

**МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ**  
**Західноукраїнський національний університет**  
**Факультет комп'ютерних інформаційних технологій**  
Кафедра комп'ютерної інженерії

**Криницький Віктор Володимирович**  
**«Алгоритми аналізу діагностичних даних для**  
**виявлення патологій шкіри / Algorithms for**  
**analysis of diagnostic data for skin pathologies**  
**detection»**

спеціальність: 123 - Комп'ютерна інженерія  
освітньо-професійна програма - Комп'ютерна інженерія  
Кваліфікаційна робота

Виконав студент групи КІм-22  
В.В. Криницький

---

Науковий керівник:  
к.т.н. Н.Я. Савка

---

Кваліфікаційну роботу допущено  
до захисту:

" \_\_\_ " \_\_\_\_\_ 20\_\_\_ р.

Завідувач кафедри  
\_\_\_\_\_Л.О. Дубчак

**Тернопіль – 2023**

## РЕЗЮМЕ

Кваліфікаційна робота на тему «Алгоритми аналізу діагностичних даних для виявлення патологій шкіри» зі спеціальності 123 «Комп'ютерна інженерія» освітнього ступеня «магістр» містить 85 сторінок, 30 ілюстрацій, 6 таблиць, 4 додатки та 50 джерел за переліком посилань.

Мета кваліфікаційної роботи: розробка алгоритму аналізу діагностичних даних для виявлення патологій шкіри.

Методи досліджень. Аналізу та синтезу, математичної статистики, розпізнавання, ідентифікації, класифікації, порівняльного аналізу, теорії прийняття рішень, комп'ютерного моделювання.

Результати дослідження. Розглянуто задачу виявлення захворювань шкіри по даних неінвазивної діагностики. Проаналізовано методи неінвазивної діагностики новоутворень шкіри, зазначено основні їх недоліки. Охарактеризовано методи машинного навчання як інструмент розпізнавання медичних зображень. Описано архітектуру загорткових нейромереж та її застосування для класифікації об'єктів зображень за виявленими ознаками.

Розроблено алгоритм аналізу діагностичних даних на основі архітектур загорткових нейромереж. Сформовано набори навчальних та тестових даних у результаті аналізу даних спектрограм.

Практичне значення. Розроблено алгоритм та програмне забезпечення формування зваженого рішення щодо постановки діагнозу лікарем хворому. На основі показників ефективності підтверджено його практичне значення.

Орієнтовні напрямки розвитку досліджень. Удосконалення алгоритму аналізу діагностичних даних на основі сучасних методів машинного навчання.

Ключові слова: РОЗПІЗНАВАННЯ ЗОБРАЖЕНЬ, КОМП'ЮТЕРНИЙ ЗІР, МЕТОДИ КЛАСИФІКАЦІЇ, МАШИННЕ НАВЧАННЯ, ЗГОРТКОВІ НЕЙРОМЕРЕЖІ, МЕЛАНОМА.

## RESUME

Qualification work "Algorithms for analysis of diagnostic data for skin pathologies detection" from the specialty 123 «Computer engineering» written 85 pages volume and contains 30 illustrations, 6 tables, 4 applications and 50 sources for references.

The purpose of the qualification work: to development algorithm for analysis of diagnostic data for skin pathologies detection.

Research methods. Analysis and synthesis, mathematical statistics, recognition, identification, classification, comparative analysis, decision-making theory, computer modeling.

Research results. The task of detecting skin diseases based on the data of non-invasive diagnostics is considered. Methods of non-invasive diagnosis of skin neoplasms are analyzed, their main shortcomings are indicated. The methods of machine learning as a tool for recognizing medical images are characterized. The architecture of convolutional neural networks and its application for classification of image objects based on detected features are described.

Algorithm for analysis of diagnostic data based on convolutional neural network architectures is developed. Sets of training and test data were formed as a result of spectrogram data analysis.

Practical meaning. Algorithm and software for formation of weighted decision regarding the diagnosis of patient by doctor is developed. Its practical value is confirmed on the basis of efficiency indicators.

Indicative directions of research development. Improvement of the diagnostic data analysis algorithm based on modern machine learning methods.

Keywords: IMAGE RECOGNITION, COMPUTER VISION, CLASSIFICATION METHODS, MACHINE LEARNING, CONVERGAL NEURAL NETWORKS, MELANOMA.

## ЗМІСТ

Вступ.....	7
1 Аналіз методів спектроскопії та машинне навчання.....	11
1.1 Аналіз методів неінвазивної діагностики шкірно-ракових захворювань	11
1.2 Аналіз методів машинного навчання.....	14
1.3 Аналіз штучних нейромереж .....	18
1.4 Постановка задачі кваліфікаційної роботи.....	23
1.6 Висновки до розділу.....	24
2 Алгоритми аналізу діагностичних даних.....	26
2.1 Характеристика загорткових нейронних мереж.....	26
2.2 Аналіз архітектур загорткових нейромереж... ..	31
2.3 Аналіз результатів автофлуоресценції для диференціації зразків шкіри	37
2.4 Висновки до розділу.....	45
3 Реалізація алгоритму аналізу діагностичних даних.. ..	46
3.1 Аналіз програмного забезпечення.....	46
3.2 Формування наборів даних на основі спектрів комбінаційного розсіювання.....	48
3.3 Диференціація результатів автофлуоресценції.....	53
3.4 Виявлення патологій шкіри на основі загорткових нейромереж .....	57
3.5 Висновки до розділу.....	66
Висновки.....	67
Список використаних джерел.....	68
Додаток А. Світлокопії публікацій.....	73
Додаток Б. Лістинг коду навчання нейромережі.....	77
Додаток В. Лістинг коду реалізації алгоритму прийняття зваженого рішення ..	80
Додаток Д. Довідка про використання.....	83

## ВСТУП

Захворюваність на ракові утворення в Україні та й в світі загалом є основною із причин смертності населення, що становить близько 171,8 осіб на сто тисяч населення на рік. У загальній структурі онкологічних захворювань лідируючі позиції займають меланомні злоякісні шкірні новоутворення. Такий діагноз за останні роки поставлено понад 188298 жителям України й показники швидкоплинно зростають.

Летальний результат відбувається у двохстах випадках з трьохсот та за останніх кілька десятиліть показники статистики зростають [16]. Рак шкіри – це узагальнена назва великої кількості різновидів злоякісних пухлин. Кожна пухлина має свої специфічні біологічні особливості: клінічний прояв, тканинну структуру, метастазування тощо [17].

Існує три основних типи раку шкіри:

- базальноклітинний рак;
- плоскоклітинний рак;
- злоякісна меланома.

Серед усіх раків шкіри злоякісна меланома є найбільш небезпечним видом раку, так як у переважній більшості випадків призводить до смерті пацієнтів, особливо при виявленні патології на пізній стадії. При цьому захворюваність і смертність від меланоми шкіри збільшується в більшості країн у всьому світі [18].

Зважаючи на низьку (близько 50%) діагностичну точність пігментних пухлин на ранній стадії лікарями загальної практики, потрібне створення нових методів контролю пухлин. Проблеми діагностики меланом лікарями загальної практики пов'язані із складністю в інтерпретації клінічних ознак пухлини та неможливістю відрізнити меланому від доброякісних пігментних утворень (таких як невус) на ранній стадії розвитку. Також при підозрі на наявність меланоми медичний персонал не має можливості використання інвазивних

методів дослідження, таких як біопсія з гістологічним або цитологічним дослідженням, у зв'язку з підвищеним ризиком прогресування уражень.

Зважаючи на це, оптичні методи мають величезний потенціал для неінвазивного виявлення та визначення конкретного типу пухлинних утворень у тканинах шкіри із застосуванням інструментальних методів. Найбільш широко розвиваються в цій галузі методи оптичної спектроскопії, які дозволяють неінвазивно діагностувати ракові пухлини. Варто зазначити, що сьогодні в арсеналі вчених існує кілька способів спектроскопічного аналізу біологічних середовищ – це спектроскопія зворотного розсіювання, автофлуоресценція, спектроскопія комбінаційного розсіювання (КР), спектроскопія відбиття та інші [19].

Зважаючи на вищезазначене, виникає необхідність у розробці нових методів та алгоритмів виявлення патологій шкіри на основі діагностичних даних, які уможливлуватимуть підвищення точності та правильності постановки діагнозу та попередити раз шкірних захворювань.

Існує чимало методів аналізу медичних даних, проте найбільш перспективними є нейромережеві інструменти, які здатні швидко навчатися на прикладах і з високою точністю прогнозувати результат. Правильний і вчасно поставлений діагноз – це половина лікування патологій, тому точність є основним параметром ефективності розробленої моделі.

Оскільки результатом діагностики є медичне зображення, то у якості універсального розпізнавача дуже добре себе зарекомендували згорткові нейромережі (англ. Convolutional Neural Network, CNN, ConvNet), що відносяться до технологій глибокого машинного навчання (англ. Deep Learning). Свою назву нейромережа отримала завдяки операції загортки, що полягає у дослідженні кожного фрагмента зображення й множення його поелементно на ядро згортки.

Таким чином, метою кваліфікаційної роботи є дослідження точності диференціації патологій шкіри за результатами автофлуоресценція та

спектроскопія комбінаційного розсіювання на основі нейромережевого алгоритму.

