

## МЕТОДИ КЛАСИФІКАЦІЇ БІОМЕДИЧНИХ ЗОБРАЖЕНЬ

Батенков Т.В.<sup>1)</sup>, Стоян А.Г.<sup>2)</sup>

*Тернопільський національний економічний університет, магістранти*

### I. Постановка проблеми

Швидкий розвиток сучасних систем медичної діагностики призводить до постійного збільшення кількості цифрових зображень, які отримуються в різних медичних закладах. Для ефективного використання в діагностичному процесі, ці зображення мають бути швидко проаналізовані, оцінені та проінтерпретовані [2]. Медико-біологічні зображення мають різну фізичну природу [1]. Ці зображення відіграють надзвичайно важливу роль через те, що надають можливість діагностувати хвороби на ранніх стадіях. Основною проблемою при дослідженні біомедичних зображень є використання оптимальних алгоритмів обробки зображень.

### II. Мета роботи

Метою роботи є аналіз алгоритмів класифікації біомедичних зображень на основі методів AdaBoosta SVM для діагностики захворювань на клітинному рівні.

### III. Аналіз алгоритмів класифікації

Підсилення класифікаторів за допомогою методу AdaBoost здійснюється шляхом побудови моделі з навчальних даних, створенням наступної моделі, яка намагається виправити помилки попередньої [3]. Моделі додаються до тих пір, доки навчальна множина не буде класифікована з максимальною точністю або буде створена максимально можлива кількість моделей. Кожен екземпляр в тренувальному наборі має вагу. Далі розраховується відсоток помилкових результатів класифікації за формулою:

$$e = \frac{\sum(w(i) * t(i))}{\sum(w(i))}$$

де  $e$  – відсоток неправильної класифікації,

$w$  – вага навчального екземпляру,

$t$  – помилка прогнозування для навчального екземпляру, яка може мати два значення: 1 – класифіковано вірно, 0 – класифіковано невірно

Оновлення на кожному етапі роботи алгоритму дає більшу вагу неправильно передбаченим екземплярам, і меншу вагу – правильно передбаченим екземплярам. Слабкі моделі додаються послідовно та навчаються з використанням зважених навчальних даних.

Основна ідея методу SVM – переклад вихідних векторів в просторі більш високої розмірності і пошук роздільної гіперплощини з максимальним проміжком в цьому просторі. Дві паралельні гіперплощини будуються по обох боках гіперплощини, яка розділяє класи [4]. Роздільною гіперплощиною буде гіперплощина, яка максимізує відстань до двох паралельних гіперплощин (рисунок 1). Алгоритм працює на основі припущення, що чим більша різниця чи відстань між цими паралельними гіперплощинами, тим меншою буде середня помилка роботи класифікатора.

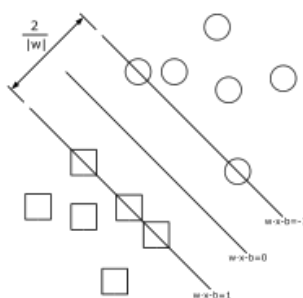


Рисунок 1 – Оптимальна роздільна гіперплощина

Процес класифікації описується наведеною формулою:

$$a(x) = \text{sign} \left( \sum_{i=1}^n \lambda_i c_i x_i * x - b \right)$$

Було проведено два експерименти з різними наборами біомедичних зображень. Нижче наведено границі прийняття рішень класифікаторами. Методи AdaBoost та SVM після навчання на тестових вибірках визначають класи об'єктів з великою точністю, на відміну від методу NaiveBayes.

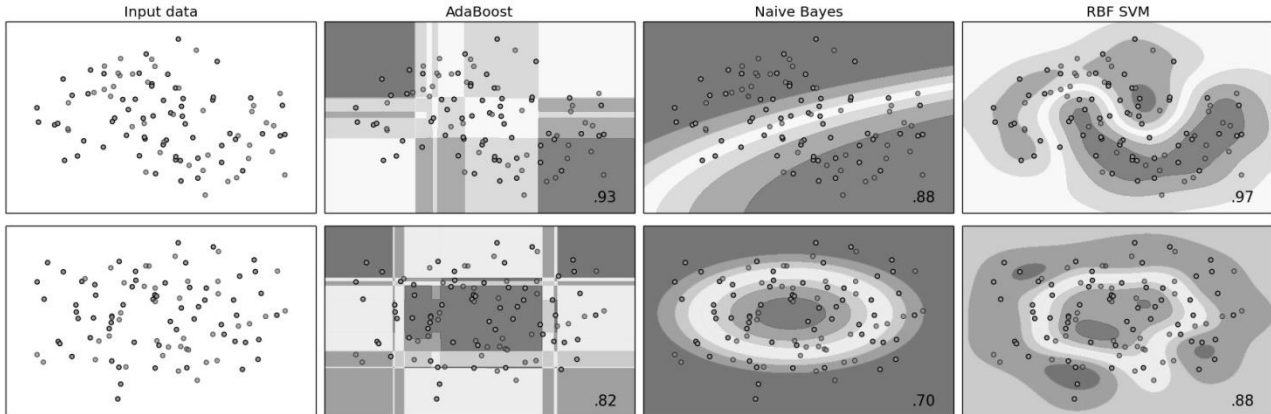


Рисунок 2 – Порівняння точності алгоритмів класифікації

В таблиці 1 наведено точність визначення класифікаторами приналежності тестових зображень до їх класів.

Таблиця 1

Точність класифікації тестових зображень

Вибірка даних	AdaBoost	NaiveBayes	RBF SVM
Тестова вибірка 1	95%	88%	97%
Тестова вибірка 2	82%	70%	88%

### Висновок

У роботі проведено порівняння точності класифікації біомедичних зображень на основі методів AdaBoost та SVM з методом Naive Bayes. На основі результатів класифікації тестових даних можна зробити висновок, що дані методи є оптимальними для використання в області розпізнавання біомедичних зображень.

### Список використаних джерел

1. Егорова О.В. Компьютерная микроскопия / Егорова О.В., Клыкова Е.И., Пантелеев В.Г. – М. : Техно-сфера, 2005. – 300 с.
2. Berezsky O. Automated Processing of Cytological and Histological Images / O. Berezsky, O. Pitsun // Proceedings of XII
3. Jason Brownlee. Boosting and Ada Boost for Machine Learning. [Електронний ресурс]. – Режим доступу: <http://machinelearningmastery.com/boosting-and-adaboost-for-machine-learning/>
4. Nello Cristianini, John Shawe-Taylor. An Introduction to Support Vector Machines and Other Kernel-based Learning Methods. — Cambridge University Press, 2000.

УДК 004.932.2

## РОЗПІЗНАВАННЯ ГІСТОЛОГІЧНИХ ЗОБРАЖЕНЬ НА ОСНОВІ ЗГОРТКОВИХ НЕЙРОННИХ МЕРЕЖ

Боднар А.Р.<sup>1)</sup>, Долинюк Т.М.<sup>2)</sup>

Тернопільський національний економічний університет

<sup>1)</sup>студент, <sup>2)</sup>аспірант

### 1. Постановка проблеми

Розвиток нових технологій і цифрової техніки за останнє десятиліття призвів до появи великої кількості нових методів діагностики і візуалізації. З кожним роком в Україні і в світі ситуація із захворюваннями на злоякісні новоутворення постійно зростає і це питання постає все більш гостро.