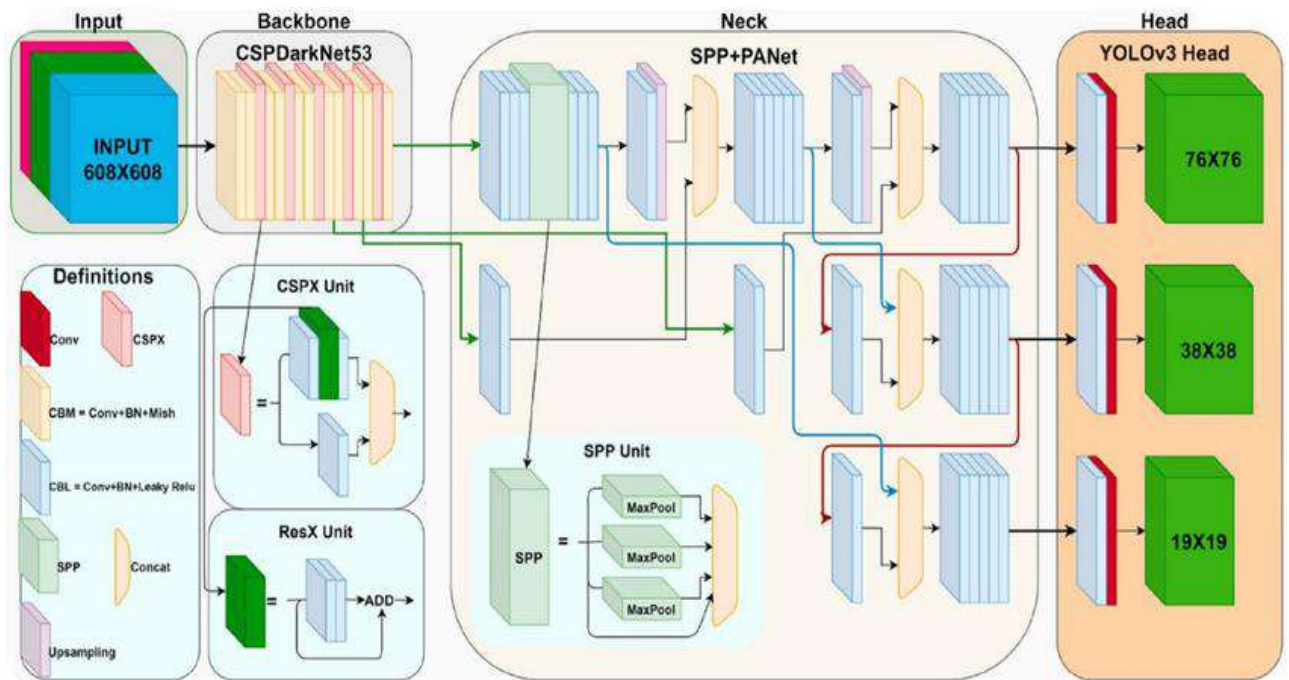


Рисунок 3.12 – Архітектура YOLO-V4 [45]

Головний блок є останнім компонентом архітектури YOLO-V4 і відповідає за прогнозування вихідних результатів у вигляді позицій і класів об'єктів на основі характеристик, наданих базовим і шийним блоками. YOLO-V4 базується на попередній версії YOLO, YOLO-V3. Ця модель використовується тричі для різних масштабів. Потім застосовується не максимальне придушення і генеруються остаточні прогнози.

3.5 Модель Inception-V3

Inception не є ШНМ, розробленим для задач класифікації зображень. Замість використання фіксованого розміру ядра, його основна ідея полягає у використанні модулів ініціалізації, які отримують інформацію з різних просторових масштабів,

використовуючи ядра різного розміру (1×1 , 3×3 , 5×5). Згортка вхідного зображення цими ядрами виконується паралельно, а результати об'єднуються і передаються на наступний шар. Модуль ініціалізації дозволяє виділити більше ознак із вхідного зображення. Схему модуля ініціалізації показано на рисунку 3.13.

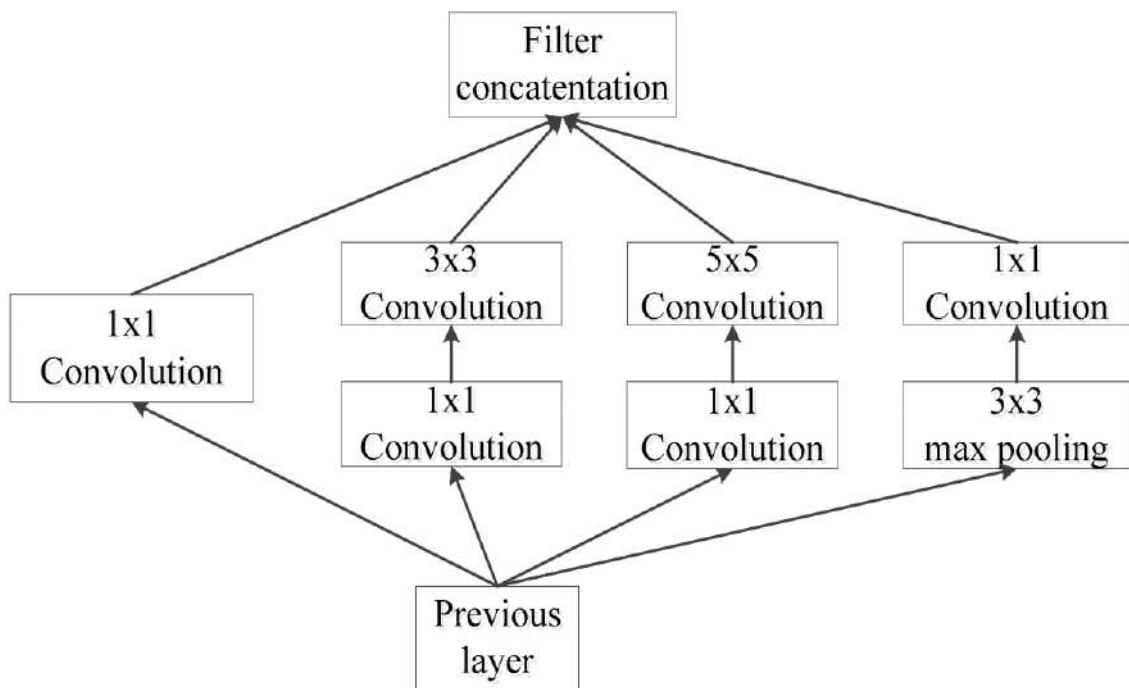


Рисунок 3.13 – Схематичний вигляд початкового модуля

Модель Inception V3 має низку особливостей, які роблять її швидшою за попередні версії, зберігаючи при цьому високу точність класифікації:

1. Ядра 5×5 були замінені на два ядра 3×3 . Це пов'язано з тим, що операції згортки з більшими ядрами зазвичай є більш дорогими з точки зору обчислювальних ресурсів. Таким чином, цей крок зменшив кількість параметрів мережі та кількість необхідних обчислювальних ресурсів.

2. У моделі реалізовано використання допоміжних класифікаторів під час навчання. Допоміжні класифікатори додаються на проміжному рівні мережі та відокремлюються від основного шляху мережі. Допоміжний класифікатор містить шари того ж типу, що і основна мережа. Значення функції втрат допоміжного класифікатора додаються до значень функції втрат основної мережі. Допоміжні

класифікатори дозволяють мережі дізнатися більше загальних особливостей і покращити процес навчання.

3. Модель реалізує ефективне зменшення розміру мережі. Зазвичай для зменшення карти ознак використовується тільки об'єднання максимізації або об'єднання середніх значень, але в Inception-V3 об'єднання максимізації або об'єднання середніх значень і згортка використовуються паралельно і об'єднуються в єдиний результат (рис. 3.14).

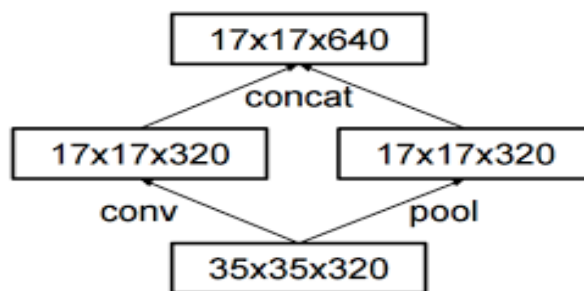


Рисунок 3.14 – Схематичне зображення реалізації ефективного зменшення розміру сітки

Вигляд архітектури мережі Inception-V3 наведено на рисунку 3.15, детальну структуру мережі Inception-V3 наведено у таблиці 3.1.

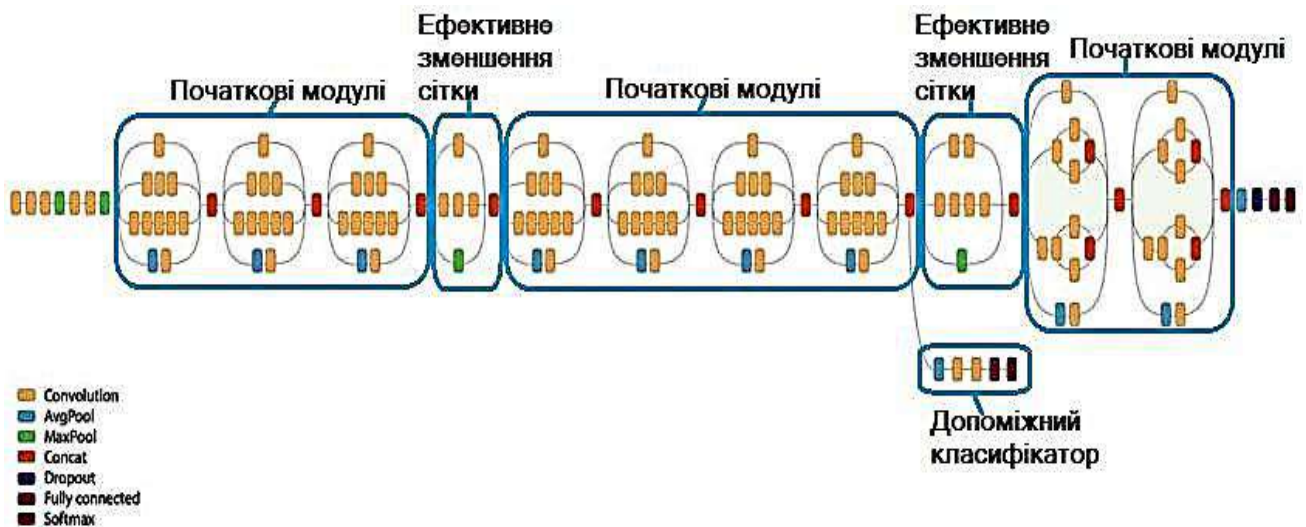


Рисунок 3.15 – Архітектура Inception-V3 [35]

Таблиця 3.1 – Структура мережі Inception-V3

Операція	Вхідний розмір	Розмір ядра/крок
Згортка	299×299×3	3×3/2
Згортка	149×149×32	3×3/1
Згортка	147×147×32	3×3/1
Пулінг	147×147×64	3×3/2
Згортка	73×73×64	3×3/1
Згортка	71×71×80	3×3/2
Згортка	35×35×192	3×3/1
Початковий модуль	35×35×288	Три модулі
Початковий модуль	17×17×768	Чотири модулі
Початковий модуль	8×8×1280	Два модулі
Пулінг	8×8×2048	8×8
Лінійна операція	1×1×2048	
Операція softmax	1×1×1000	Результат

3.6 Метричний метод кількісної оцінки якості сегментації

Для знаходження відстаней між зображеннями використаємо метрики Хаусдорфа, Фреше. Для знаходження найменших відстаней між зображеннями використаємо метрики Громова-Хаусдорфа та Громова-Фреше. Метрика Хаусдорфа. Для метричного простору (X, d) хаусдорфівською метрикою d_H називається метрика на сукупності всіх непорожніх компактних підмножин.

Після сегментації отримуємо набір відрізків, що не перетинаються. Лінійна апроксимація отриманих відрізків дає набір багатокутників. У загальному випадку ці багатокутники є неопуклими. Алгоритм сегментації та експерт порівнюють два неопуклі багатокутники: розглянемо два неопуклі багатокутники P та Q (рис. 3.16).



Рисунок 3.16 – Полігони P і Q після сегментації

Метричні методи вимірювання якості сегментації базуються на наборі алгоритмів, які надійно визначають мінімальну відстань між зображеннями. До цієї групи алгоритмів належать різні алгоритми, такі як алгоритми побудови опуклих багатокутників з неопуклих багатокутників, алгоритми зважених хорд, алгоритми відстані Хаусдорфа та дискретні алгоритми відстані Фреше.

Покрокове представлення методу наступне:

1. Формування множини опуклих полігонів із заданих.
2. Проведення ізометричних перетворень для накладання опуклих полігонів з максимальним перетином.
3. Знаходження відстані Фреше для опуклих полігонів.
4. Знаходження відстані Хаусдорфа для опуклих полігонів.
5. Знаходження найменшої відстані між полігонами на основі зваженої метрики (метрик Фреше та Хаусдорфа) між полігонами P і Q . Необхідно знайти $D \rightarrow D_{\min}$.

Алгоритми формування опуклих полігонів із не опуклих

Знаходження відстані Хаусдорфа між будь-якими двома багатокутниками є обчислювально дуже інтенсивним; дисертація М. Годи доводить теорему про те, що для двох опуклих множин відстань Хаусдорфа дорівнює відстані між границями цих множин.