Досягнення мети кваліфікаційної роботи вимагає виконання таких задач:

- аналіз задачі неінвазивної діагностики шкірно-ракових захворювань;
- аналіз методів машинного навчання;
- дослідження штучних нейромереж;
- аналіз програмних засобів розробки нейромережевого алгоритму;
- дослідження результатів автофлуоресценції для діагностики зразків шкіри;
- препроцесинг вхідних даних та створення навчальної вибірки;
- характеристика загорткових нейромережевих архітектур;
- розробка архітектури CNN для аналізу патологій шкіри;
- реалізація алгоритму аналізу діагностичних даних;
- експериментальні дослідження CNN-моделі та порівняльний аналіз результатів.

Об'єкт дослідження – процес диференціації зразків біотканини на основі діагностичних даних.

Предмет дослідження – штучні нейромережі для класифікації медичних зображень.

Методи дослідження. Застосовано методи аналізу при дослідженні методів діагностики захворювань шкіри, штучних нейромереж, порівняльного аналізу при дослідженні програмних засобів розробки алгоритму аналізу діагностичних даних, дослідженні архітектури розробленої CNN-моделі, машинного навчання при розробці архітектури загорткової нейромережі, комп'ютерного моделювання при дослідженні ефективності розробленого програмного забезпечення.

При виконанні роботи використано пакет прикладних програм мови програмування MATLAB 9.4 (R2018a), Python 3.6, що надають широкий інструментарій для вирішення задач машинного навчання за даними

результатів спектроскопії на основі алгоритмів машинного навчання здійснено навчання нейромереж різних архітектур.

Наукова новизна отриманих результатів дослідження:

– розробка алгоритму аналізу діагностичних даних для виявлення патологій шкіри, який, на відміну від існуючих, ґрунтується на методах машинного навчання.

Практичне значення одержаних результатів. Програмна система аналізу даних автофлуоресценції для виявлення патологій шкіри.

Публікація та апробація результатів. Основні результати дослідження опубліковано на VIII науково-практичній конференції «Інтелектуальні ком'ютерні системи та мережі» [10, 13]. Копії публікацій наведено у додатку А.

Виконання кваліфікаційної роботи ґрунтується на вимогах, зазначених у працях [14, 15]. Робота складається із вступу, трьох розділів висновків і додатків.

Перший розділ присвячено викладенню теоретичних відомостей про методи машинного навчання, зокрема, нейромережеві технології, аналізу методів діагностики шкірних захворювань.

Другий розділ присвячено опису існуючих нейромережевих моделей, процедури підготовки даних автофлуоресценції для диференціації зразків шкіри. Описано архітектуру загорткових нейромереж та алгоритм їх навчання.

Третій розділ присвячено опису розробленої архітектури CNN-моделі для аналізу діагностичних даних, розв'язанню задачі виявлення захворювань шкіри на основі дослідження й аналізу результатів діагностики. Досліджено ефективність розробленого алгоритму на основі методів машинного навчання.

У додатках відображено копії публікацій результатів розробки кваліфікаційної роботи, лістинги коду програми та довідку про використання.



# 1 АНАЛІЗ МЕТОДІВ СПЕКТРОСКОПІІ ТА МАШИННЕ НАВЧАННЯ

## 1.1 Аналіз методів неінвазивної діагностики шкірно-ракових захворювань

Рак шкіри – це узагальнена назва великої кількості різновидів злоякісних пухлин. Кожна пухлина має свої специфічні біологічні особливості: клінічний прояв, тканинну структуру, метастазування тощо. Найчастіше рак шкіри розвивається у людей, які тривалий час перебувають на сонці. Частота виникнення цієї патології у людей із білим кольором шкіри зростає у міру наближення до екватора. Негативну роль у зростанні захворюваності відіграє витончення озонового шару. Встановлено, що стоншення озонового шару на 1% призводить до збільшення захворюваності на 3-4%.

Доказом канцерогенного ефекту впливу іонізуючої радіації на шкірні покриви є випадки виникнення ракової пухлини у рентгенологів за відсутності у них засобів захисту [18]. Рак шкіри може виникати через імунодефіцитні стани, наприклад, при прийомі імунодепресантів пацієнтами, які перенесли операцію з пересадки органів. Хронічна травматизація шкірних покривів особливо термічними або хімічними факторами може призводити до появи ракових пухлин шкіри.

Розглянемо основні види раку шкіри [16-18].

1. Базаліома не є істинно злоякісною пухлиною, оскільки має ряд морфологічних та клінічних рис злоякісної пухлини: наполегливе інфільтративне зростання з руйнуванням нижчих тканин і схильність до рецидиву навіть після радикального висічення. Однак ця пухлина дуже рідко метастазує. Базаліому в даний час розглядають як напівзлоякісну пухлину з місцево-деструювальним ростом.

2. Плоскоклітинний рак шкіри характеризується не лише агресивним місцевим зростанням, а й здатністю до дисемінації (лімфогенного та гематогенного метастазування). Рак шкіри виникає найчастіше на відкритих

ділянках тіла – шкіра обличчя, голови, шиї (до 80%) та переважно у людей похилого віку (вік старше 50 років). До того ж, у 10% випадків можуть виникати 2 і більше вогнищ злоякісного новоутворення.

3. Меланома у структурі злоякісних пухлин шкіри становить 6–7%, проте через дуже агресивну течію захворювання займає перше місце у структурі смертності. Розвивається меланома на незмінній шкірі чи місці пігментного невуса. Найчастіше локалізується на тулубі (у чоловіків) та на гомілкях (у жінок). Характеризується раннім лімфогенним та гематогенним метастазуванням.

Меланома є найбільш агресивним видом раку шкіри і без своєчасного лікування є смертельною. Її видалення на ранніх стадіях в більшості випадків веде до одужання, і тому рання діагностика меланоми має величезне значення для порятунку життя пацієнта. Труднощі її діагностики виникають через те, що доброякісні ураження, такі як пігментні невуси, себорейний кератоз та інші типи раку шкіри, такі як базальноклітинна карцинома, можуть нагадувати меланому.

Видалення кожного пігментованого новоутворення неприйнятне для пацієнта. Відомо, що близько 80% біопсій, отриманих із підозрою на злоякісні ураження шкіри були доброякісними, і тому недоречне хірургічне втручання є досить частим випадком.

Незважаючи на численні спроби реалізувати різні інструментальні методи, надійного неінвазивного методу діагностики шкірно-ракових захворювань поки не знайдено. Найбільш широко розвиваються в цій галузі методи оптичної спектроскопії, вони дозволяють неінвазивно діагностувати ракові пухлини [4]. Біофотоніка застосовується у різних областях життєдіяльності: для визначення компонентного складу газів, рідин, порошоків, твердих тіл і використовується у фармакології, матеріалознавстві, контролі продукції та інших сферах.

Принцип автофлуоресценції полягає у використанні перевипромінювання поглиненої молекулою енергії в більш довгохвильовій частині спектра, що дозволяє отримати інформацію про біохімічний склад речовини [4, 12].

Спектроскопія комбінаційного розсіювання (раманівська спектроскопія англ. Raman scattering spectroscopy) – це спектральний метод вивчення речовини, що ґрунтуються на явищі комбінаційного розсіювання монохроматичного світла [2, 19, 36, 48]. Суть методу полягає у реєстрації спектральних ліній випромінювання, розсіяного зразком (у твердій, рідкій або газоподібній фазі). Ці спектральні лінії відсутні в спектрі первинного (збуджуючого) випромінювання, що відповідають певним коливанням груп атомів. Це дозволяє визначити наявність певних функціональних груп за характеристичними частотами їх коливань фрагментів.

Кожен з цих методів має низку переваг та недоліків. Так, наприклад, спектроскопія комбінаційного розсіювання відрізняється спектром з яскраво вираженими піками, які відповідають наявності певної речовини в досліджуваному середовищі, але при такому дослідженні витрачається більше часу для накопичення сигналу. Це не дозволяє використовувати спектроскопію комбінаційного розсіювання для масового скринінгу та аналізу великих областей новоутворень шкіри.

Автофлуоресценція навпаки може використовуватися для швидкого аналізу великих областей біотканин, але це позначається на точності методу, що суттєво нижча, ніж при спектроскопії [12].

У методі спектроскопії з відбиванням відмінною особливістю є те, що він дозволяє оперувати лише з одним вимірюваним параметром – коефіцієнтом дифузного відображення біотканини [36]. Спектри комбінаційного розсіювання та автофлуоресценції складні. Традиційне розпізнавання за допомогою візуального огляду є суб'єктивним методом, який забирає багато часу.

Із вище проведеного аналізу випливає, що жоден метод неінвазивної діагностики шкірних захворювань не дає точної інформації про новоутворення, є досить складними та часозатратними. Виявити рак на пізніх стадіях простіше,

оскільки відбуваються чіткі зміни у структурі тканих. Проте такі випадки часто закінчуються летально. Дослідження новоутворень шкіри на ранніх стадіях зменшує кількість смертей. У цьому випадку, для правильної постановки діагнозу потрібен лікар високої кваліфікації та з колосальним досвідом, а також інструменти, які б уможливили точніший аналіз показників й допомагали медикам при прийнятті рішення.

Використання машинного навчання у задачах диференціації зразків шкіри за результатами спектрального аналізу дозволить створити модель, здатну знаходити приховані залежності, витягувати з необроблених даних шаблони, що відповідають за класифікацію шкірно-ракових захворювань, збільшуючи при цьому точність розпізнавання патологій та в перспективі здатну реєструвати смертельні новоутворення на ранніх стадіях, допомагаючи лікарям своєчасно надавати кваліфіковану допомогу.