Алгоритми триангуляції. Триангуляція - це метод розбиття довільної фігури на трикутники. Трикутники є опуклими фігурами, тому триангуляція неопуклої

фігури розбиває її на опуклі фігури. Найпоширенішими алгоритмами тріангуляції є алгоритм відсікання вуха та монотонна тріангуляція.

Ідея алгоритму відсікання «вуха» полягає в послідовному відсіканні трикутників («вуха»). Вершина v_i називається «вухом», якщо діагональ проведена з v_{i-1} до v_{i+1} лежить строго у внутрішній області багатокутника P (рис. 3.17).

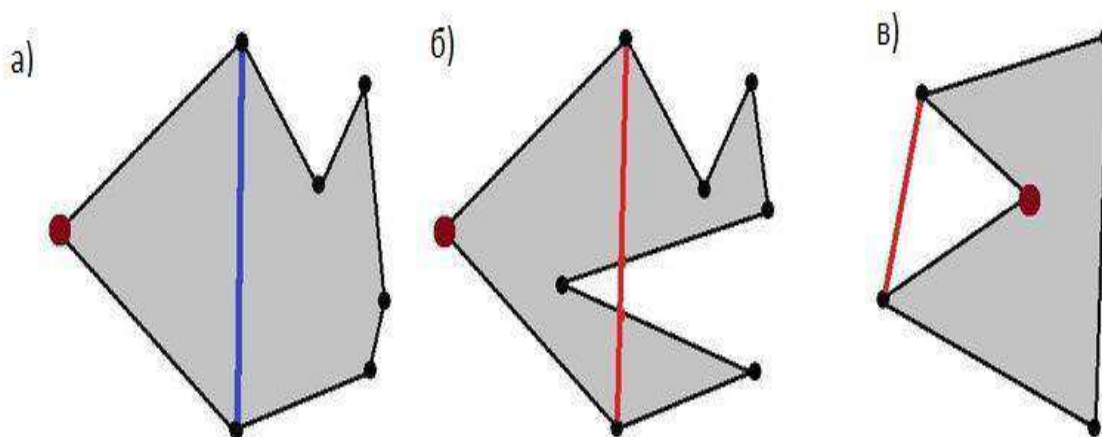


Рисунок 3.17 – Визначення вершини-вуха
(випадок а – «вуха», випадок б, в – ні)

Кожного разу, коли знайдено «вуха», з багатокутника P вирізається трикутник, що складається з цього «вуха» і двох сусідніх вершин. Коли алгоритм завершено і всі «вуха» P відрізано, залишається лише один трикутник. Як легко помітити, трикутник сформовано правильно.

Спочатку многокутник $O(n)$ містить "вуха". Неважко помітити, що в процесі відсікання "вух" сусідні вершини також стають "вухами". Оскільки результатом тріангуляції є $n-3$ діагоналі, то максимальна кількість вершин, які стають "вухами" в цьому процесі, дорівнює $2n-6$. Загальна кількість "вух" дорівнює $O(n)$. Оскільки алгоритм, який використовується для визначення належності точки трикутнику, є $O(1)$, то чи є вершина "вухом", можна визначити за $O(n)$. Таким чином, загальний процес вирізання вух займає $O(n^2)$. Існує лише $O(1)$ неопуклих вершин, кожна з яких обробляється за постійний час, тому загальний час обробки становить $\Theta(n)$. Список ребер та вершин генерується за лінійний час, а кожна

вставка ребра та видалення вершини обробляється за постійний час. Загальний час складає $O(n^2)$. Оскільки зберігається лише один список, пам'ять лінійна.

Алгоритм знаходження відстані Хаусдорфа між випуклими полігонами

Алгоритм М. J. Atallah для знаходження відстані Хаусдорфа багатокутника, що перетинається, базується на знаходженні заданої фігури P , яка визначається наступним чином:

(3.5)

де, P – це область P_1 або P_2 , яка не є результатом перетину їх внутрішньої частини.

Іншими словами, це сукупність частинок P_1 або P_2 , які в них не спільні. Область P складається з m не опуклих частин.

Розглянемо задачу обчислення області перетину опуклих багатокутників P та Q . За винятком особливих випадків, ми вважаємо, що ці два багатокутники перетинаються негеометрично: перетин двох ребер відбувається в одній точці, яка не є вершиною жодного багатокутника.

Враховуючи це припущення про негеометричність, багатокутник $P \cap Q$ завжди складається з ланцюжків P і Q , що чергуються. Кожна наступна пара ланцюжків з'єднується у точці перетину границь багатокутників P та Q . Для двох опуклих багатокутників P і Q алгоритм визначає вікно на одному з ребер багатокутника P і вікно на одному з ребер багатокутника Q . Ідея полягає в тому, щоб розсунути ці вікна вздовж границь багатокутників, коли виникають багатокутники перетину: вікна зсуваються разом за годинниковою стрілкою вздовж границь кожного багатокутника, щоб знайти перетин ребер, як це виглядає на перший погляд.

Перетини виявляються в тому порядку, в якому вони були знайдені навколо багатокутників, так що багатокутник перетину створюється при другому виявленні перетину. В іншому випадку, якщо після достатньої кількості ітерацій не буде знайдено перетину, межі багатокутника не перетинатимуться. У цьому

випадку потрібен додатковий простий тест, щоб визначити, чи знаходиться багатокутник всередині іншого багатокутника і чи перетинаються вони взагалі.

Для пояснення цього механізму дуже корисно ввести поняття серпа. Многокутники P і Q з'єднані ланцюгами, взятими з многокутників P і Q відповідно і з'єднаними двома послідовними перетинами. Внутрішній ланцюг серпа є частиною багатокутника, що перетинається. Зауважте, що багатокутник, який перетинається, обмежений парною кількістю серпів, що чергуються вздовж меж багатокутників P і Q . У випадку з клинами алгоритм пошуку перетинних багатокутників проходить два етапи. На першому етапі вікно p багатокутника P і вікно q багатокутника Q рухаються за годинниковою стрілкою до тих пір, поки не опиняться на ребрах одного клина.

Кожне вікно починає рух з випадкової позиції. Аналогічно, q позначає як вікно багатокутника Q , так і ребро всередині вікна. Іноді ребра p і q розглядаються як існуючі ребра. На фазі 2 ребра p і q продовжують рухатися за годинниковою стрілкою, але цього разу вони рухаються разом від одного серпа до іншого. На фазі 2 створюються багатокутники, що перетинаються. Перед кожним рухом p кінцеві точки ребра p заносяться у багатокутник перетину. Обчислювальна складність алгоритму становить $O(l)$, $l = \max(n, m)$, де n і m – кількість вершин у багатокутниках p і q відповідно.

3.7 Метод автоматичного вибору алгоритмів сегментації на основі метрик

Сегментація зображень займає багато часу і не завжди може бути виконана автоматично. Тому тестуються сучасні алгоритми сегментації та їх комбінації, а також вибираються межі алгоритмічних параметрів. Метод вибору алгоритмів та параметрів сегментації представлено у вигляді послідовності кроків:

1. Визначення параметрів вхідного зображення (рівні яскравості, середні значення червоного, зеленого та синього каналів);
2. Сегментація зображення. На цьому етапі використовуються наступні алгоритми: порогова сегментація, метод водорозподілу, метод k -середніх.

Порогова сегментація використовує серію низьких порогових значень (35-175) з кроком 5; метод k-середніх використовує серію різних значень для тестування.

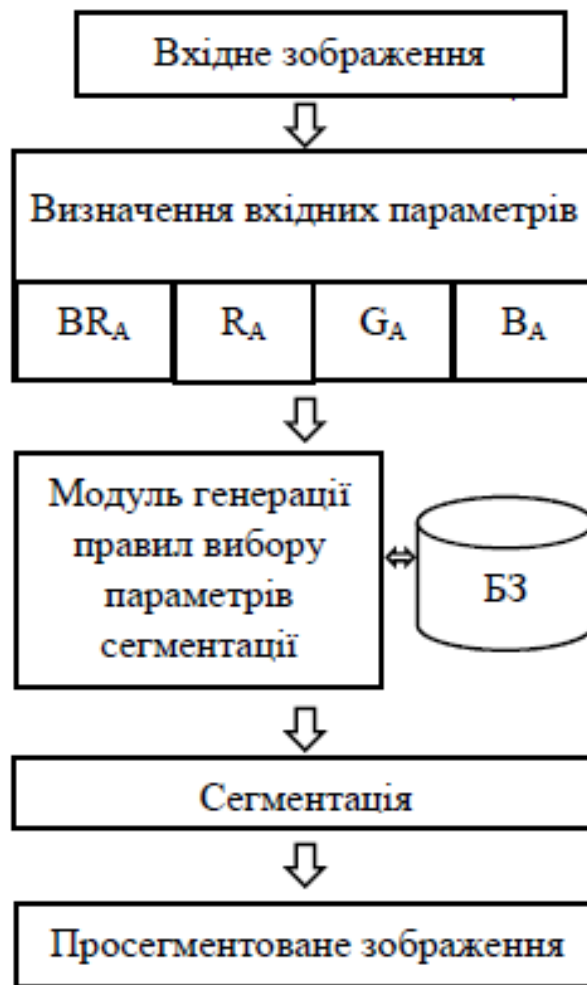


Рисунок 3.17 – Етапи автоматичної сегментації зображень

3. Оцінка сегментації. Кожне зображення порівнюється з еталонною сегментацією, виконаною експертом. Для оцінки подібності між зображеннями використовуються метрики та параметри frag. Також використовується думка експерта.

4. Найкращі результати зберігаються в базі знань для подальшої генерації правил.

Етапи автоматичної сегментації наведено на рисунку 3.17.

Послідовність етапу автоматичної сегментації наступна:

1. Завантаження зображення;

2. Вибір параметрів вхідного зображення (рівень яскравості, середні значення червоного, зеленого та синього каналів);
3. Пошук в базі даних алгоритмів та параметрів сегментації
4. Сегментація за обраним алгоритмом;
5. Збереження результатів.

Структура бази даних База даних, що зберігає результати навчання системи, складається з двох таблиць: Таблиця "InputParameters" призначена для зберігання інформації про параметри вхідного зображення.

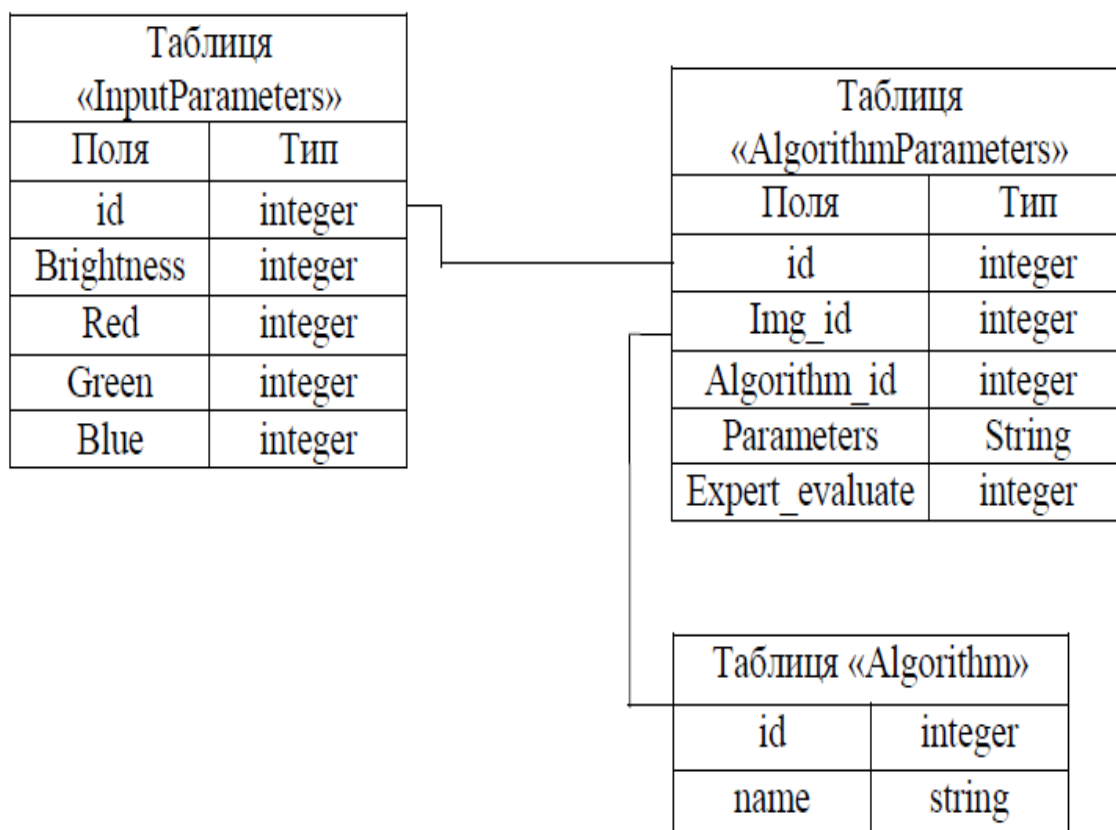


Рисунок 3.18 – Структура таблиць бази даних

Наприклад, рівні яскравості, середні значення RGB каналів зображення і т.д. Для зберігання результатів навчання використовується таблиця "AlgorithmParameters". Таблиця складається з полів, в яких зберігається інформація про найкращий алгоритм та його параметри в залежності від вхідних параметрів зображення. Структура таблиці показана на рисунку 3.18.