## 1.2 Аналіз методів машинного навчання

За останнє десятиліття інтерес до машинного навчання неймовірно зростає. Зараз воно застосовується повсюдно: комп'ютерні програми, галузеві конференції, фондові біржі, машинобудування, а також медицина. За своєю суттю, машинне навчання – це використання алгоритмів для отримання інформації з необроблених даних, її подання на основі деякої типізованої моделі, а потім використання цієї моделі для виведення інформації про нові дані.

Артур Самуель, першопрохідник у галузі штучного інтелекту в IBM і Stanford в 1959 році у своїй інноваційній роботі з комп'ютерним шашках, визначив машинне навчання так: «машинне навчання – це процес, в результаті якого машина (комп'ютер) здатна показувати поведінку, яку в неї не було явно закладено (запрограмовано) [26, 27, 29, 31, 38, 44].

Формальне визначення машинного навчання дав Том Мітчелл американський вчений, професор Університету Карнегі-Меллон. Кажуть, що комп'ютерна програма навчається на основі досвіду  $E$  по відношенню до деякого класу задач  $T$  та міри якості  $P$ , якщо якість вирішення задач із  $T$ , виміряне на основі  $P$ , покращується з накопиченням досвіду  $E$  [5].

Завдяки машинному навчанню програміст не зобов'язаний писати інструкції, що враховують усі можливі проблеми та містять усі рішення. Натомість у комп'ютер (або окрему програму) закладають алгоритм самостійного знаходження рішень шляхом комплексного використання статистичних даних, з яких виводяться закономірності та на основі яких робляться прогнози.

Щоб запустити процес машинного навчання, для початку необхідно завантажити в комп'ютер датасет (деяка кількість вихідних даних), на яких алгоритм вчитиметься обробляти запити. Після процесу навчання програма вже сама зможе розпізнавати по нових зображеннях. Процес навчання триває і після виданих прогнозів, що більше даних проаналізовано програмою, то більша точність розпізнавання зображень.

Всі задачі, які вирішуються за допомогою машинного навчання, відносяться до однієї із категорій [27]:

1) задача регресії – прогноз з урахуванням вибірки об'єктів з різними ознаками. На виході має вийти вартісне число, наприклад, вартість квартири, ціна цінного паперу після півроку, очікуваний дохід магазину наступного місяця, якість вина при сліпому тестуванні;

2) задача класифікації – отримання категоріальної відповіді з урахуванням набору ознак. Має кінцеву кількість відповідей (як правило, у форматі «так» чи «ні»): чи є на фотографії кіт, чи є зображення людським обличчям, чи хворий на рак;

3) задача кластеризації – розподіл даних на групи: поділ всіх клієнтів мобільного оператора за рівнем платоспроможності, віднесення космічних об'єктів до тієї чи іншої категорії (планета, зірка, чорна діра, тощо);

4) задача зменшення розмірності – зведення великої кількості ознак до меншого для зручності їхньої подальшої візуалізації (наприклад, стиск даних);

5) задача виявлення аномалій – відокремлення аномалій від стандартних випадків. На перший погляд вона збігається із задачею класифікації, але є одна істотна відмінність: аномалії – явище рідкісне, і навчальних прикладів, на яких можна натренувати модель, що машинно навчається, на виявлення таких об'єктів або з мало, або просто не існує, тому методи класифікації тут не працюють. На практиці такою завдання є, наприклад, виявлення шахрайських дій із банківськими картками.

Основна маса задач, які розв'язують за допомогою методів машинного навчання, відноситься до двох різних видів: навчання з учителем (supervised learning) або без нього (unsupervised learning). Однак цим учителем зовсім не обов'язково є сам програміст, який стоїть над комп'ютером та контролює кожну дію у програмі. «Вчитель» у термінах машинного навчання – це саме втручання людини у процес обробки інформації. В обох видах навчання машині надаються вихідні дані, які вона має проаналізувати і знайти закономірності. Відмінність лише тому, що з навчання з учителем є низка гіпотез, які потрібно спростувати чи підтвердити. Наприклад, підтвердити чи спростувати наявність раку у пацієнта, знаючи всі його медичні показники.

У разі навчання без вчителя, готових «правильних відповідей» системі не надано. Наприклад, є інформація про вагу та ріст певної кількості людей, і ці дані потрібно розподілити по трьох групах, для кожної з яких потрібно пошити сорочки відповідних розмірів. Це задача кластеризації.

Методи машинного навчання широко використовують для діагностики хвороб у медицині. Пацієнти в даному випадку є об'єктами, а ознаками – всі симптоми, що у них спостерігаються, анамнез, результати аналізів, вже вжиті лікувальні заходи (фактично вся історія хвороби, формалізована і розбита на окремі критерії). Деякі ознаки – стать, наявність або відсутність головного болю, кашлю, висипу та інші – розглядаються як бінарні. Оцінка важкості стану (вкрай важкий, середньої важкості та ін.) є порядковою ознакою, а багато інших

є кількісними: обсяг лікарського препарату, рівень гемоглобіну в крові, показники артеріального тиску та пульсу, вік, вага. Зібравши інформацію про стан пацієнта, що містить багато таких ознак, можна завантажити її в комп'ютер і за допомогою програми, здатної до машинного навчання, вирішити наступні задачі [12, 20, 22]:

- провести диференціальну діагностику (визначення виду захворювання);
- вибрати найбільш оптимальну стратегію лікування;
- спрогнозувати розвиток хвороби, її тривалість та результат;
- прорахувати ризик можливих ускладнень;
- виявити набори симптомів, що супроводжують дане захворювання або порушення.

Жоден лікар не здатний обробити весь масив інформації щодо кожного пацієнта миттєво, узагальнити велику кількість інших подібних історій хвороби та одразу ж видати чіткий результат. Тому машинне навчання стає для лікарів незамінним помічником.

У кваліфікаційній роботі для вирішення задачі диференціації патологій шкіри використано модель машинного навчання – штучна нейромережу. Це клас моделей машинного навчання, в основі яких лежать дослідження центральної нервової системи ссавців. Детальніше аналіз штучних нейромереж проведемо у наступному підрозділі.

### 1.3. Аналіз штучних нейромереж

Розв'язування задач розпізнаваності образів, кількісного та якісного прогнозування, керування складними об'єктами і процесами вимагає створення та використання інтелектуальних систем. Одним з найпотужніших базисів для побудови таких систем є штучні нейромережі.

Штучна нейромережа, за своєю суттю, представляє модель нервової системи у природі. Зважаючи на це, розробка та дослідження таких штучних мереж уможлиблює пізнання особливостей функціонування природних інтелектуальних систем. Теорія штучних нейромереж появилась у 40-х роках на основі досягнень у біології, оскільки штучні нейрони включають елементи, що моделюють функції звичайних біологічних нейронів. Зазвичай, такі елементи використовують спосіб організації, який може відображати прототип анатомії мозку чи не відповідати їй. [21, 32].

Зважаючи на вищезазначене, штучні нейромережі відображають поверхневу подібність із біологічними системами на основі опису властивостей, подібних властивостям природного мозку. Зокрема, штучні нейромережі можуть змінювати свою поведінку залежно від змін зовнішнього середовища. Зчитавши представлені вхідні сигнали разом із бажаними виходами, мережа здатна до навчання таким чином, щоб забезпечувати необхідні вихідні сигнали. Навчена нейромережа не реагує на незначні зміни вхідних сигналів, тобто вона є адаптивною до змін. Здатність мережі виявляти образи, незважаючи на шуми і спотворення, є дуже важливою характеристикою при вирішенні задач розпізнаваності образів.

Варто зауважити, що нейромережа на основі своєї структури володіє властивістю автоматичного, що не вимагає написання спеціальних програм. Ще однією властивістю штучних нейромереж є надійність та стійкість до збоїв. Навіть за умов, якщо деякі елементи працюватимуть невірно чи будуть непрацездатними, мережа буде продукувати правильні вихідні результати, проте з нижчою точністю.

Слід зазначити, що деякі типи нейромереж на основі кількох вхідних сигналів здатні генерувати якийсь абстрактний образ. Наприклад, можна натренувати мережу на основі послідовності спотворених зображень літери «Б». Після навчання нейромережа зможе розпізнати букву «Б» без спотворень. Таким чином, на основі інформації, здобутої у результаті навчання на прикладах, дозволяє мережі генерувати щось унікальне.



Зважаючи на вищезазначене, впливає висновок, що штучні нейромережі можна застосовувати для розв'язування задач у різних сферах, що пов'язані з опрацюванням інформації. Інтелектуальні системи затребувані у таких напрямках як: розпізнаваність образів, класифікація, оптимізаційні задачі, системах пам'яті, що базуються на асоціаціях, теорії керування, компресії даних, екстраполяції, проектування, прогнозування, теорії прийняття рішень.

Штучні нейромережі – це системи обчислення, натхнені нейронними мережами біологічних організмів. Такі системи здатні навчатися (поступово покращувати свою продуктивність), як правило без спеціального програмування під конкретну задачу. Наприклад, у розпізнаванні образів вони можуть вчитися класифікувати зображення, які містять рукописні цифри. Аналізуючи приклади попередньо помічених зображень цифр, і використовуючи отримані результати навчання нейронна мережа здатна класифікувати цифри в інших зображеннях, навіть таких, які не були використанні для навчання. Така здатність нейронних мереж зумовлена тим, що, вони виявляють свій власний набір доречних характеристик на основі навчального матеріалу, який вони обробляють.

Нейромережі базується на комплексі з'єднаних вузлів, яких називають штучними нейронами (подібно до біологічних нейронів у головному мозку біологічних організмів). Кожен зв'язок (аналогічно синапсу) між штучними нейронами здатний поширювати сигнал від одного нейрона до іншого. Штучний нейрон, який отримує вхідний сигнал, може обробляти його, а також потім передавати цей сигнал іншим штучним нейронам, які є приєднаними до нього [38].

В більшості реалізацій нейромережеві сигнали на з'єднаннях між штучними нейронами є дійсними числами, а вихідний сигнал кожного штучного нейрону розраховується нелінійною функцією (функцією активації) суми його входів. З'єднання між штучними нейронами, як правило, мають ваги, які підлаштовуються під час перебігу навчання. Вага зменшує або збільшує інтенсивність сигналу на з'єднанні. Штучні нейрони, як правило, організовані в

шари. Різні шари можуть виконувати різноманітні види перетворень своїх входів. Сигнали проходять послідовно від першого (вхідного) до останнього (вихідного) шару, можливо, після проходження шарами декілька разів.

Отже, нейромережа складається із кількох взаємозв'язаних нейронів, організованих у шари, які обмінюються між собою повідомленнями (збуджуються) під час виконання певних умов. Загальну структуру нейромережі продемонстровано на рисунку 1.1. Елементарним перетворювачем у даних мережах є штучний нейрон. На даний час запропоновано та вивчено велику кількість моделей нейроподібних елементів та нейромереж.

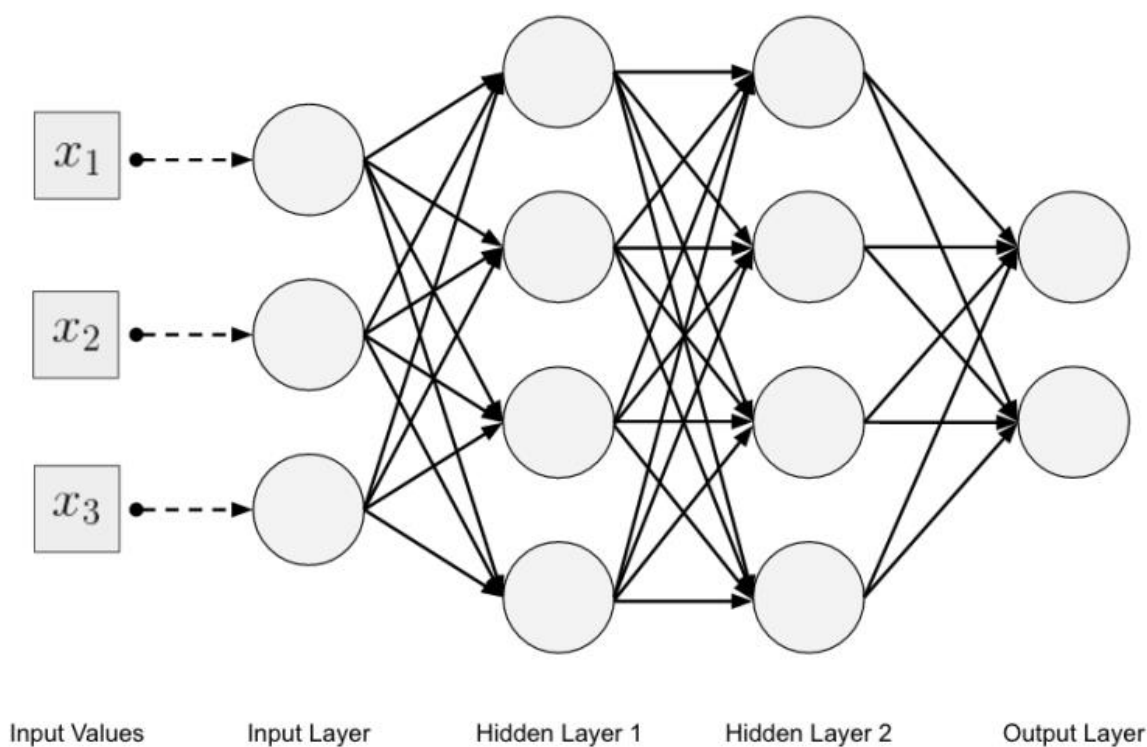


Рисунок 1.1 – Класична топологія нейромережі

Архітектура мережі, як видно на рисунку 1.1., містить вхідний (Input Layer), вихідний (Output Layer), що приймає рішення про клас, та асоціативний (Hidden Layer) шар.

Нейрон є складовою нейромережі. Він складається з елементів трьох типів: помножувачів (синапсів), суматора та нелінійного перетворювача. Синапси здійснюють зв'язок між нейронами, множать вхідний сигнал на число,

що характеризує силу зв'язку (вага синапсу). Суматор виконує складання сигналів, що надходять по синоптичних зв'язках від інших нейронів та зовнішніх вхідних сигналів. Нелінійний перетворювач реалізує нелінійну функцію одного аргументу – виходу суматора. Ця функція називається функцією активації або функцією передавання нейрона. Загальну структуру нейрона зображено на рисунку 1.2.

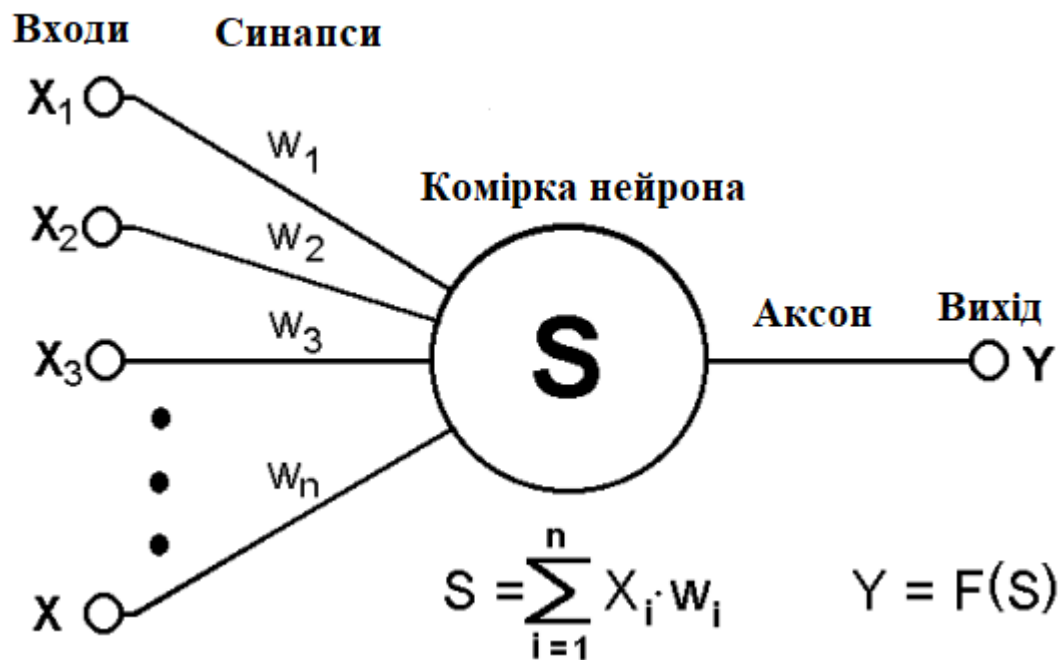


Рисунок 1.2 – Структура штучного нейрона

Нейрон загалом реалізує скалярну функцію векторного аргументу. Математичну модель нейрона показано на формулі 1.1:

$$S = \sum_{i=1}^n w_i x_i + b; y=f(x) \quad (1.1)$$

де  $S$  – результат підсумовування (sum);

$w_i$  – вага (weight) синапсу,  $i=1 \dots n$ ;

$x$  – компонент вхідного вектора (вхідний сигнал);

$b$  – значення зміщення (bias);

$n$  – кількість входів нейрона;

$y$  – вихідний сигнал нейрона;

$f(x)$  – нелінійне перетворення (функція активації) [32].

У загальному випадку вхідний сигнал, вагові коефіцієнти та зсув можуть набувати дійсних значень, а в багатьох практичних задачах – деякі фіксовані значення. Вихід визначається видом функції активації і може бути, як дійсним, так і цілим.

Штучні нейромережі бувають доволі різноманітними за налаштуваннями. Незважаючи на це, різноманітні архітектури мають багато спільного. Нейромережі поділяють за топологічними типами відповідно з структурою зв'язків між нейронами у мережі, а також за видом використаних нейронів.

Нейромережу можна розглядати як напрямлений граф зі зваженими зв'язками, у цьому випадку штучні нейрони є вузлами цього графу. За видами зв'язків штучні нейромережі можуть бути поділені на три класи: мережі прямого поширення, рекурентні мережі та згорткові нейромережі.

Нейромережа прямого поширення – це архітектура, у якій сигнал поширюються лише в одному напрямку, від вхідного шару, через приховані шари до вихідного шару і на нейронах останнього шару формується результат обробки сигналу. В мережах такого типу відсутні зворотні зв'язки. Протилежним видом є нейромережі із зворотнім зв'язком рекурентні нейронні мережі). Відомим прикладом штучних нейромереж прямого поширення є перцептрон Розенблатта, від якого і беруть свій початок нейромережі прямого поширення. По суті, усі види перцептронів мають одну спільну рису – вони є нейромережами з прямим поширенням сигналу, та відрізняються здебільшого кількістю шаріву мережі, функціями активації та методами навчання.[2]

Оптимізатор нейромережі – це алгоритм, який модифікує швидкість зміни параметрів мережі, таким чином, щоб за заданого вхідного сигналу архітектура видавала відповідний вихідний сигнал. Загалом процес навчання зводиться до зміни параметрів (ваг) мережі.