3.8 Висновки

У даному розділі розглянуто структуру та особливості штучних нейронних мереж, зокрема їхня роль у розв'язанні завдань обробки зображень. Згорткові нейронні мережі (CNN) виявляються надзвичайно потужним інструментом у сфері комп'ютерного зору та обробки зображень. Їхній успіх полягає у тому, що вони вдаються до використання спеціальних шарів, званих згортковими шарами, які дозволяють автоматично визначати та виділяти важливі ознаки у вхідних зображеннях. Після згорткових шарів вони використовують пулінгові шари для зменшення розміру отриманих зображень та залишають лише найважливіші ознаки.

Одним з найважливіших аспектів моєї роботи є удосконалення алгоритму YOLO (You Only Look Once), який є одним з найефективніших у своєму класі для виявлення об'єктів на зображеннях. Його основна ідея полягає у тому, щоб одночасно визначати положення та клас об'єктів у зображенні, використовуючи всього лише одну мережу. Це дозволяє YOLO досягати високої швидкодії та точності виявлення об'єктів.

Окрім цього, побудовано модель Inception-V3, яка є потужним класифікатором зображень. Її основна концепція полягає в тому, щоб одночасно використовувати ядра різних розмірів для агрегації інформації з різних просторових масштабів. Це дозволяє моделі виявляти більше ознак та забезпечує більш точну класифікацію під час навчання та використання.

Досліджено метричний підхід для кількісної оцінки якості сегментації, що ґрунтується на метриках Громова-Хаусдорфа та Громова-Фреше. Цей метод використовує алгоритми перетворення непрямокутних полігонів на опуклі та алгоритм зважених хорд. Це дозволило визначити мінімальні відстані між контурами та зонами зображень, що призвело до покращення точності оцінки результатів сегментації.

Створено метод автоматичного вибору алгоритмів сегментації, що ґрунтується на метриках Громова-Фреше та Громова-Хаусдорфа. Це дозволило

автоматично вибирати алгоритми сегментації та їх параметри. Досліджено метод адаптивного оброблення зображень, який базується на алгоритмах фільтрації та правил гістограмного вирівнювання.

4 КІБЕРФІЗИЧНА СИСТЕМА ДІАГНОСТИКИ РАКУ МОЛОЧНОЇ ЗАЛОЗИ

4.1 Підготовка навчальних даних

Система комп'ютерного аналізу мамографії складається з трьох етапів: попередня обробка мамограми, виявлення пухлин на зображенні за допомогою алгоритму YOLO та класифікація за допомогою згорткової нейронної мережі Inception-V3.

Для підготовки набору даних були виконані наступні кроки (рис. 4.1)

1. Аналіз XML-файлу для отримання локалізації пухлини.
2. Перетворення отриманих даних в описи зображень у форматі, необхідному для алгоритму YOLO: [клас виявленого об'єкта, центр обмежувальної рамки по осі x , центр рамки по осі y , ширина рамки, довжина рамки].

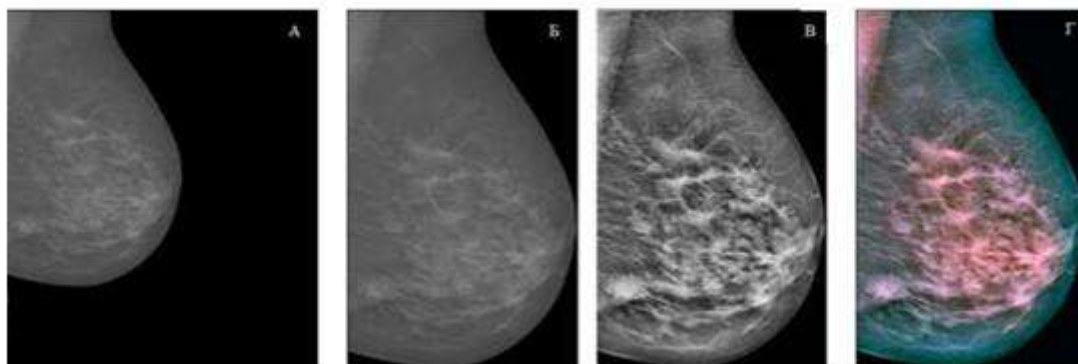


Рисунок 4.1 – Візуалізація оброки зображення: А – оригінальна мамограма; Б – обрізана мамограма; В – мамограми після операції вирівнювання; Д – згенероване трьохканальне зображення

3. Обрізання зображення так, щоб залишилася лише грудна клітка, видалення непотрібного фону, який не містить інформації, і вирівнювання координати YOLO з обрізаним зображенням. Цей крок прискорює навчання, економить велику кількість обчислювальних ресурсів і не змінює роздільну здатність вихідного зображення.

4. Двічі виконується адаптивне вирівнювання гистограми з обмеженням контрасту для перерозподілу інтенсивності пікселів, щоб покращити видимість пухлини відносно навколишніх тканин на зображенні.

5. Операція нормалізації зсуву виконується на обрізаному зображенні, яка необхідна для нормалізації розподілу інтенсивності пікселів зображення в області молочної залози. Основна ідея нормалізації зсуву полягає у виборі максимального та мінімального значень інтенсивності з гистограми інтенсивності зображення, використанні їх для обрізання значень інтенсивності зображення, а потім нормалізації значень пікселів.

6. 3-канальні зображення створюються з трьох зображень.

7. На етапі класифікації виділяють пухлину та область інтересу, що містить пухлину (рис. 4.2) та відповідні класи BI-RADS були вилучені з файлу INbreast.csv.

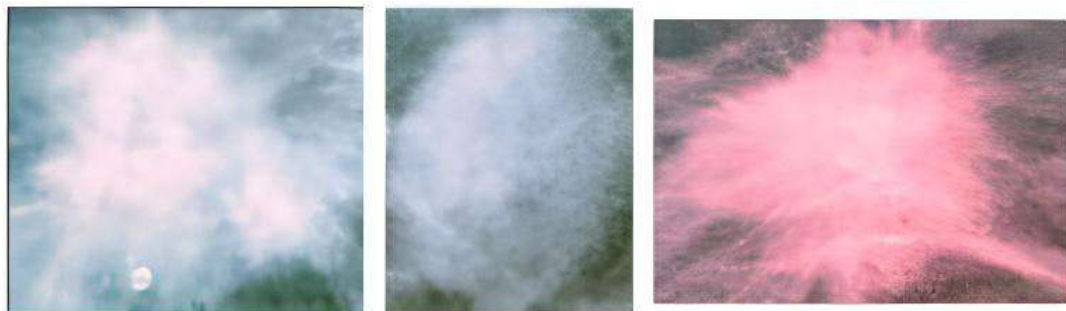


Рисунок 4.2 – Приклади ділянок із пухлинами

8. Дані були розділені на навчальні та тестові набори у співвідношенні 80/20

9. Через невеликий розмір набору даних, навчальний набір даних було розширено: Кожне зображення в навчальному наборі даних YOLO-V4 було тричі повернуто на випадковий кут і перевернуто по діагоналі та горизонталі. Зображення з пухлинами також були перевернуті вертикально і знову повернуті на випадкові кути, щоб зменшити дисбаланс у наборі даних; у навчальному наборі даних Inception-V3 кожне зображення було перевернуте по діагоналі,

горизонталі і вертикалі, двічі повернуте на випадкові кути, двічі випадково змінена яскравість і двічі випадково зміщена. Таким чином, для навчання YOLO-V4 було отримано 2148 зображень, у тому числі 704 зображення з пухлинами, а для навчання Inception-V3 – 920 зображень.

Оброблені зображення (ціла молочна залоза та обрізані ділянки з пухлинами) зберігалися у форматі png, а анотації (координати положення пухлини та клас пухлини за BI-RADS) – у форматі txt.

Обробка тренувальних даних була здійснена за допомогою мови програмування Python у середовищі розробки PyCharm. Для цього були використані такі бібліотеки, як NumPy, OpenCV, Pydicom, Pillow, pandas та scikitimage. Код програми, що відповідає за попередню обробку тренувальних даних, можна знайти у додатку А.

4.2 Навчання моделі нейромережі YOLO-V4

Під час навчання моделі YOLO-V4 ключовим кроком є створення конфігураційного файлу, який включає всі налаштування для архітектури мережі. Цей файл містить розділи, які можна налаштовувати, такі як [net], [convolutional], [shortcut] та [yolo]. Дотримання правильних параметрів мережі є важливим для досягнення позитивних результатів під час навчання. Перед початком тренування важливо визначитися з такими параметрами:

1. Розмір 832x832 для висоти і ширини зображення був обраний для тренувальної вибірки з метою забезпечення однакових розмірів усіх зображень. Це рішення дозволяє зберегти деталі зображення, мінімізуючи зміни розміру. Вибір такого розміру 832x832 визначений як максимальний, що допускається для тренування моделі YOLO при наявних обчислювальних ресурсах. Хоча цей вибір може сповільнити процес тренування, він забезпечує більшу точність моделі у кінцевому результаті.

2. Параметр «*Batch* = 64» визначає кількість зображень, які будуть оброблені за один раз під час кожної ітерації перед тим, як модель оновить свої

вагові коефіцієнти. Важливо збалансувати вибір цього значення, оскільки від нього залежить ефективність тренування моделі. Занадто мале значення може призвести до довгого часу тренування, оскільки модель буде бачити обмежену кількість різноманітних зразків з тренувального набору даних на кожній ітерації, що може призвести до нестабільних оновлень вагових коефіцієнтів. З іншого боку, велике значення цього параметра вимагатиме значної кількості оперативної пам'яті. З урахуванням обмежених обчислювальних ресурсів і пам'яті було обрано значення 64 для кількості зображень, які обробляються за одну ітерацію.

3. Параметр «*Subdivisions = 32*» визначає кількість підгруп загальної кількості зразків зображень (міні-пакетів). Розділення всіх зображень, які використовуються під час ітерації, дозволяє послідовно обробити меншу кількість зображень за один раз. Це дозволяє обійти обмеження пам'яті графічного процесора та забезпечити ефективне тренування моделі.

4. Параметр «*Channels = 3*» визначає кількість каналів у зображенні. На етапі попередньої обробки зображень одноканальні мамограми були перетворені у триканальні зображення. Це перетворення дозволило врахувати більше інформації під час тренування моделі, оскільки тепер кожен піксель має три значення інтенсивності замість одного.

5. Параметр «*Max batches*» визначає максимальну кількість навчальних ітерацій. Це допомагає контролювати тривалість тренування та забезпечити оптимальне навчання моделі:

(4.1)

6. Кількість класів, вказаних в параметрі «*Classes = 1*», відображає кількість різних типів об'єктів, які алгоритм здатний виявити. У цьому випадку модель спрямована на виявлення пухлин, проте без подальшої детальної класифікації.

7. Параметр «*Filters = 18*» необхідно встановити для кожного згорткового шару перед шаром YOLO. Усього вказується кількість фільтрів, що

використовуються у відповідному згортковому шарі. Фільтри – це невеликі матриці вагів з однаковими розмірами, які використовуються для виявлення візуальних особливостей в зображеннях. Кількість фільтрів розраховується відповідно до потреб архітектури мережі:

(4.2)

Модель YOLO-V4 для виявлення пухлин була навчена на платформі Google Colab, що забезпечує доступ до значних обсягів обчислювальної потужності та пам'яті, використовуючи графічний процесор V100. Процес тренування тривав 12 годин. На рис. 4.3 показані зміни функції втрат протягом перших 3000 ітерацій.

Для оцінки результатів навчання моделі необхідно провести її тестування. В тестуванні використовувалося 82 тестові зображення, які модель раніше не бачила. Найкращий результат було досягнуто після 3500 ітерацій:

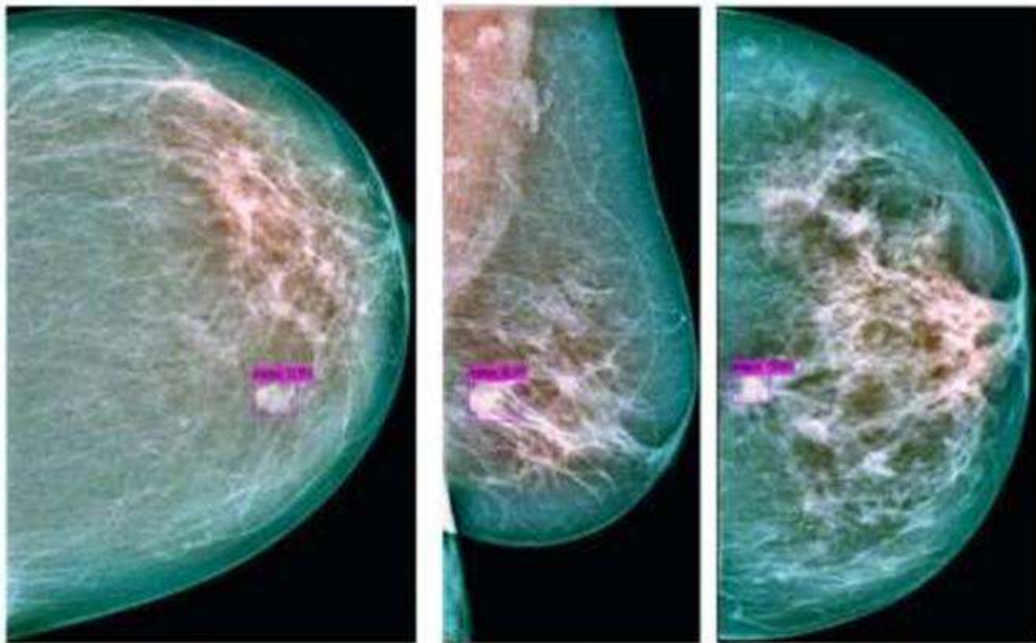


Рисунок 4.3 – Мамограми із тестової вибірки із виявленими пухлинами

1. Влучність (precision) = 93% – ця метрика оцінює кількість правильних передбачень серед усіх передбачень моделі. Вона визначається як відношення

правильно передбачених (true positive) значень до загальної кількості передбачених значень.

2. Повнота (recall) = 82% – ця метрика показує, наскільки ефективно модель виявляє позитивні екземпляри вибірки. Вона визначається як відношення правильно передбачених значень до загальної кількості позитивних значень у вибірці.

3. mAP (mean average precision) = 86.6% – ця метрика використовується для оцінки алгоритмів виявлення об'єктів та надає загальну оцінку роботи моделі, комбінуючи значення влучності та повноти.

На рисунку 4.3 показані приклади мамограм з тестового набору разом з передбаченнями, зробленими за допомогою моделі YOLO-V4.

4.3 Навчання моделі нейромережі Inception-V3

Перед початком навчання моделі Inception-V3 розміри зображень були змінені до 250×250. Для проведення багатокласової класифікації модель було змодифіковано шляхом видалення верхніх шарів та додавання двох повнозв'язних шарів.

Перший з цих шарів має 896 нейронів та використовує функцію активації ReLU. Ця функція активації довела свою ефективність у штучних нейронних мережах, оскільки дозволяє забезпечити нелінійність у моделі. Її ефективність полягає у тому, що лише певна частина нейронів буде активована в кожен момент часу, тоді як інші залишаться неактивними. Це дозволяє моделі виражати складні залежності між вхідними та вихідними даними. Математично ReLU визначається наступним чином:

$$(4.3)$$

де z – результат лінійної операції.

Також застосовувалася регуляризація для запобігання перенавчанню моделі та покращення її здатності до узагальнення. Було обрано використання L2 регуляризації з коефіцієнтом регуляризації 0,01. Основна ідея L2 регуляризації полягає у включенні штрафного члена до функції втрат, що спонукає модель до уникнення великих значень вагових коефіцієнтів. Цей штрафний член обчислюється як сума квадратів всіх вагових коефіцієнтів моделі, помножена на коефіцієнт регуляризації λ . Математично це можна виразити так:

(4.4)

де λ – коефіцієнт регуляризації;

w – вагові коефіцієнти.

Другий доданий шар складається з 4 нейронів і використовує функцію активації `softmax`, яка застосовується у задачах багатокласової класифікації. Результатом цієї функції є вектор ймовірностей для кожного класу, які знаходяться у діапазоні від 0 до 1. Формула функції `softmax` виглядає так:

(4.5)

де z – вхідний вектор, що містить N елементів;

z_i – i -тий член вхідного вектора;

– нормалізуючий член, що необхідний для того, щоб значення вхідного вектору в результаті операції, сумувалися і одиницю.

Для процесу навчання використовувався оптимізатор Adam із коефіцієнтом швидкості навчання 0,0007. Adam – це алгоритм оптимізації, що ґрунтується на градієнтному спуску, який дозволяє прискорити процес навчання моделі за рахунок його здатності автоматично налаштовувати значення коефіцієнта швидкості навчання під час тренування нейронної мережі. Модель для класифікації пухлин Inception-V3 була навчена в середовищі Google Colab за

допомогою графічного процесора T4 протягом 200 ітерацій. У результаті отримано такі показники: точність - 82,61%, влучність - 90%, повнота - 78,26%.

4.4 Інтерфейс користувача системи

Для можливості взаємодії з системою був створений користувацький інтерфейс. Він розроблявся з використанням мови програмування Python у середовищі PyCharm.



Рисунок 4.4 – Кнопка для вибору мамограми

Почати роботу з інтерфейсом можна, натиснувши на кнопку «Обрати зображення» (рис. 4.4) та вибравши потрібну мамограму для аналізу (рис. 4.5).

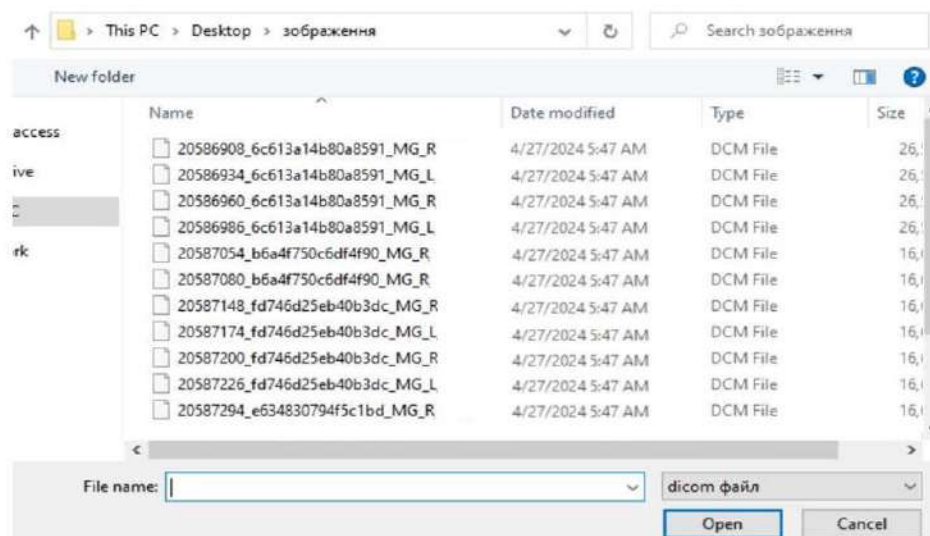


Рисунок 4.5 – Вибір файлу після натиснення відповідної кнопки

Після вибору зображення воно буде відображено у вікні програми (рис. 4.6). Для проведення аналізу необхідно натиснути кнопку «Проаналізувати». Процес аналізу займе приблизно 20-30 секунд, після чого буде відображено оригінальне зображення із виявленими пухлинами (рис. 4.7).

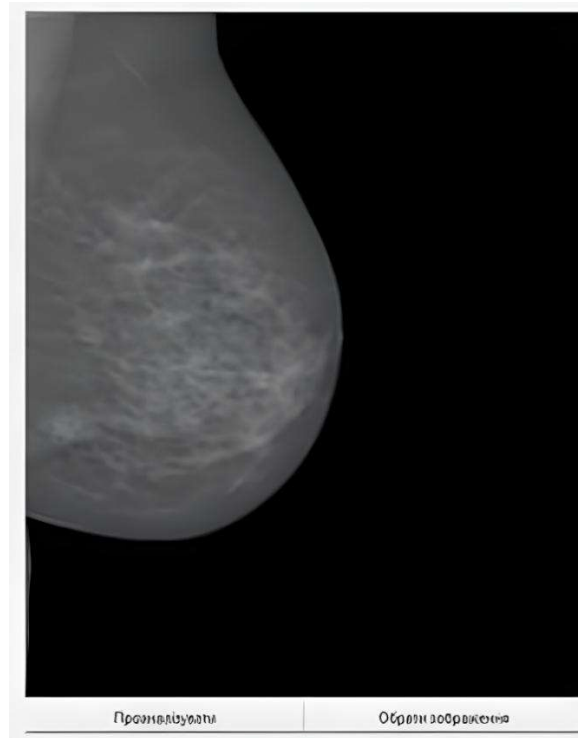


Рисунок 4.6 – Початок аналізу зображення



Рисунок 4.7 – Результат аналізу зображення

Після аналізу мамограми внизу з'явиться кнопка "Завантажити зображення". При натисканні на неї відкриється вікно для вибору папки, у яку буде збережено зображення (рис. 4.8). Після вибору папки зображення буде збережено у ній (рис. 4.9).

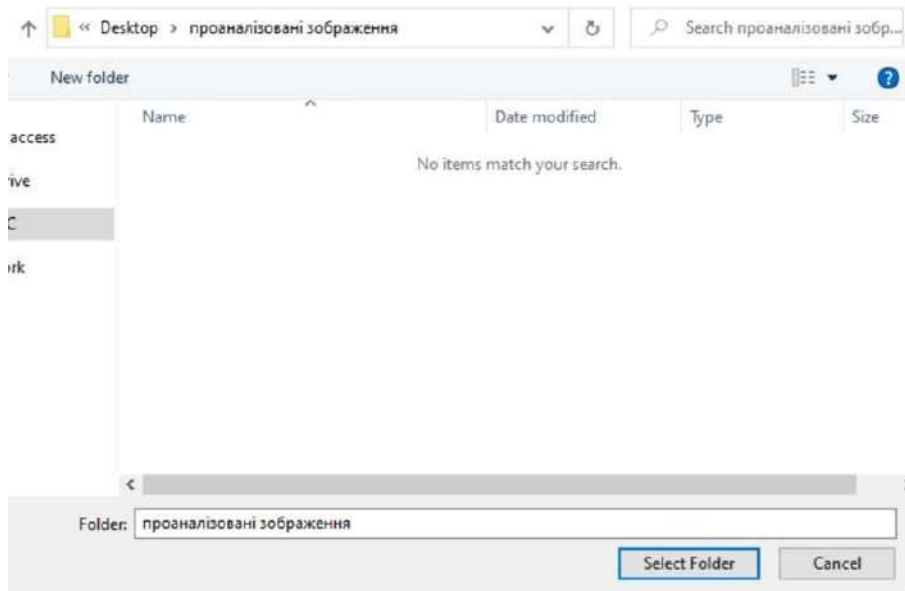


Рисунок 4.8 – Вибір папки для збереження проаналізованого зображення

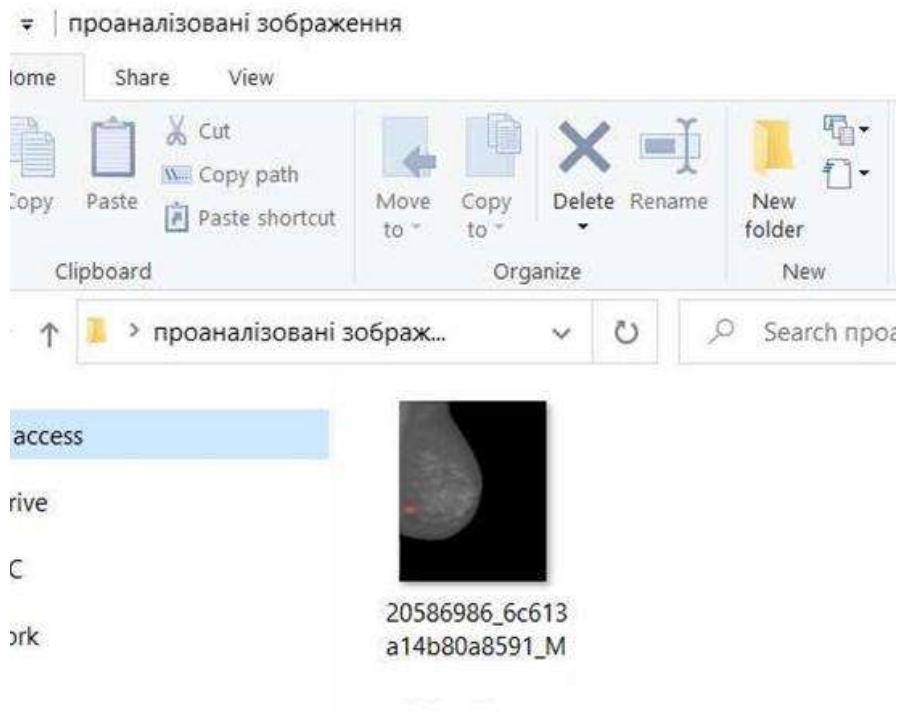


Рисунок 4.9 – Проаналізоване зображення збережено у обраній папці

4.5 Висновки

У розділі детально описано процес підготовки даних, навчання моделей та створення користувацького інтерфейсу. Попередня обробка даних включає в себе обробку зображень та аугментацію тренувального набору. Обробка мамограм має на меті виділення пухлин на тлі навколишніх тканин, а аугментація даних забезпечує розширення набору зображень, що допомагає у запобіганні перенавчання та покращує загальну здатність моделей до узагальнення. Ці кроки сприяють досягненню кращих результатів роботи моделей.

Було проведено навчання двох моделей: YOLO-V4 для виявлення пухлин та Inception-V3 для їх класифікації. Результати навчання YOLO-V4 показали високі показники: влучність 93%, повнота 82%, mAP 86,6%. Для Inception-V3 були отримані такі результати: точність 82,61%, влучність 90%, повнота 78,26%.

Для зручної взаємодії з системою та відображення результатів був розроблений користувацький інтерфейс. Він надає можливість перегляду оригінальних та проаналізованих зображень, а також збереження результатів аналізу.

ВИСНОВКИ

У роботі за результатами виконаних теоретичних та практичних досліджень створено, вдосконалено методів і алгоритмів для опрацювання, класифікації, сегментації та оцінки біомедичних зображень з високою точністю.

У першому розділі проаналізовано поширення раку молочної залози і показано, що рак молочної залози є одним з найнебезпечніших видів раку з високим рівнем смертності. Однак рання діагностика може зменшити кількість смертей. Обговорюється процес розпізнавання раку молочної залози. Зроблено огляд існуючих систем розпізнавання раку молочної залози. В даний час найбільш поширеними методами розпізнавання і діагностики раку молочної залози є методи, засновані на машинах опорних векторів і штучних нейронних мережах. На жаль, більшість з них покладаються на точність моделей в діагностиці раку молочної залози. Однак не менш важливим фактором у визначенні найбільш підходящої моделі є чутливість, оскільки вона визначає, наскільки добре модель ідентифікує злоякісні пухлини. Проаналізовано основні методи виявлення раку молочної залози.