Зважаючи на вищезазначене, штучні нейромережі розглядають як прості математичні моделі, які визначають функцію. Часом моделі тісно асоціюють з конкретним алгоритмом навчання. З математичної точки зору, нейронна мережа може бути представлена як композиція з інших функцій, які у свою чергу можуть бути розкладені далі на більш простіші функції.

Оскільки у дослідженні розглядається проблема неінвазивної діагностики ракових захворювань тканин шкіри людини на основі аналізу результатів спектроскопії комбінаційного розсіювання та автофлуоресценції, то для розробки алгоритму ви виявлення патологій шкіри використано згорткові нейромережі, детальний аналіз яких проведемо у наступному розділі.

#### 1.4 Постановка задачі кваліфікаційної роботи

Аналіз проблеми неінвазивної діагностики захворювань шкіри показав, що надійного та точного методу діагностики на сьогодні не існує. Для дослідження новоутворень шкіри застосовують найбільш широко застосовують методи оптичної спектроскопії, проте зважаючи на специфіку тканин новоутворень та область їх розташування, не завжди можна точно діагностувати рак. При цьому доводиться застосовувати інші методи та досвід лікаря. В той же час, рак шкіри має різні форми, й слід розрізняти меланому від базаліоми, яка не являється цілком злоякісним новоутворенням.

Аналіз методів розпізнавання зображень показав, що найбільш перспективним напрямком є методи машинного навчання, які здатні навчатися на прикладах і прогнозувати результат. Штучні нейромережі являються універсальними апроксиматорами, які тренуються, вивчаючи зразки за певними ознаками та на основі накопиченого досвіду уможливають отримання прогнозу із досить високою швидкістю.

Оскільки медична задача виявлення захворювань шкіри ґрунтується на аналізі результатів діагностичних даних на основі спектроскопії, то для розпізнавання такого типу зображень досить часто застосовують згорткові нейромережі, які включають шар згортки та субдескретизації.

Таким чином, метою кваліфікаційної роботи є розробка методу та алгоритму аналізу діагностичних даних із застосуванням методів машинного навчання. Це уможливить підвищити точність розпізнавання результатів діагностики й прийняти правильне рішення лікарем щодо постановки діагнозу пацієнту.

Досягнути сформульовану мету дослідження допоможе виконання таких задач:

- аналіз програмних засобів розробки нейромережевого алгоритму;
- дослідження результатів автофлуоресценції для діагностики прикладів шкіри;
- препроцесинг вхідних даних та створення навчальної вибірки;
- характеристика загорткових нейромережевих архітектур;
- розробка архітектури CNN для аналізу патологій шкіри;
- реалізація алгоритму аналізу діагностичних даних;
- експериментальні дослідження CNN-моделі та порівняльний аналіз результатів.

## 1.5 Висновки до розділу

Охарактеризовано основні захворювання шкіри й зазначено, що у їх структурі найбільшу частку займають меланоми – шкірно-ракові захворювання. Наведено статистичні дані, щодо кількості пацієнтів із такими захворюваннями та кількість смертей від раку шкіри, виявленого на пізніх стадіях. Проаналізовано методи неінвазивної діагностики захворювань шкіри й

зазначено, що жоден метод не дає точної оцінки типу новоутворення й не є основною підставою для постановки правильного діагнозу.

Описано машинне навчання як найбільш перспективну технологію у галузі розпізнавання зображень, зокрема у медицині. Зважаючи на специфіку та індивідуальність організму людини, метод аналізу діагностичних даних повинен базуватися на різних прикладах й при цьому із високою точністю відносити результат до тієї чи іншої групи.

Відзначено штучні нейромережі, як один із найпоширеніших методів машинного навчання, зокрема серед архітектур виділено згорткові нейромережі, як інструмент для розпізнаваності образів.

## 2 АЛГОРИТМ АНАЛІЗУ ДІАГНОСТИЧНИХ ДАНИХ

### 2.1 Характеристика загорткових нейронних мереж

CNN є класом глибоких штучних нейромереж прямого поширення, які успішно застосовують для аналізу візуальних образів з високим ступенем інваріантності до масштабування, зміщення, повороту, зміни ракурсу та іншим просторовим спотворенням [6].

Метою CNN є глибоке вивчення даних на основі інструменту використання згорток. Вони ефективні при розпізнаванні об'єктів на зображеннях, а також успішно виконують задачу щодо їх класифікації. CNN можуть розпізнавати особи, вуличні знаки, собак та багато інших візуальних даних. Область застосування CNN також зачіпає аналіз тексту за допомогою оптичного розпізнавання символів. Візуально роботу таких нейромереж при розв'язуванні задач аналізу діагностичних даних для виявлення шкірних захворювань представлено на рисунку 2.1

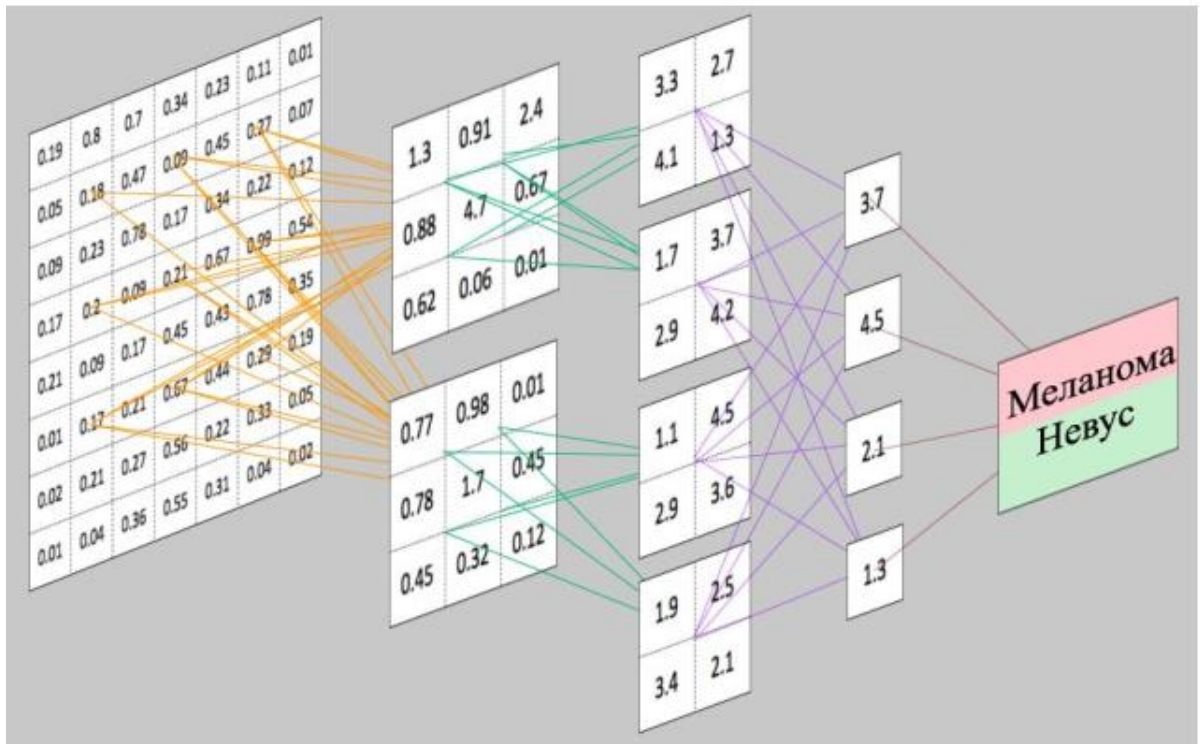


Рисунок 2.1 – Візуалізація специфіки роботи CNN



CNN, як правило, найбільш ефективні, коли у вхідних даних простежується певна структура. Прикладом може бути, як зображення, так і аудіодані, що мають набір шаблонів, що повторюються, і вхідні значення, що надходять один з одним, мають якийсь просторовий зв'язок.

CNN перетворюють вхідні дані, що надходять на вхідний шар, проводячи їх через всі підключені шари на набір оцінок класів, що задаються вихідним шаром. Існує багато варіантів архітектури CNN, але всі вони засновані на архітектурі, представленій рисунку 2.2., де зазначене такі шари:

- вхідний шар (input layer);
- ознаковий шар (feature-extraction layer);
- класифікатор (Classification layer).