У другому розділі проаналізовано ключові методи та алгоритми на різних рівнях комп'ютерного зору, вивчено біомедичні зображення і системи автоматизованої мікроскопії. Досліджено існуючі методи і алгоритми оброблення зображень на низькому, середньому та високому рівнях комп'ютерного зору. Виокремлено їх позитивні та негативні сторони, що сприяло створенню ефективних алгоритмів для обробки біомедичних зображень у системах автоматизованої мікроскопії. Проведено аналіз біомедичних зображень на підставі визначених критеріїв, виправдано важливість обробки гістологічних і цитологічних зображень у системах автоматизованої мікроскопії для діагностики онкологічних захворювань. Вивчено сучасні програмні засоби для обробки, аналізу та класифікації зображень за визначеними критеріями, в результаті чого було виявлено їх переваги та недоліки. Це надало можливість використовувати функціонал цих засобів у розробці інтелектуальної САМ.

У третьому розділі розглянуто структуру та особливості штучних нейронних мереж, зокрема їхня роль у розв'язанні завдань обробки зображень. Згорткові нейронні мережі (CNN) виявляються надзвичайно потужним інструментом у сфері комп'ютерного зору та обробки зображень. Їхній успіх полягає у тому, що вони вдаються до використання спеціальних шарів, званих згортковими шарами, які дозволяють автоматично визначати та виділяти важливі ознаки у вхідних зображеннях. Після згорткових шарів вони використовують пулінгові шари для зменшення розміру отриманих зображень та залишають лише найважливіші ознаки. Побудовано модель, яка є потужним класифікатором зображень. Її основна концепція полягає в тому, щоб одночасно використовувати ядра різних розмірів для агрегації інформації з різних просторових масштабів. Це дозволяє моделі виявляти більше ознак та забезпечує більш точну класифікацію під час навчання та використання. Досліджено метричний підхід для кількісної оцінки якості сегментації, що ґрунтується на метриках Громова-Хаусдорфа та Громова-Фреше. Цей метод використовує алгоритми перетворення непрямокутних полігонів на опуклі та алгоритм зважених хорд. Це дозволило визначити мінімальні відстані між контурами та зонами зображень, що призвело до покращення точності оцінки результатів сегментації. Створено метод автоматичного вибору алгоритмів сегментації, що ґрунтується на метриках Громова-Фреше та Громова-Хаусдорфа. Це дозволило автоматично вибирати алгоритми сегментації та їх параметри. Досліджено метод адаптивного оброблення зображень, який базується на алгоритмах фільтрації та правил гістограмного вирівнювання.

У четвертому розділі описано процес підготовки даних, навчання моделей та створення користувацького інтерфейсу. Попередня обробка даних включає в себе обробку зображень та аугментацію тренувального набору. Обробка мамограм має на меті виділення пухлин на тлі навколишніх тканин, а аугментація даних забезпечує розширення набору зображень, що допомагає у запобіганні перенавчання та покращує загальну здатність моделей до узагальнення. Ці кроки сприяють досягненню кращих результатів роботи моделей. Проведено навчання

двох моделей: YOLO-V4 для виявлення пухлин та Inception-V3 для їх класифікації. Результати навчання YOLO-V4 показали високі показники: влучність 93%, повнота 82%, mAP 86,6%. Для Inception-V3 були отримані такі результати: точність 82,61%, влучність 90%, повнота 78,26%.

На основі досліджень зображень молочної залози в передракових та ракових станах було створено базу даних для автоматизованої системи. В результаті було підвищено точність результатів сегментації та покращено якість гістологічних і цитологічних зображень.

За темою кваліфікаційної роботи опубліковане одне наукове видання: Сіпайло А.О. Кіберфізична система діагностики раку молочної залози з використанням нейромережі / Стан, досягнення та перспективи інформаційних систем і технологій // Матеріали XXIV Всеукраїнської науково-технічної конференції молодих вчених, аспірантів та студентів. Одеса, 18-19 квітня 2024 р. – Одеса, Видавництво ОНТУ, 2024 р. – С. 470.

ПЕРЕЛІК ПОСИЛАНЬ

1. Aboutalib S. S. Deep Learning to Distinguish Recalled but Benign Mammography Images in Breast Cancer Screening. *Clinical Cancer Research*. 2020. №24. P. 5902–5909.
2. Al-antari M. A. A fully integrated computer-aided diagnosis system for digital X-ray mammograms via deep learning detection, segmentation, and classification. *International Journal of Medical Informatics*. 2018. №117. P. 44–54.
3. Anthimopoulos M., Mougiakakou S. Lung Pattern Classification for Interstitial Lung Diseases Using a Deep Convolutional Neural Network. *IEEE Transactions on Medical Imaging*. 2019. № 5. P. 1207–1216.
4. Balasamy K., Ramakrishnan S. An intelligent reversible watermarking system for authenticating medical images using Wavelet and PSO. *Cluster Computing*. 2019. Vol. 22, № 2. P. 4431–4442.
5. Balasamy K., Shamia D. Feature Extraction-based Medical Image Watermarking Using Fuzzy-based Median Filter. *IETE Journal of Research*. 2021. №1. P. 1–9.
6. Brand J. S. Automated Measurement of Volumetric Mammographic Density: A Tool for Widespread Breast Cancer Risk Assessment. *Cancer Epidemiology, Biomarkers & Prevention*. 2019. №23. P. 1764–1772.
7. Civit-Masot J., Luna-Perejón F. Deep Learning System for COVID-19 Diagnosis Aid Using X-ray Pulmonary Images. *Applied Sciences*. 2020. № 13. P. 46–54.
8. Debnath S. K. Image processing and machine learning techniques used in computer-aided detection system for mammogram screening – a review. *International Journal of Electrical and Computer Engineering*. 2020. №10. P. 123–129.
9. DiMasi J. A., Hansen R. H. G. The Price of Innovation: New Estimates of Drug Development Costs. *J Health Econ*. 2023. Vol. 22, № 2. P. 151–185.
10. Feng C. Structural Damage Detection using Deep Convolutional Neural Network and Transfer Learning. *KSCE Journal of Civil Engineering*. 2019. №23. P. 4493–4502.

11. Guo Y., Ashour A. S. Neutrosophic sets in dermoscopic medical image segmentation. *Neutrosophic Set in Medical Image Analysis. Elsevier.* 2019. P. 229–243.
12. Gustavo C.-V. Advances in Hyperspectral Image Classification: Earth Monitoring with Statistical Learning Methods. *IEEE Signal Processing Magazine.* 2021. № 3. P. 45 – 54.
13. Haskins G., Yan P. Deep learning in medical image registration: a survey. *Machine Vision and Applications.* 2020. № 1–2. P. 7–8.
14. Hassan N. M. Mammogram breast cancer CAD systems for mass detection and classification: a review. *Multimedia Tools and Applications.* 2022. №81. P. 20043–20075.
15. Janowczyk A., Madabhushi A. Deep learning for digital pathology image analysis: A comprehensive tutorial with selected use cases. *Journal of Pathology Informatics.* 2022. № 1. P. 27–29.
16. KeCun Y., Bengio Y., Hinton G. Deep learning. *Nature.* 2022. № 7553. P. 436–444.
17. Kowsari K., Sali R., Ehsan L. HMIC: Hierarchical Medical Image Classification. *A Deep Learning Approach. Information.* 2020. № 6. P. 315–318.
18. Krizhevsky A., Sutskever I., Hinton G. E. ImageNet classification with deep convolutional neural networks. *Communications of the ACM.* 2021. № 6. P. 84–90.
19. Lyashenko V. Contour Detection and Allocation for Cytological Images Using Wavelet Analysis Methodology. *International Journal of Advance Research in Computer Science and Management Studies.* 2020. Vol. 4(1). P. 85-94.
20. Mayo R. C. Reduction of False-Positive Markings on Mammograms: a Retrospective Comparison Study Using an Artificial Intelligence-Based CAD. *Journal of Digital Imaging.* 2019. №32. P. 618–624.
21. Merjulah R., Chandra J. Classification of Myocardial Ischemia in Delayed Contrast Enhancement Using Machine Learning. *Intelligent Data Analysis for Biomedical Applications. Elsevier.* 2019. №8. P. 209–235.

22. Rodriguez-Ruiz A. Stand-Alone Artificial Intelligence for Breast Cancer Detection in Mammography: Comparison With 101 Radiologists. *JNCI: Journal of the National Cancer Institute*. 2019. №111. P. 916–922.
23. Samala R. K., Chan H.-P., Hadjiiski L. M. Deep-learning convolution neural network for computer-aided detection of microcalcifications in digital breast tomosynthesis. *Tourassi armato*. 2022. №12. P. 9–15.
24. Segundo A. P. A System Based on Artificial Neural Networks for Automatic Classification of Hydro-generator Stator Windings Partial Discharges. *Journal of Microwaves, Optoelectronics and Electromagnetic Applications*. 2019. №16. P. 628–645.
25. Soltaninejad M., Yang G. Supervised learning based multimodal MRI brain tumour segmentation using texture features from supervoxels. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*. 2018. №5. P. 69–84.
26. Sung H. Global Cancer Statistics 2022: GLOBOCAN Estimates of Incidence and Mortality Worldwide for 36 Cancers in 185 Countries. *CA: A Cancer Journal for Clinicians*. 2023. №71. P. 209–249.
27. Wang Z. Image quality assessment: From error visibility to structural similarity. *IEEE Transactions on Image Processing*. 2023. Vol. 13, №4. P. 600–612.
28. Березький О. М. База даних цифрових гістологічних та цитологічних зображень передракових та ракових станів молочної залози «ВРСІ2100». Свідоцтво про реєстрацію авторського права на твір №75359 від 14.12.2022 р.
29. Березький О. М. Segmentation algorithms of biomedical images: development and quantitative evaluation. *Штучний інтелект*. Київ. 2022. №3 (73). С. 104–116.
30. Березький О. М. Аналіз метрик знаходження відстані між областями зображень для кількісної оцінки результатів сегментації. ISDMCI'2022. XII міжнародна наукова конференція. Інтелектуальні системи прийняття рішень та проблеми обчислювального інтелекту. 24-28 травня 2021 р. Херсон: Видавництво ПП Вишемирський В. С. 2021. С. 252-253.

31. Березький О.М. Методи, алгоритми та програмні засоби опрацювання біомедичних зображень: монографія. Тернопіль. *ТНЕУ «Економічна думка»*. 2020. 330 с.
32. Березький О.М. Синтез альтернативних рішень при структурному проектуванні систем автоматизованої мікроскопії. *Науковий вісник Українського державного лісотехнічного університету*. 2019. Т. 19(5), № 23. С. 258–268.
33. Березький О.М. Системи автоматизованої мікроскопії: стан та перспективи розвитку. *Вісник Хмельницького національного університету*. 2019. №2(235). С. 61-68.
34. Березький О.М. Текстурна сегментація біомедичних зображень на основі просторових моментів. *Матеріали 4-ї Міжнародної «Комп'ютерні науки та інформаційні технології 2019» науково-технічної конференції*. Львів. 2019. С. 42–45.
35. Бодянський Є.В. Послідовне нечітке кластерування на основі нейро-фаззі підходу. *Радіоелектроніка, інформатика, управління*. 2019. № 3. С. 30-38.
36. Бондіна Н.М. Порівняння алгоритмів фільтрації медичних зображень за оцінками їх якості. *Вісник НТУ «ХПІ»*. Серія: Інформатика та моделювання. – Харків: НТУ «ХПІ». 2020. № 39 (1012). С. 15 – 21.
37. Добровська Л.М. Комбінація локальної порогової бінаризації та машинного навчання для класифікації пухлин молочної залози. *Біомедична інженерія і технології*. 2022. №5 С. 25–37.
38. Дубчак Л.О. Телемедицина: сучасний стан та перспективи розвитку. *Системи обробки інформації*. 2019. № 1(47). С. 144–146.
39. Марченко О.О., Россада Т.В. Актуальні проблеми Data Mining: Навчальний посібник для студентів факультету комп'ютерних наук та кібернетики. Київ. 2023. №5. С. 150
40. Медиковський М.О. Інтелектуальні компоненти інтегрованих автоматизованих систем управління: монографія. Львів: *Видавництво Львівської політехніки*. 2022. 280 с.