Структура вхідних даних, зазвичай, має тривимірний вигляд: ширина, висота зображення, а також глибина, що є кольоровими каналами (наприклад, три для колірної моделі RGB) [9]

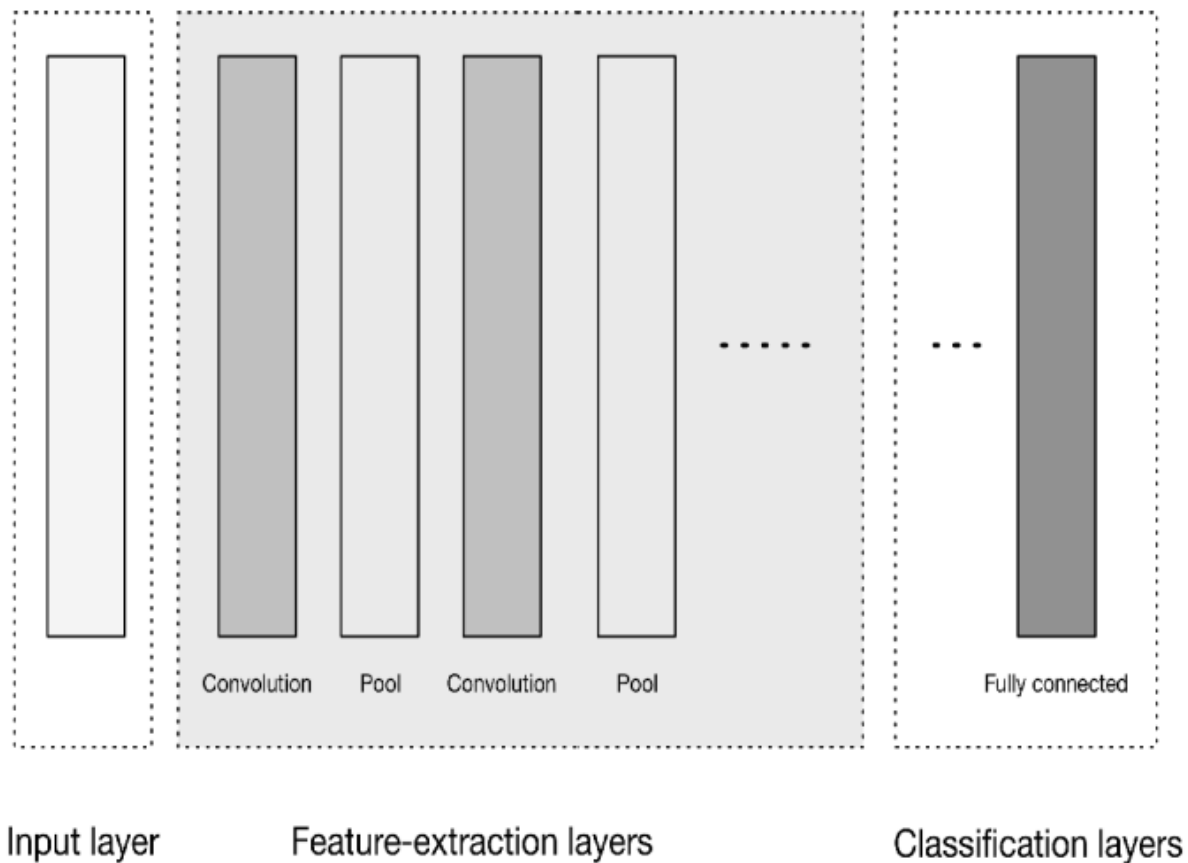


Рисунок 2.2 – Узагальнена архітектура CNN високого рівня

Вхідний шар – це місце, де завантажують та зберігають вихідні вхідні дані зображення для подальшої обробки мережею. Вхідні дані визначають ширину, висоту та кількість каналів шару. Шари виділення ознак мають загальну структуру, що повторюється: шар згортки, шар пула. Ці шари знаходять ознаки на зображеннях поступово складаючи карти.

Шар класифікації складається з єдиного або кількох повнозв'язних шарів, для диференціювати карти ознак та обчислення ймовірності їх належності до заданих класів. Розміри вихідних даних шару дорівнюють  $[1 \times 1 \times N]$ , де  $N$  – кількість класів, що оцінюються.

Згорткові шари вважаються основними будівельними блоками архітектури CNN. Як показано на рисунку 2.3, згорткові шари перетворюють вхідні дані, використовуючи латку з локально зв'язаних нейронів попереднього шару. Шар буде обчислювати скалярний добуток між областю нейронів у вхідному шарі та вагами, з якими вони локально пов'язані у вихідному шарі [9]

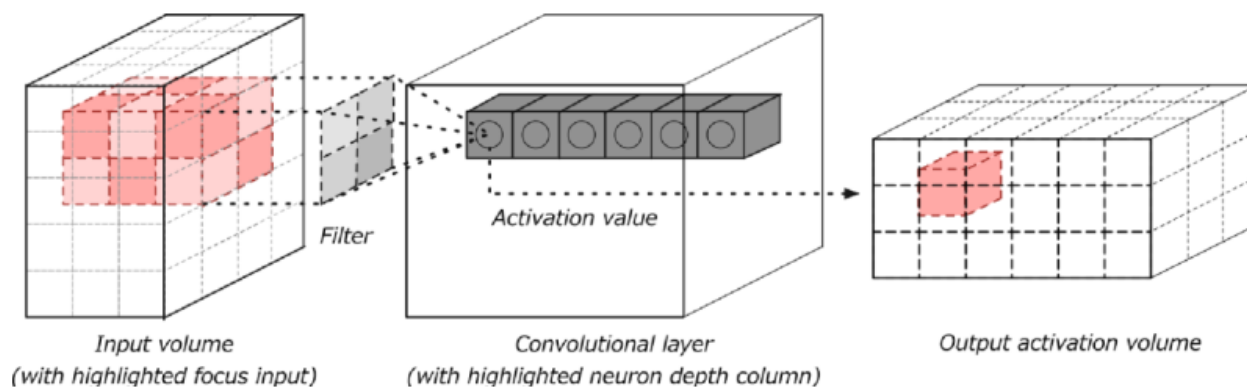


Рисунок 2.3 – Шар згортки з вхідними та вихідними шарами

Отриманий результат, зазвичай, має однакові (або зменшені) просторові розміри, але іноді збільшену кількість елементів третього виміру, глибини. Розглянемо концепцію згортки трохи детальніше.

Згортка – це математична операція, що описує правило для поєднання двох наборів інформації. Операцію згортки, показано на рисунку 2.4, відому як детектор ознак CNN. На вхід згортки можуть посилатися як необроблені дані,

так і вивід з іншого згортки. Вона часто інтерпретується як фільтр, у якому ядро фільтрує вхідні дані визначення інформації.

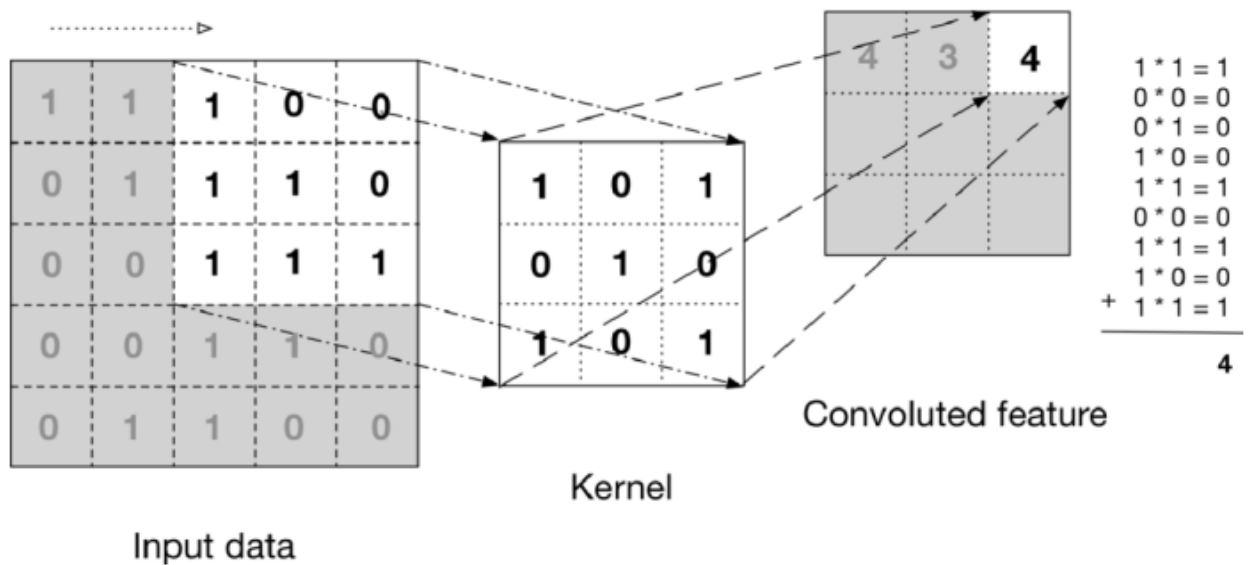


Рисунок 2.4 – Операція згортки

На рисунку 2.4 показано, як ядро ковзає за вхідними даними для отримання даних із заплутаними характеристиками (висновками). На кожному кроці ядро множиться на значення вхідних даних у межах його області, створюючи єдиний запис на вихідній карті ознак.

Введемо поняття оператора згортки. Маючи двовимірне зображення  $I$  та невелику матрицю  $K$  розмірності  $h \times w$  (так зване ядро згортки), побудована таким чином, що графічно кодує будь-яку ознаку, обчислюємо згорнуте зображення  $I * K$ , накладаючи ядро на зображення всіма можливими способами та записуючи суму добутків елементів вихідного зображення та ядра [20]:

$$(I * K)_{xy} = \sum_{i=1}^h \sum_{j=1}^w K_{ij} \times I_{x+i-1, y+j-1}, \quad (2.1)$$

де  $I$  – двовимірне зображення;

$K$  – ядро згортки;

$I * K$  – шукане згорнуте зображення;

$x, y, h, w$  – індекси матриць.

Оператор згортки складає основу згорткового шару (convolutional layer) у CNN. Шар складається з певної кількості ядер  $K$  (з адитивними складовими зсуву  $b$  для кожного ядра) і обчислює згортку вихідного зображення попереднього шару за допомогою кожного з ядер, щоразу додаючи складову усунення. Зрештою до всього вихідного зображення може бути застосована функція активації.

Зазвичай, вхідний потік для згорткового шару складається із  $d$  каналів, наприклад, red/green/blue для вхідного шару, і в цьому випадку ядра теж розширюють таким чином, щоб вони також склалися із  $d$  каналів. При цьому виходить формула для одного каналу вихідного зображення згорткового шару:

$$\text{conv}(I, K)_{xy} = \sigma\left(b + \sum_{i=1}^h \sum_{j=1}^w \sum_{k=1}^d K_{ijk} \times I_{x+i-1, y+j-1, k}\right), \quad (2.2)$$

де  $\sigma$  – функція активації;

$K$  – ядро;

$b$  – параметр зміщення.