41. Мельник Г.М. Метод знаходження точок на контурах біомедичної природи. *Вісник Національного університету «Львівська політехніка» Комп'ютерні науки та інформаційні технології*. 2021. № 7. С. 2.
42. Мельник Г.М. Метод і алгоритми аналізу симетричних зображень. *Штучний інтелект*. 2020. № 4. С. 253–261.
43. Момоток Л.О. Основи медичної інформатики. К: Підручник, 2018. С. 166–168.
44. Пелешко Д.Д. Метод збільшення роздільної здатності зображень на основі штучних нейронних мереж. *Вісник Львівського державного університету безпеки життєдіяльності*. 2023. №11. С. 47-56.
45. Піцун О.Й. Адаптивний метод попередньої обробки гістологічних та цитологічних зображень. *Вісник НУ «Львівська політехніка» Комп'ютерні науки та інформаційні технології*. 2019. №64. С. 111–119.
46. Піцун О.Й. Комп'ютерна програма «Інтелектуальна система діагностування передракових станів молочної залози на основі аналізу гістологічних та цитологічних зображень «HIAMS». Свідоцтво про реєстрацію авторського права на твір №75360 від 14.12.2022 р.
47. Піцун О.Й. Модуль авторизації та аутентифікації користувачів системи автоматизованої мікроскопії. Сучасні комп'ютерні інформаційні технології: *Матеріали VI Всеукраїнської школи-семінару молодих вчених і студентів* 20-21 травня, 2016р. Тернопіль: ТНЕУ. 2021. С. 129–130.
48. Рисована Л.М. Візуалізація медико-біологічних даних. Обробка й аналіз медичних зображень «Медична інформатика». Харків: ХНМУ. 2022. С. 23.
49. Романенко І.О. Аналіз ефективності сучасних методів сегментації цифрових зображень. *Системи обробки інформації*. 2019. № 3 (140) С. 172-174.
50. Сіпайло А.О. Кіберфізична система діагностики раку молочної залози з використанням нейромережі. *Стан, досягнення та перспективи інформаційних систем і технологій. Матеріали XXIV Всеукраїнської науково-технічної конференції молодих вчених, аспірантів та студентів*. Одеса, 18-19 квітня 2024 р. Одеса: Видавництво ОНТУ. 2024. С. 470.

51. Ткаченко Р. О. Нейроподібні методи, алгоритми та структури обробки сигналів і зображень у реальному часі: монографія. Львів: *Видавництво Львівської політехніки*. 2021. С.125–137.
52. Яровий А.А. Паралельно-ієрархічне перетворення прямоподібних зображень на основі GPU-орієнтованої апаратної платформи. *Вісник Хмельницького національного університету: Технічні науки*. 2021. №6(219). С. 127-133.
53. Яровий А.А. Проектування системи цифрової корекції та підвищення якості растрових зображень у сфері рентгенографії. *Інформаційні технології та комп'ютерна інженерія*. 2019. №1(38). С. 72–77.
54. Яровий А.А. Проектування системи цифрової корекції та підвищення якості растрових зображень у сфері рентгенографії. *Інформаційні технології та комп'ютерна інженерія*. 2020. №1(38). С. 72-77.

ДОДАТОК А
(обов'язковий)

**ЛІСТИНГ ПРОГРАМНОГО ЗАБЕЗПЕЧЕННЯ КІБЕРФІЗИЧНОЇ
СИСТЕМИ ДІАГНОСТИКИ РАКУ МОЛОЧНОЇ ЗАЛОЗИ З
ВИКОРИСТАННЯМ НЕЙРОМЕРЕЖІ**

Модуль «Обробки та аугментацією зображень для тренування моделей машинного навчання, зокрема для діагностики раку молочної залози за допомогою медичних зображень».

```
import os
import random
import math
import cv2
import numpy as np
from PIL import Image
import pydicom
import xml.etree.ElementTree as ET

def augment_training_images(images):
    def flip_image(image, axis):
        return cv2.flip(image, axis)

    def rotate_image(image):
        angle = random.randint(-170, 170)
        return rotate_image_by_angle(image, angle)

    def rotate_image_by_angle(image, angle):
        height, width = image.shape[:2]
        rotation_matrix = cv2.getRotationMatrix2D((width / 2, height / 2), angle, 1)
        return cv2.warpAffine(image, rotation_matrix, (width, height))

    def brighten_image(image):
        brightness_factor = random.randint(-30, 60)
        brightened_image = np.clip(image.astype(np.int16) + brightness_factor, 0, 255).astype(np.uint8)
        return brightened_image

    def shift_image(image):
        height, width = image.shape[:2]
        shift_x = random.randint(int(-width/4), int(width/4))
        shift_y = random.randint(int(-height/4), int(height/4))
        shift_matrix = np.float32([[1, 0, shift_x], [0, 1, shift_y]])
```

```

    return cv2.warpAffine(image, shift_matrix, (width, height))

augmented_images = []
for image in images:
    flipped_v = flip_image(image, 0)
    flipped_d = flip_image(image, -1)
    flipped_h = flip_image(image, 1)
    rotated_first = rotate_image(image)
    rotated_second = rotate_image(image)
    brightened_first = brighten_image(image)
    brightened_second = brighten_image(image)
    shifted_first = shift_image(image)
    shifted_second = shift_image(image)
    augmented_images.extend([flipped_v, flipped_d, flipped_h,
rotated_first, rotated_second,
                                brightened_first,
brightened_second, shifted_first, shifted_second])
    return images + augmented_images

def augment_training_classes(classes):
    augmented_classes = []
    for _ in range(len(classes)):
        augmented_classes.extend(classes * 9)
    return classes + augmented_classes

def split_dataset(images, labels):
    train_amount = math.ceil(len(images) * 0.80)
    indices = list(range(len(images)))
    random.shuffle(indices)
    train_indices, test_indices = indices[:train_amount],
indices[train_amount:]
    train_images, test_images, train_labels, test_labels = [], [],
[], []
    for index in train_indices:
        train_images.append(images[index])
        train_labels.append(labels[index])
    for index in test_indices:
        test_images.append(images[index])
        test_labels.append(labels[index])
    return train_images, test_images, train_labels, test_labels

def process_image(img_path, xml_path=None):
    try:
        img = pydicom.dcmread(img_path)
    except:
        return None, None
    normalized_img = normalize_image(img, 1)
    cropped_image, _, _, _ = crop_mammogram(normalized_img)
    if xml_path is None:
        return cropped_image, []
    segmentation_mask = process_xml_rois(xml_path,
normalized_img.shape)

```

```

    yolo_coords =
convert_segmentation_mask_to_yolo_format(segmentation_mask,
cropped_image.shape, normalized_img.shape)
    return cropped_image, yolo_coords

def normalize_image(image, max_pixel_value):
    img_pixel_array = np.array(image.pixel_array)
    normalized = (img_pixel_array.astype(np.float32) /
img_pixel_array.max()) * max_pixel_value
    return normalized

def crop_mammogram(img):
    normalized_pixel_array = cv2.normalize(img, None, 0, 255,
cv2.NORM_MINMAX, cv2.CV_8U)
    _, binary_img = cv2.threshold(normalized_pixel_array, 128, 255,
cv2.THRESH_BINARY | cv2.THRESH_OTSU)
    kernel = cv2.getStructuringElement(cv2.MORPH_ELLIPSE, (18, 18))
    binary_img = cv2.morphologyEx(binary_img, cv2.MORPH_DILATE,
kernel)
    contours, _ = cv2.findContours(binary_img, cv2.RETR_EXTERNAL,
cv2.CHAIN_APPROX_SIMPLE)
    breast_contour = max(contours, key=cv2.contourArea)
    breast_rect = cv2.boundingRect(breast_contour)
    cropped_img = img[breast_rect[1]:breast_rect[1]+breast_rect[3],
breast_rect[0]:breast_rect[0]+breast_rect[2]]
    return cropped_img, breast_rect[0],
breast_rect[0]+breast_rect[2], breast_rect[1],
breast_rect[1]+breast_rect[3]

def process_xml_rois(xml_filepath, img_shape=(4084, 3328)):
    def xml_to_dict(xml_filepath):
        xml_tree = ET.parse(xml_filepath)
        inner_xml_dicts = xml_tree.findall('.//dict')[2:] #
interested only in xml dict roi values
        result = []
        for xml_dict in inner_xml_dicts:
            subtree = iter(list(xml_dict.iter())[1:])
            sub_dict = {}
            for child in subtree:
                if child.tag == 'key':
                    key = child.text
                else:
                    if child.tag != 'array':
                        value = child.text
                    else:
                        value = []
                        for subchild in child:
                            value.append(subchild.text)
            next(subtree)
            sub_dict[key] = value
            result.append(sub_dict)
        return result

```

```

def convert_points_to_tuple_array(points):
    return [(float(value.split(',')[1].strip()),
float(value.split(',')[0].strip())) for value in points]

mask = np.zeros(img_shape)
rois = xml_to_dict(xml_filepath)
finding_id = 1
for roi in rois:
    if roi['Name'] is not None and roi['Name'] == 'Mass':
        points = convert_points_to_tuple_array(roi['Point_px'])
        poly_x, poly_y = polygon(*zip(*points), shape=img_shape)
        mask[poly_x, poly_y] = finding_id
        finding_id += 1
return mask

def convert_segmentation_mask_to_yolo_format(segmentation_mask,
cropped_shape, original_shape):
    def convert_display_box_to_yolo_box(bbox, cropped_shape,
original_shape):
        img_height, img_width = cropped_shape[:2]
        x, y, w, h = bbox
        x_center = (x + w / 2) / img_width
        y_center = (y + h / 2) / img_height
        w = w / img_width
        h = h / img_height
        return x_center, y_center, w, h

    def convert_yolo_coords_to_display_coords(yolo_coords,
cropped_shape, original_shape):
        img_width, img_height = cropped_shape
[1], cropped_shape[0]
        boxes_coords = []
        for coords in yolo_coords:
            x_center, y_center, width, height = coords[1],
coords[2], coords[3], coords[4]
            width_pixels = width * img_width
            height_pixels = height * img_height
            x_anchor = x_center * img_width - (width_pixels / 2)
            y_anchor = y_center * img_height - (height_pixels / 2)
            boxes_coords.append([x_anchor, y_anchor, width_pixels,
height_pixels])
        return boxes_coords

    yolo_coords = []
    findings_amount = len(np.unique(segmentation_mask)) - 1
    for i in range(findings_amount):
        mask = segmentation_mask.copy()
        mask[mask != i + 1] = 0
        contours, _ = cv2.findContours(mask.astype(np.uint8),
cv2.RETR_EXTERNAL, cv2.CHAIN_APPROX_SIMPLE)
        if len(contours) != 0:
            x, y, w, h = cv2.boundingRect(contours[0])

```

```

        x_center, y_center, w, h =
convert_display_box_to_yolo_box([x, y, w, h], cropped_shape,
original_shape)
        w *= 1.01
        h *= 1.01
        coords = [0, x_center, y_center, w, h]
        yolo_coords.append(coords)
    return yolo_coords

def save_processed_data(images, labels, images_folder,
labels_folder):
    os.makedirs(images_folder, exist_ok=True)
    os.makedirs(labels_folder, exist_ok=True)
    for i, (image, label) in enumerate(zip(images, labels)):
        img_path = os.path.join(images_folder, f'image_{i}.png')
        label_path = os.path.join(labels_folder, f'image_{i}.txt')
        img = Image.fromarray(image, mode='RGB')
        img.save(img_path)
        with open(label_path, 'w') as file:
            if not isinstance(label, list):
                file.write(str(label))
            else:
                for labl in label:
                    file.write(' '.join(map(str, labl)) + '\n')

```

Модуль «Користувацький інтерфейс».

```

import os
import cv2
import numpy as np
import pydicom
from tkinter import *
from tkinter import filedialog
from keras.models import load_model
import tensorflow as tf
from keras.applications.inception_v3 import preprocess_input
from PIL import Image, ImageTk

class MammogramProcessor:
    def __init__(self):
        self.inception_model = load_model(os.path.join(os.getcwd(),
'inceptionv3_checkpoint.h5'))
        self.filename = None
        self.display_image = None
        self.original_dicom_image = None
        self.processed_image = None
        self.window = Tk()
        self.process_button = Button(self.window,
text="Проаналізувати", command=self.process_image, padx=10)
        self.upload_button = Button(self.window, text="Завантажити
зображення", command=self.upload_image, padx=10)
        self.image_label = Label(self.window, image=None)
        self.window.title("Виявлення раку молочної залози")
        self.window.geometry("1200x700")
        self.main_label = Label(self.window, text="Натисніть на
кнопку для того, щоб обрати мамограму", font='Arial 16 bold')
        self.main_label.pack(pady=15)
        self.open_button = Button(self.window, text="Обрати
зображення", command=self.open_image, padx=10)
        self.open_button.pack()
        self.window.mainloop()

    def open_image(self):
        filepath = filedialog.askopenfilename(title="Оберіть
мамограму",
filetypes=(("dicom
файл", "*.dcm"), ("png файл", "*.png")))
        self.filename = os.path.basename(filepath).split(".")[0]
        self.original_dicom_image = pydicom.dcmread(filepath)
        normalized = self.normalize_image(self.original_dicom_image,
255).astype(np.uint8)
        resized = cv2.resize(normalized, (int(normalized.shape[1] /
7), int(normalized.shape[0] / 7)))
        self.display_image = Image.fromarray(resized)
        self.window.config(width=self.display_image.width,
height=self.display_image.height + 50)
        self.display_image = ImageTk.PhotoImage(self.display_image)