Шари субдискретизації – шари підвибірки, пулінгові шари (від англ. downsampling або pooling layer), зазвичай, встановлюються між послідовними згортковими шарами, з метою поступового зменшення просторових розмірів (ширини та висоти) даних. Об'єднання шарів поступово зменшує розмірність даних у мережі та допомагає контролювати перенавчання.

Найпоширенішими операціями субдискретизації є:

- операція max pooling;
- операція average pooling.

Шари субдискретизації використовують операцію  $\max()$  для зміни просторових характеристик (ширина, висота) вхідних даних. Ця операція називається max pooling. При розмірі фільтра  $2 \times 2$  операція  $\max()$  приймає

значення найбільшої кількості потрапивших у фільтр. Ця операція не впливає на глибину даних. У пулінгових шарах використовуються фільтри виконання процесу понижаючої дискретизації вхідних даних. Ці шари виконують операції зменшення розмірності за просторовим розміром вхідних даних [9]. Візуалізацію роботи субдискретизуючого шару наведено на рисунку 2.5

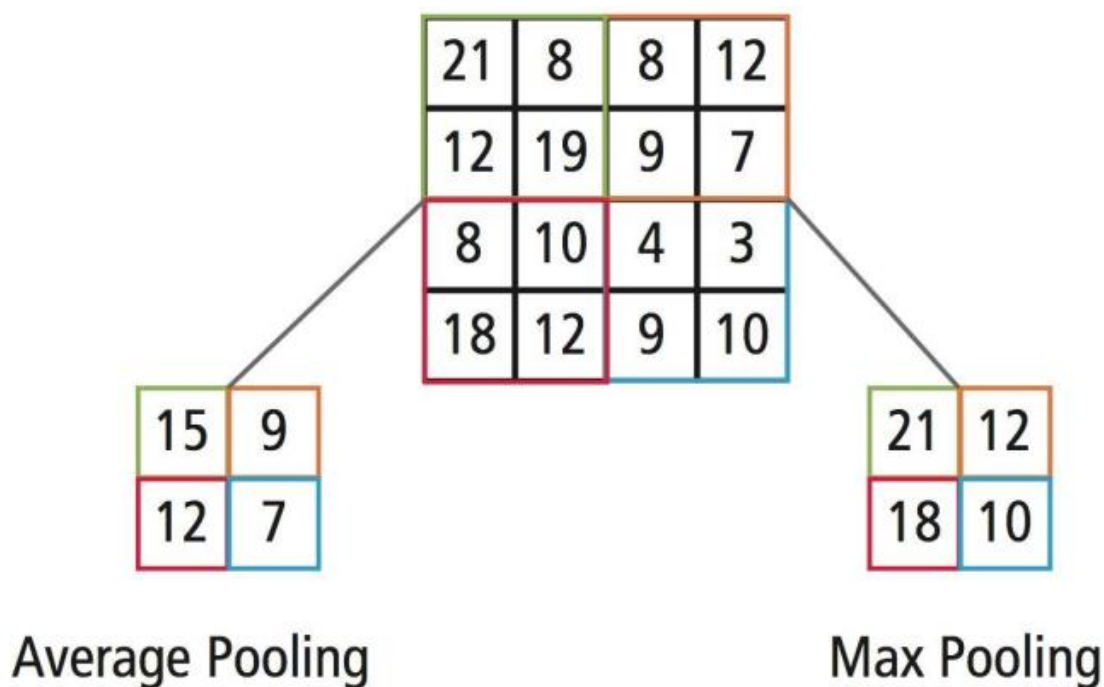


Рисунок 2.5 – Візуалізація роботи шару субдискретизації

Найчастіше в пулінгових шарах використовують фільтр 2×2 з кроком 2. Такі характеристики уможливають зменшувати кожен фрагмент глибини вхідних даних вдвічі по просторових розмірах (ширина та висота).

## 2.2 Аналіз архітектур загорткових нейромереж

Для аналізу архітектур загорткових нейромереж як вхідні дані використано вибірку з 363 зразків патології шкіри серед яких: меланома, базаліома, невус. Ефективним рішенням у галузі розпізнавання патологій на

основі спектрограм, може бути використання натренованих нейромереж, таких як: Xception, VGG16, VGG19, ResNet50, DenseNet [27-29], зокрема, застосування їх згорткових шарів, разом із кастомним класифікатором (див. рис. 2.6).

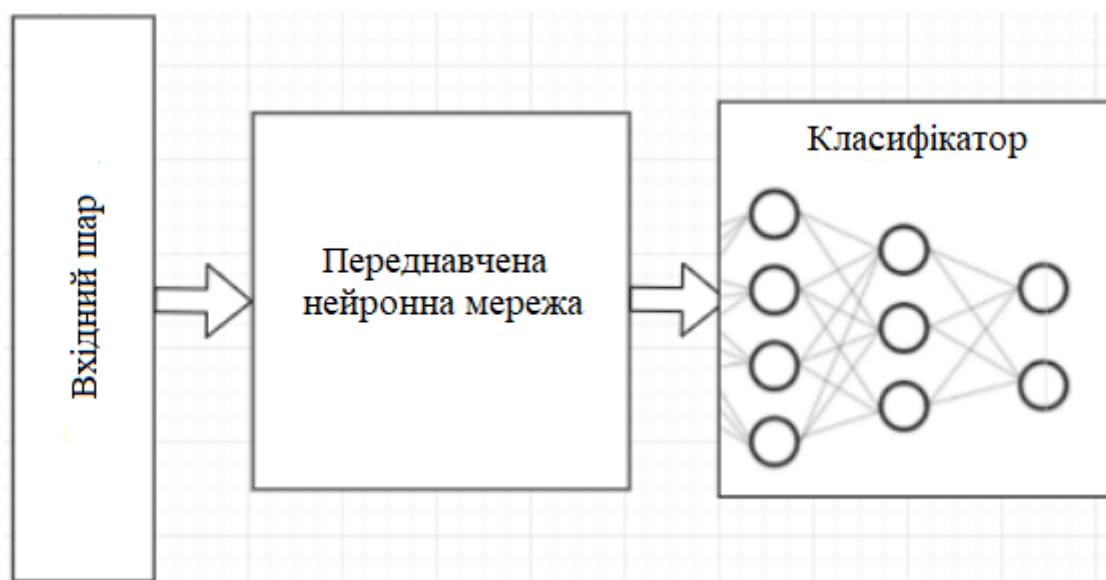


Рисунок 2.6 – Загальна архітектура нейромережі на основі переднавчених класифікаторів

Такі класифікатори досить подібні на основі технології перенесення навчання (transfer learning). Для цього від попередньо навченої мережі "обрізається" класифікатор і замість нього додається новий, пристосований для розв'язування поставленої задачі.

Наприклад, замість класифікатора, навченого на наборі даних ImageNet із 1000 класів, додаємо в нейромережу власний класифікатор, у якому лише два класи. Потім цей класифікатор навчається на нових даних.

Фреймворк Keras представляє нейромережі, які навчалися протягом довгого часу й можуть бути довчені для розв'язання прикладних задач [30, 33, 34]. Усі нейромережі переднавчалися на наборі даних ImageNet. Це проект зі створення та супроводу масивної бази даних анотованих зображень,

призначений для відпрацювання та тестування методів розпізнаваності образів та комп'ютерного зору.

Таблиця 2.1 – Перелік переднавчених нейромереж доступних в Keras

Модель	Розмір	Мінімальний розмір вхідного тензора	Точність	Кількість параметрів
Xception	88 MB	71x71	0.945	22, 910, 480
VGG16	528 MB	48x48	0.901	138,357, 544
VGG19	88 MB	48x48	0.910	143,667, 240
ResNet50	99 MB	197x197	0.929	25, 636, 712
InceptionV3	92 MB	139x139	0.944	23, 851, 784
InceptionResNetV2	215 MB	139x139	0.953	55, 873, 736
MobileNet	17 MB	128x128	0.871	4, 253, 864

Використання цього методу ставить обмеження на вхідну матрицю, зобов'язуючи використовувати передобробку, спрямовану на збільшення розмірності вхідних даних до необхідних розмірів передбачуваних нейромереж. Для тестування вибрано мережі із найменшим розміром вхідного тензора: Xception, VGG16, VGG19. Розглянемо їхню архітектуру детальніше. Xception пропонує згорткову нейромережеву архітектуру, повністю засновану на роздільних по рівнях шарів згортки. Зазначена архітектура заснована на такій гіпотезі: зіставлення міжканальних кореляцій та просторових кореляцій у характеристичних картах згорткових нейромереж можна повністю розчепити.

Повний опис специфікацій мережі наведено на рисунку 2.7. Архітектура Xception: дані спочатку проходять через потік введення, потім через середній потік, який повторюється вісім разів, і, нарешті, через вихідний потік. Архітектура має 36 згорткових шарів, що формують базу вилучення об'єктів мережі, які структуровані в 14 модулів, кожен із яких має лінійні залишкові

з'єднання навколо себе, за винятком першого та останнього модулів. Інакше кажучи, архітектура Xception являє лінійний стек подільних за глибиною шарів згортки із залишковими сполуками [28].