```

```

self.image_label.configure(image=self.display_image)
self.image_label.image = self.display_image
self.image_label.pack(pady=15)
self.main_label.destroy()
self.upload_button.place_forget()
self.process_button.place(in_=self.image_label, relx=0,
rely=1.0, y=5, relwidth=0.5, anchor="nw")
self.open_button.pack_forget()
self.open_button.place(in_=self.image_label, relx=1.0,
rely=1.0, y=5, relwidth=0.5, anchor="ne")

def process_image(self):
    normalized = self.normalize_image(self.original_dicom_image,
1)
    self.display_image =
self.normalize_image(self.original_dicom_image,
255).astype(np.uint8)
    self.display_image = cv2.merge((self.display_image,
self.display_image, self.display_image))
    cropped_image, start_crop_x, end_crop_x, start_crop_y,
end_crop_y = self.crop_mammogram(normalized)
    three_channel =
self.create_three_channel_image(cropped_image)
    indices, boxes = self.detect(three_channel)
    if len(indices) > 0:
        for i in indices.flatten():
            (x, y, w, h) = boxes[i][0], boxes[i][1],
boxes[i][2], boxes[i][3]
            roi = self.crop_roi(three_channel, [x, y, w, h])
            roi = self.preprocess_roi(roi)
            bi_rads = self.classify(self.inception_model, roi)
            x += start_crop_x
            y += start_crop_y
            cv2.rectangle(self.display_image, (x, y), (x + w, y
+ h), (255, 0, 0), 10)
            cv2.putText(self.display_image, bi_rads, (x - 40, y
- 20),
                                cv2.FONT_HERSHEY_SIMPLEX, 2, (255, 0,
0), 5)
            self.processed_image = self.display_image
            resized = cv2.resize(self.display_image,
(int(self.display_image.shape[1] / 7),
int(self.display_image.shape[0] / 7)))
            self.display_image = Image.fromarray(resized)
            self.display_image = ImageTk.PhotoImage(self.display_image)
            self.image_label.configure(image=self.display_image)
            self.image_label.image = self.display_image
            self.process_button.place_forget()
            self.upload_button.place(in_=self.image_label, relx=0,
rely=1.0, y=5, relwidth=0.5, anchor="nw")

def upload_image(self):
    directory = filedialog.askdirectory()

```

```
        save_img = Image.fromarray(self.processed_image)
        save_img.save(f"{directory}/{self.filename}.png")

    @staticmethod
    def detect(image):
        # Implementation of the detect method
        pass

    @staticmethod
    def classify(inception_model, roi):
        # Implementation of the classify method
        pass

    @staticmethod
    def preprocess_roi(image):
        # Implementation of the preprocess_roi method
        pass

    @staticmethod
    def normalize_image(image, max_pixel_value):
        # Implementation of the normalize_image method
        pass

    @staticmethod
    def crop_mammogram(img):
        # Implementation of the crop_mammogram method
        pass

    @staticmethod
    def create_three_channel_image(image):
        # Implementation of the create_three_channel_image method
        pass

    @staticmethod
    def crop_roi(image, bbox):
        # Implementation of the crop_roi method
        pass
```

ДОДАТОК Б

ДЕМОНСТРАЦІЙНІ МАТЕРІАЛИ ДО РОБОТИ

Слайд №1

КВАЛІФІКАЦІЙНА РОБОТА МАГІСТРА: Кіберфізична система діагностики раку молочної залози з використанням нейромережі

Виконав студент Сіпайло А.О.
Науковий керівник: д.т.н., професор Федоров Є.Є.

Слайд №2

Загальна характеристика роботи

Мета кваліфікаційної роботи полягає в створенні, вдосконаленні та розвитку методів і алгоритмів для опрацювання, класифікації, сегментації та оцінки біомедичних зображень з високою точністю.

Поставлена мета досягається розв'язанням таких **основних задач**:

- аналіз існуючих методів, алгоритмів та інструментів оброблення біомедичних зображень;
- розробка моделі автоматичного вибору алгоритмів сегментації та їх параметрів;
- розширення структури згорткової нейронної мережі для класифікації цитологічних та гістологічних зображень;
- створення бази даних гістологічних і цитологічних зображень передракових і ракових станів молочної залози.

Об'єкт дослідження – процеси оброблення цитологічних та гістологічних зображень.

Предмет дослідження – методи попереднього опрацювання зображення, кількісної оцінки сегментації, а також структура та моделі згорткових нейронних мереж.

Слайд №3

Загальна характеристика роботи

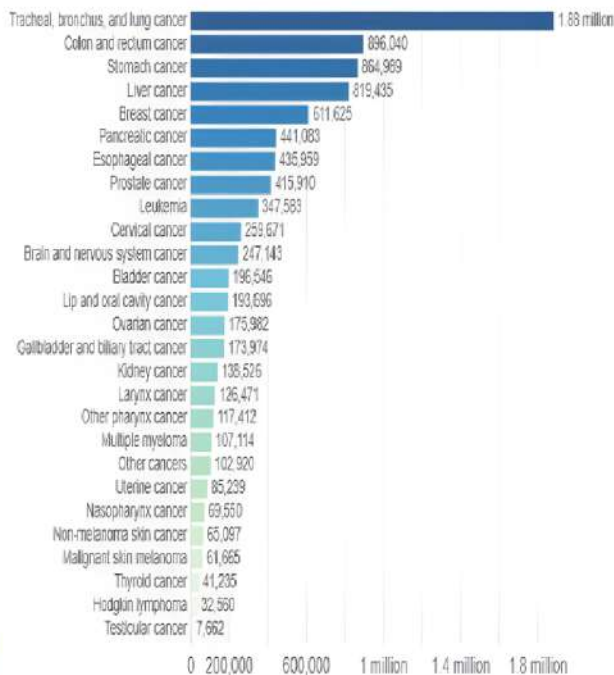
Наукова новизна отриманих результатів:

- набув подальшого розвитку метод метричної кількісної оцінки якості сегментації біомедичних зображень, для підвищення точності оцінки сегментації;
- набула подальшого розвитку модель автоматичного вибору алгоритмів сегментації біомедичних зображень, який застосовує метрики, базу знань та адаптацію алгоритмів до типу зображень для підвищення точності сегментації;
- удосконалено метод опрацювання цитологічних та гістологічних зображень, який забезпечує покращення якості зображень через застосування бази знань, алгоритмів фільтрації, правил гістограмного вирівнювання та адаптації до типу зображень.

Практична цінність отриманих результатів. Згідно з виконаним науковим дослідженням, із застосуванням відповідних методів та алгоритмів, була розроблена кіберфізична система з адаптивними алгоритмами обробки зображень та графічними інтерфейсами для різних категорій користувачів. На основі аналізу зображень передракових і ракових станів молочної залози створено базу даних для автоматизованої системи. Результати дослідження дозволяють підвищити точність оцінювання результатів сегментації та покращити якість гістологічних і цитологічних зображень.

Слайд №4

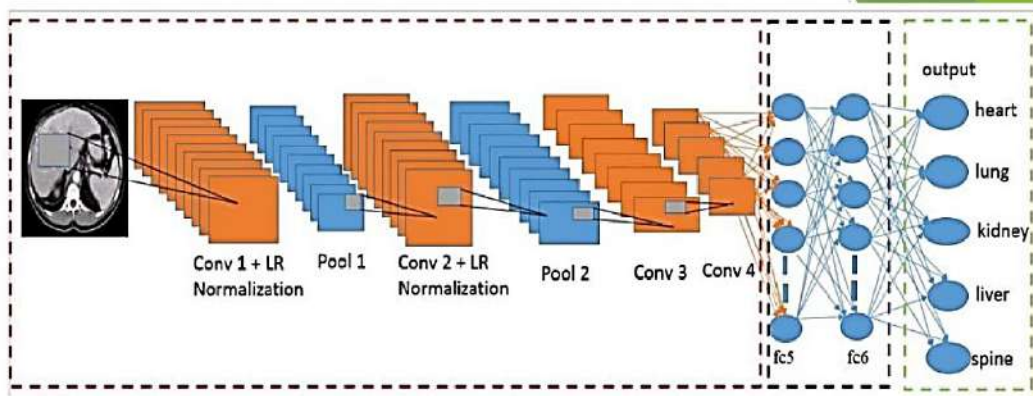
Показник летальних випадків від різних ракових захворювань



Рак молочної залози стоїть на першому місці серед онкологічних захворювань серед жінок, як у розвинених, так і в менш розвинених країнах. Згідно зі статистикою на 2023 рік, це захворювання відповідає за 11,6% всіх випадків раку та призводить до 6,5% смертей у всьому світі. Кількість смертей від раку молочної залози у 2023 році проілюстрована на слайді.

Слайд №5

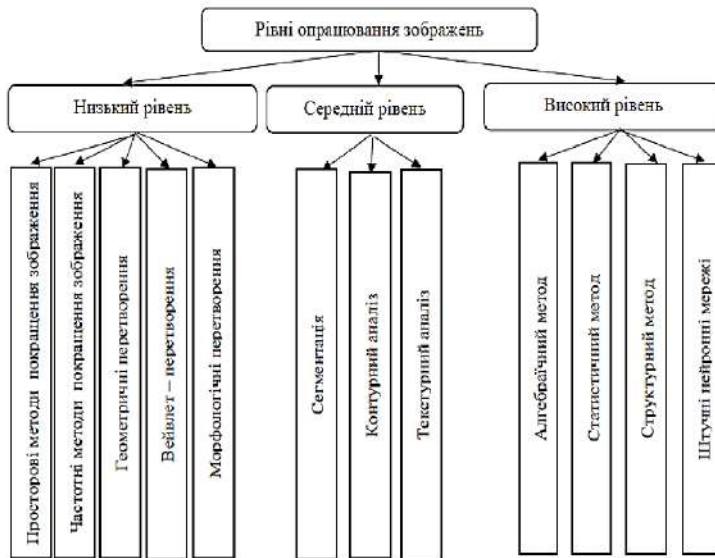
Архітектура згорткової мережі



Проведений експериментальний аналіз, в якому порівнювалися існуючі згорткові мережі LeNet, AlexNet і GoogleNet з запропонованою модифікованою згортковою мережею. Результати дослідження показали, що архітектура згорткової нейронної мережі перевершує три інші мережі в класифікації медичних зображень. Точність запропонованої моделі становить 81%, що вище, ніж у згорткових мереж LeNet, AlexNet і GoogleNet. Архітектура запропонованої моделі складається з чотирьох згорткових шарів, двох об'єднаних шарів і двох повнозв'язних шарів

Слайд №6

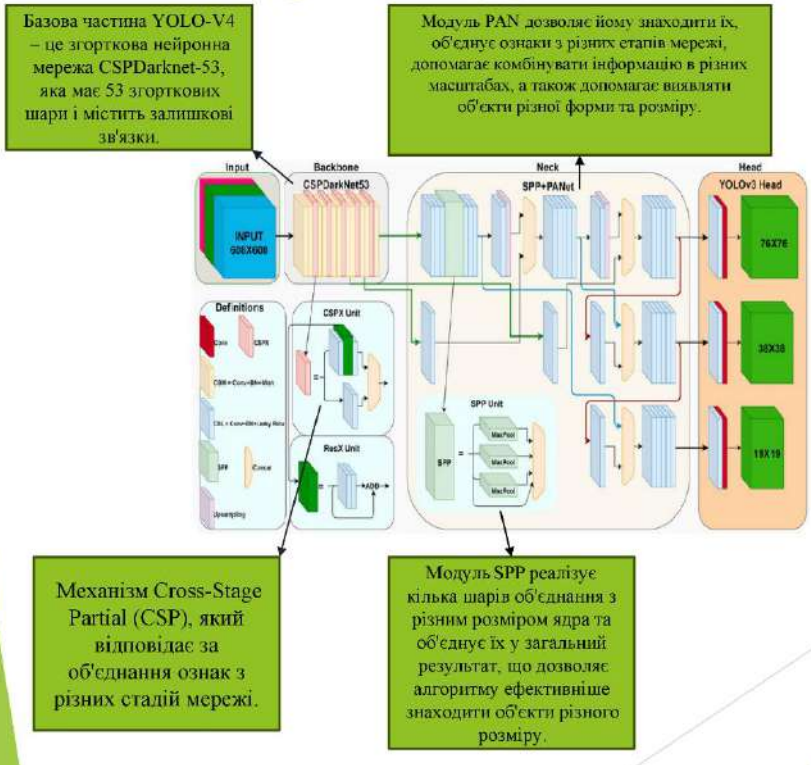
Рівні опрацювання зображень



Комп'ютерний зір — це наука та технологія, що зосереджена на створенні машин, які можуть відповідати за виявлення, відстеження та класифікацію об'єктів. Основні технології обробки зображень включають: попередню обробку, сегментацію, аналіз контурів та текстур, а також класифікацію та розпізнавання зображень. Ці етапи обробки зображень можна розділити на три рівні: нижній, середній і високий. Класифікацію рівнів комп'ютерного зору можна побачити на слайді.

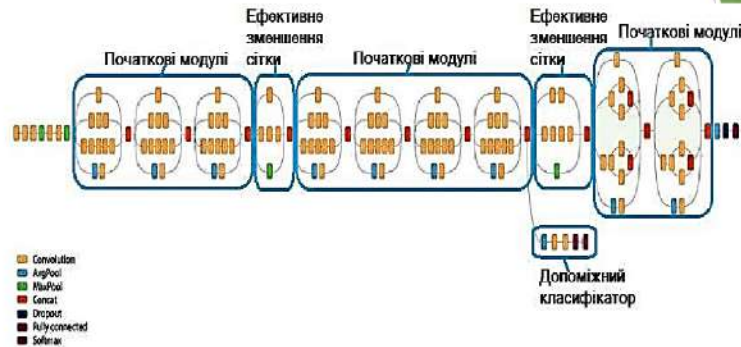
Слайд №9

Архітектура YOLO-V4



Слайд №10

Архітектура нейронної мережі



Модель має низку особливостей, які роблять її швидшою за попередні версії, зберігаючи при цьому високу точність класифікації:

1. Ядра 5×5 були замінені на два ядра 3×3 . Це пов'язано з тим, що операції згортки з більшими ядрами зазвичай є більш дорогими з точки зору обчислювальних ресурсів. Таким чином, цей крок зменшив кількість параметрів мережі та кількість необхідних обчислювальних ресурсів.
2. У моделі реалізовано використання допоміжних класифікаторів під час навчання. Допоміжні класифікатори додаються на проміжному рівні мережі та відокремлюються від основного шляху мережі. Допоміжний класифікатор містить шари того ж типу, що і основна мережа. Значення функції втрат допоміжного класифікатора додаються до значень функції втрат основної мережі. Допоміжні класифікатори дозволяють мережі дізнатися більше загальних особливостей і покращити процес навчання.
3. Модель реалізує ефективне зменшення розміру мережі. Зазвичай для зменшення карти ознак використовується тільки об'єднання максимізації або об'єднання середніх значень, але об'єднання максимізації або об'єднання середніх значень і згортка використовуються паралельно і об'єднуються в єдиний результат.

Слайд №11

Етапи автоматичної сегментації зображень



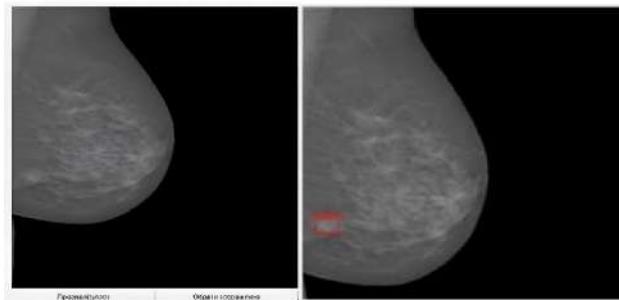
Сегментація зображень займає багато часу і не завжди може бути виконана автоматично. Тому тестуються сучасні алгоритми сегментації та їх комбінації, а також вибираються межі алгоритмічних параметрів.

Послідовність етапу автоматичної сегментації наступна:

1. Завантаження зображення;
2. Вибір параметрів вхідного зображення (рівень яскравості, середні значення червоного, зеленого та синього каналів);
3. Пошук в базі даних алгоритмів та параметрів сегментації
4. Сегментація за обраним алгоритмом;
5. Збереження результатів.

Слайд №12

Програмне забезпечення системи



Для можливості взаємодії з системою був створений користувацький інтерфейс. Він розроблявся з використанням мови програмування Python у середовищі PyCharm. Почати роботу з інтерфейсом можна, натиснувши на кнопку «Обрати зображення» та вибравши потрібну мамограму для аналізу. Після вибору зображення воно буде відображено у вікні програми. Для проведення аналізу необхідно натиснути кнопку «Проаналізувати». Процес аналізу займе приблизно 20-30 секунд, після чого буде відображено оригінальне зображення із виявленими пухлинами.

Слайд №13

ВИСНОВКИ

У роботі за результатами виконаних теоретичних та практичних досліджень створено, вдосконалено методів і алгоритмів для опрацювання, класифікації, сегментації та оцінки біомедичних зображень з високою точністю.

Досліджено існуючі методи і алгоритми оброблення зображень на низькому, середньому та високому рівнях комп'ютерного зору. Виокремлено їх позитивні та негативні сторони, що сприяло створенню ефективних алгоритмів для обробки біомедичних зображень у системах автоматизованої мікроскопії. Проведено аналіз біомедичних зображень на підставі визначених критеріїв, виправдано важливість обробки гістологічних і цитологічних зображень у системах автоматизованої мікроскопії для діагностики онкологічних захворювань. Вивчено сучасні програмні засоби для обробки, аналізу та класифікації зображень за визначеними критеріями, в результаті чого було виявлено їх переваги та недоліки. Це надало можливість використовувати функціонал цих засобів у розробці інтелектуальної САМ.

Створено метод автоматичного вибору алгоритмів сегментації, що ґрунтується на метриках Громова-Фреше та Громова-Хаусдорфа. Це дозволило автоматично вибирати алгоритми сегментації та їх параметри. Досліджено метод адаптивного оброблення зображень, який базується на алгоритмах фільтрації та правил гістограмного вирівнювання.

Проведено навчання двох моделей: YOLO-V4 для виявлення пухлин та Inception-V3 для їх класифікації. Результати навчання YOLO-V4 показали високі показники: влучність 93%, повнота 82%, mAP 86,6%. Для Inception-V3 були отримані такі результати: точність 82,61%, влучність 90%, повнота 78,26%.

На основі досліджень зображень молочної залози в передракових та ракових станах було створено базу даних для автоматизованої системи. В результаті було підвищено точність результатів сегментації та покращено якість гістологічних і цитологічних зображень.

За темою дипломної роботи опубліковане одне наукове видання: Сіпайло А.О. Кіберфізична система діагностики раку молочної залози з використанням нейромережі / Стан, досягнення та перспективи інформаційних систем і технологій // Матеріали XXIV Всеукраїнської науково-технічної конференції молодих вчених, аспірантів та студентів. Одеса, 18-19 квітня 2024 р. – Одеса, Видавництво ОНТУ, 2024 р. – С. 470.

Слайд №14

Дякую за увагу!



Ім'я користувача:
Кафедра КІ

Дата перевірки:
08.05.2024 19:05:37 EEST

Дата звіту:
08.05.2024 20:04:24 EEST

ID перевірки:
1016237521

Тип перевірки:
Doc vs Internet + Library

ID користувача:
100005591

Назва документа: Сіпайло_Кіберфізична система діагностики раку молочної залози з використанням нейром...

Кількість сторінок: 91 Кількість слів: 15705 Кількість символів: 124157 Розмір файлу: 6.73 MB ID файлу: 1016019416

16.1% Схожість

Найбільша схожість: 8.07% з Інтернет-джерелом (<http://dspace.wunu.edu.ua/bitstream/316497/45015/1/%d0%9f%d1%96>)

16% Джерела з Інтернету 698 Сторінка 93

1.15% Джерела з Бібліотеки 57 Сторінка 97

0.9% Цитат

Цитати 3 Сторінка 98

Не знайдено жодних посилань

0% Вилучень

Немає вилучених джерел

Модифікації

Виявлено модифікації тексту. Детальна інформація доступна в онлайн-звіті.

Замінені символи 4

Anti-Plagiarism v-15.257

Максимальне співпадіння з одним документом 0.0%

Словники перевірки: en_US, ru_RU, ua_UA. Помилки в документах: 10%

ID: 125881 Назва: МКРКІберфізична система діагностики раку молочної залози з використанням нейромережі Додано в БД: 2024-05-08 Автора: Спайло А.О. Керівники: Федоров Є.Є. Консультанти: Опоненти:	Документ		Сумарний збіг по Базі Даних	
	Символи	Лексеми	Символи	Лексеми
	107496	918	1394 (1%)	23 (3%)

Джерело плагіату

ID	Опис	Наявність плагіату в документі	
		Символи	Лексеми

МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ
ХМЕЛЬНИЦЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ

РЕЦЕНЗІЯ НА КВАЛІФІКАЦІЙНУ РОБОТУ

Дипломник: Сіпайло Анатолій Олександрович

Тема: Кіберфізична система діагностики раку молочної залози з використанням нейромережі

Спеціальність: 123 «Комп'ютерна інженерія»

Обсяг дипломної роботи:

Кількість листів креслень ___; кількість сторінок записки 90

1. Короткий зміст роботи та прийнятих рішень У роботі запропоновано систему забезпечення багаторівневої відмовостійкості у мережі "Інтернету речей".

2. Висновок про відповідність роботи дипломному завданню _____

Кваліфікаційна _____ робота _____ відповідає _____ виданому завданню _____

3. Характеристика виконання кожного розділу, ступінь використання останніх досягнень науки і техніки і передових методів роботи: Проведено аналіз поширення раку молочної залози, що підтверджує його високий ризик смерті. Однак рання діагностика може допомогти зменшити летальність. Проаналізовано ключові методи та алгоритми на різних рівнях комп'ютерного зору, вивчено біомедичні зображення і системи автоматизованої мікроскопії. Досліджено існуючі методи і алгоритми оброблення зображень на низькому, середньому та високому рівнях комп'ютерного зору. У третьому розглянуто структуру та особливості штучних нейронних мереж, зокрема їхня роль у розв'язанні завдань обробки зображень. У четвертому розділі детально описано процес підготовки даних, навчання моделей та створення користувацького інтерфейсу.

4. Іноваційність, підвищення ефективності гнучкість та масштабованість _____

5. Негативні сторони роботи: Вартість впровадження, складність адаптації

6. Оцінка графічного оформлення та пояснювальної записки роботи: _____

7. Відгук про роботу в цілому: В загальному робота виконана на достатньому рівні.

8. Інші зауваження: _____

9. Оцінка дипломної роботи: _____

Розглянувши позитивні та негативні сторони представленої дипломної роботи вважаю, що робота заслуговує оцінки «добре» 3,75 (С)

Рецензент (прізвище, ім'я, по батькові, посада, місце роботи)

Безосиной Леонід Григорович, Завідувач кафедри, 173, ХМУ

“ _____ ” _____ 2024р.

Завідувачу кафедри КІС
д-р.техн.наук, проф. Говорушенко Т. О.

Сіпайло Анатолій Олександрович
ПІБ здобувача вищої освіти

ФТ, 2 курсу, групи КІ2М-22-1


ЗАЯВА

З правилами чинного Положення «Про систему забезпечення академічної доброчесності у Хмельницькому національному університеті» від 01.07.2022, згідно з яким виявлення плагіату є підставою для відмови в допуску кваліфікаційної роботи до захисту та застосування заходів дисциплінарної та академічної відповідальності, ознайомлений(а). Про використання програмно-технічних засобів для перевірки кваліфікаційних робіт здобувачів вищої освіти на плагіат оповіщений(а) та надаю свою згоду на обробку та збереження університетом моєї роботи в інституційному репозитарії університету.

Також надаю університету право на передачу моєї роботи для обробки та збереження в базах даних програмно-технічних засобів (Unicheck та Anti-Plagiarism) та використання роботи для виявлення плагіату в інших роботах, які перевіряються програмно-технічними засобами та користувачами, що мають доступ до цих програмно-технічних засобів, виключно в обмежених цілях для виявлення плагіату в текстах робіт.

Робота для перевірки університетом надається в друкованому та електронному варіанті. Електронна версія моєї роботи збігається (ідентична) з друкованою.

22 квітня 2024 року



РІШЕННЯ ЕКСПЕРТНОЇ КОМІСІЇ
КАФЕДРИ КОМП'ЮТЕРНОЇ ІНЖЕНЕРІЇ ТА ІНФОРМАЦІЙНИХ СИСТЕМ
ПРО ДОПУСК КВАЛІФІКАЦІЙНОЇ РОБОТИ ДО ЗАХИСТУ

Підтверджуємо ознайомлення з результатом звіту подібності щодо роботи, генерованою системою виявлення текстових збігів/ідентичності/схожості:

Назва: Кіберфізична система діагностики раку молочної залози з використанням нейромережі

Автор: Сіпайло Анатолій Олександрович

Спеціальність: 123 – Комп'ютерна інженерія

Освітня програма: освітньо-наукова

Науковий керівник: Федоров Євген Євгенович, д.т.н, професор

Після аналізу звіту подібності зроблено такий висновок:

№	Висновок	Позначка про відповідність
1	Запозичення, виявлені в роботі, є законними і не є плагіатом. Робота приймається до захисту.	відповідає
2	Виявлені запозичення не є плагіатом, розміщені в розділах, які не описують безпосередньо авторське дослідження, але кількість цитат перевищує обсяг, виправданий поставленою метою роботи. Робота приймається до захисту, але має бути відкоригована. Відкоригований варіант має бути поданий на кафедру за 2 дні до захисту, разом із заявою щодо самостійності виконання письмової роботи та ідентичності друкованої та електронної версії роботи	
3	Виявлені запозичення не є плагіатом, але частково розміщені в розділах, які описують безпосередньо авторське дослідження, а кількість цитат перевищує обсяг, виправданий поставленою метою роботи. В зв'язку з цим мета роботи та поставлені завдання не були досягнені. Робота може бути допущена до захисту (наступного року) після того як буде відкоригована та допрацьована і успішно пройде повторну перевірку на академічний плагіат.	
4	Робота містить навмисні текстові спотворення, передбачувані спроби укріття запозичень або інші прояви академічного плагіату. Робота містить фабрикацію або фальсифікацію даних. Робота не допускається до захисту.	

Підтвердження:

Запозичення, виявлені в роботі, є законними і не є плагіатом, оскільки:

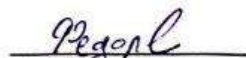
- 1) запозичення розміщені в розділах аналізу існуючих аналогів та прототипів, які не описують безпосередньо авторське дослідження і не стосуються результатів роботи;
- 2) усі запозичення фрагментарні, або мають належним чином оформленні посилання;
- 3) окремі виявлені збіги є загальноживаними фразами або виразами, про що свідчить посилання системи на збіг з джерелами на один фрагмент речення;
- 4) всі зафіксовані системою ознаки модифікації тексту відносяться до комбінування латинських символів зі українськими скороченнями індексів в формулах, що не є модифікацією тексту.

Сумарний обсяг всіх запозичень, визначений системою виявлення збігів/ідентичності/схожості Unichesk, складає 16.1% і адресується до 698 першоджерела; та системою Anti-Plagiarism складає 0.0%, що, з урахуванням наведених обґрунтувань, відповідає характеру наукового дослідження і свідчить на користь кваліфікаційної роботи.

Керівник роботи

Гарант ОП

Завідувач кафедри КІС







Є. Є. Федоров

О. С. Савенко

Т. О. Говорущенко