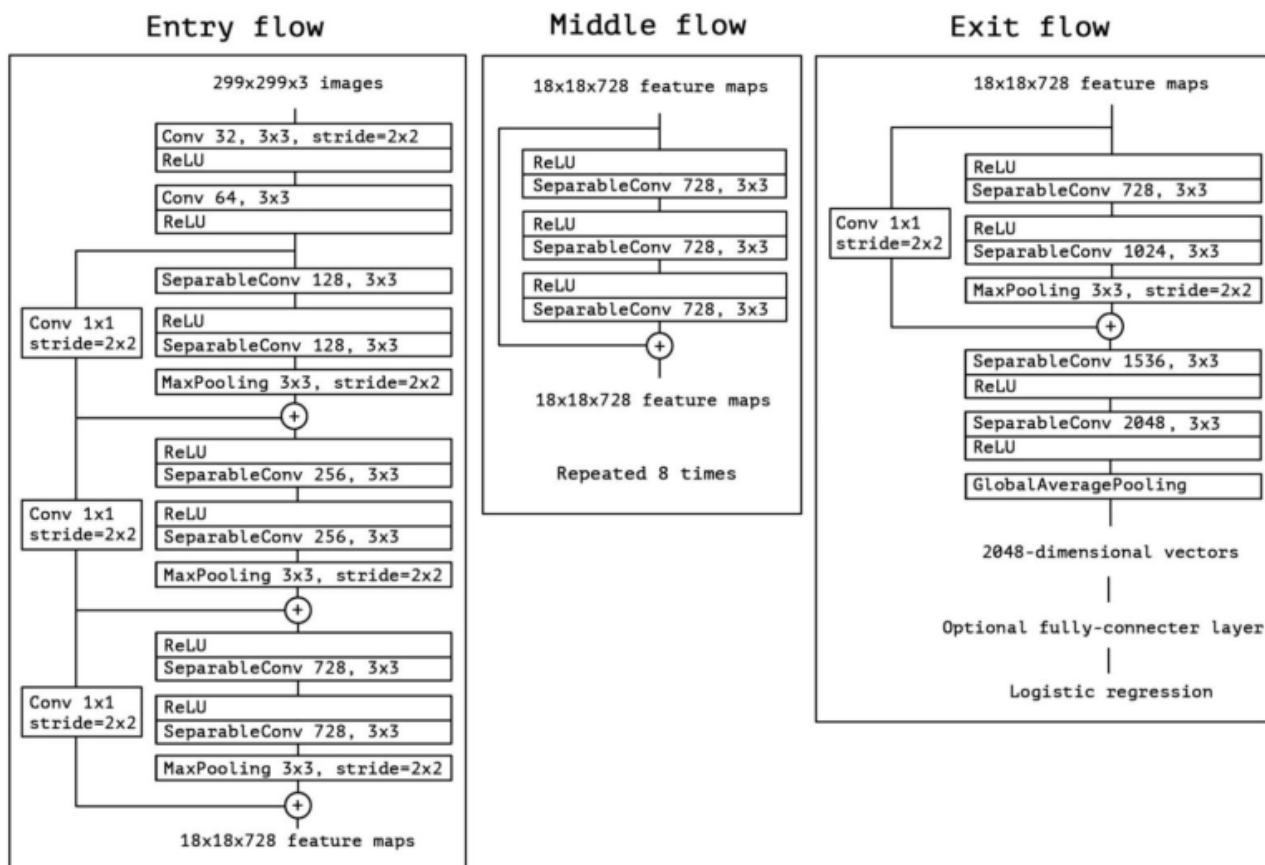


Рисунок 2.7 – Архітектура мережі Xception

Архітектура мережі Xception доступна для завантаження з фреймворку Keras: `keras.applications.Xception.Xception(include_top=True, weights='imagenet', input_tensor=None, pooling=None, classes=1000)`. Розмір вхідних даних для цієї моделі – 299x299.

Аргументи:

- `include_top`: Підключення 3 повнозв'язкових шарів верхнього рівня мережі
- `weights`: значення ваг `None` (випадкова ініціалізація) або `'imagenet'` (дозволена на наборі даних ImageNet);



- `input_shape`: опціональна форма кортежу, вказується лише якщо `include_top = False`;
- `input_shape`: optional shape tuple, тільки для того, щоб specified if `include_top` is False (інакше форма введення має бути (224, 224, 3) (з форматом даних 'channels\_last') або (3, 224, 224) (з форматом даних 'channels\_first')). Він повинен мати рівно 3 вхідних канали, а ширина та висота повинні бути не менше 48. Наприклад. (200, 200, 3) буде одним із допустимих значень;
- `pooling`: опціональний аргумент отримання ознак, коли аргумент `include_top = False`;
- `None` означає, що виходом моделі буде 4D тензор на виході останнього згорткового шару;
- `avg` означає, що для мережі буде застосовувати операцію average pooling;
- `max` означає, що для мережі буде застосовувати операція max pooling;
- `classes`: необов'язкове значення кількості класів класифікованих зображень якщо `include_top` має значення True і якщо аргумент `weights` не вказано.

Модель VGG-19 є покращеною версією VGG16 [23]. Вона складається з 144 мільйонів параметрів і додає до архітектури крім 84 мільйонів параметрів ще одну просту ідею. Візьмемо для прикладу згортку  $5 \times 5$ , це відображення  $f: R^{25} \rightarrow R$ , містить 25 параметрів. Якщо замінити її стеком із двох шарів зі згортками  $3 \times 3$ , то ми отримаємо таке ж відображення, але кількість параметрів буде меншою:  $3 \times 3 + 3 \times 3 = 18$ , що на 22 % менше. Якщо ж замінити  $11 \times 11$  на чотири згортки  $3 \times 3$ , то це на 70 % менше параметрів.

Архітектура мережі VGG19 доступна для завантаження з фреймворку Keras: `keras.applications.vgg19.VGG19` (`include_top=True`, `weights='imagenet'`, `input_shape=None`, `pooling=None`, `classes=1000`). Розмір вхідних даних для цієї моделі –  $224 \times 224$  (див. рис. 2.8).

ConvNet Configuration					
A	A-LRN	B	C	D	E
11 weight layers	11 weight layers	13 weight layers	16 weight layers	16 weight layers	19 weight layers
input (224 × 224 RGB image)					
conv3-64	conv3-64 <b>LRN</b>	conv3-64 <b>conv3-64</b>	conv3-64 conv3-64	conv3-64 conv3-64	conv3-64 conv3-64
maxpool					
conv3-128	conv3-128	conv3-128 <b>conv3-128</b>	conv3-128 conv3-128	conv3-128 conv3-128	conv3-128 conv3-128
maxpool					
conv3-256 conv3-256	conv3-256 conv3-256	conv3-256 conv3-256	conv3-256 conv3-256 <b>conv1-256</b>	conv3-256 conv3-256 <b>conv3-256</b>	conv3-256 conv3-256 conv3-256 <b>conv3-256</b>
maxpool					
conv3-512 conv3-512	conv3-512 conv3-512	conv3-512 conv3-512	conv3-512 conv3-512 <b>conv1-512</b>	conv3-512 conv3-512 <b>conv3-512</b>	conv3-512 conv3-512 conv3-512 <b>conv3-512</b>
maxpool					
conv3-512 conv3-512	conv3-512 conv3-512	conv3-512 conv3-512	conv3-512 conv3-512 <b>conv1-512</b>	conv3-512 conv3-512 <b>conv3-512</b>	conv3-512 conv3-512 conv3-512 <b>conv3-512</b>
maxpool					
FC-4096					
FC-4096					
FC-1000					
soft-max					

Рисунок 2.8 – Архітектура мережі VGG19

Аргументи:

- include\_top: підключення 3 повнозв'язкових шарів верхнього рівня мережі;
- weights: значення ваг None (випадкова ініціалізація) або 'imagenet' (дозволена на наборі даних ImageNet);
- input\_shape: опціональна форма кортежу, вказується лише якщо include\_top – False;
- input\_shape: optional shape tuple, тільки для того, щоб specified if include\_top is False (інакше форма введення має бути (224, 224, 3) (з форматом даних 'channels\_last') або (3, 224, 224) (з форматом даних 'channels\_first')). Він

повинен мати рівно 3 вхідних канали, а ширина та висота повинні бути не менше 48. Наприклад. (200, 200, 3) буде одним із допустимих значень;

- pooling: опціональний аргумент отримання ознак, коли аргумент include\_top – False;

- None означає, що виходом моделі буде 4D тензор на виході останнього згорткового шару;

- avg означає, що для мережі буде застосовувати операцію average pooling;

- max означає, що для мережі буде застосовувати операція max pooling;

- classes: необов'язкове значення кількості класів класифікованих зображень, якщо include\_top має значення True і якщо аргумент weights не вказано [12].

Із результатів аналізу випливає, що архітектури нейромереж Xception та VGG19 подібні за параметрами та принципом роботи, проте відрізняються розміром вхідних даних. У наступному підрозділі розглянемо спектрограми результатів діагностики ділянок шкіри для аналізу шкірно-ракових захворювань.

### 2.3 Аналіз результатів автофлуоресценції для диференціації зразків шкіри

Для формування навчальної вибірки використано результати автофлуоресценції, проведеної на 21 зразку нормальної тканини шкіри та 21 дослідженні зразків злоякісних утворень.

Для аналізу вибрано ділянку 550-750 нм в спектрі, що реєструється для синього лазера (457 нм). Приклад спектрів зображено на рисунку 2.9. Нормалізація спектра здійснювалася щодо головного екстремуму кожного зразка. Форми спектрів біотканин обумовлюються наявністю колагенів, еластину, фосфоліпідів та інших компонентів. Також у ході аналізу

експериментальних даних було виявлено характерний пік на довжині хвилі 640 нм, обумовлений наявністю порфіринів.

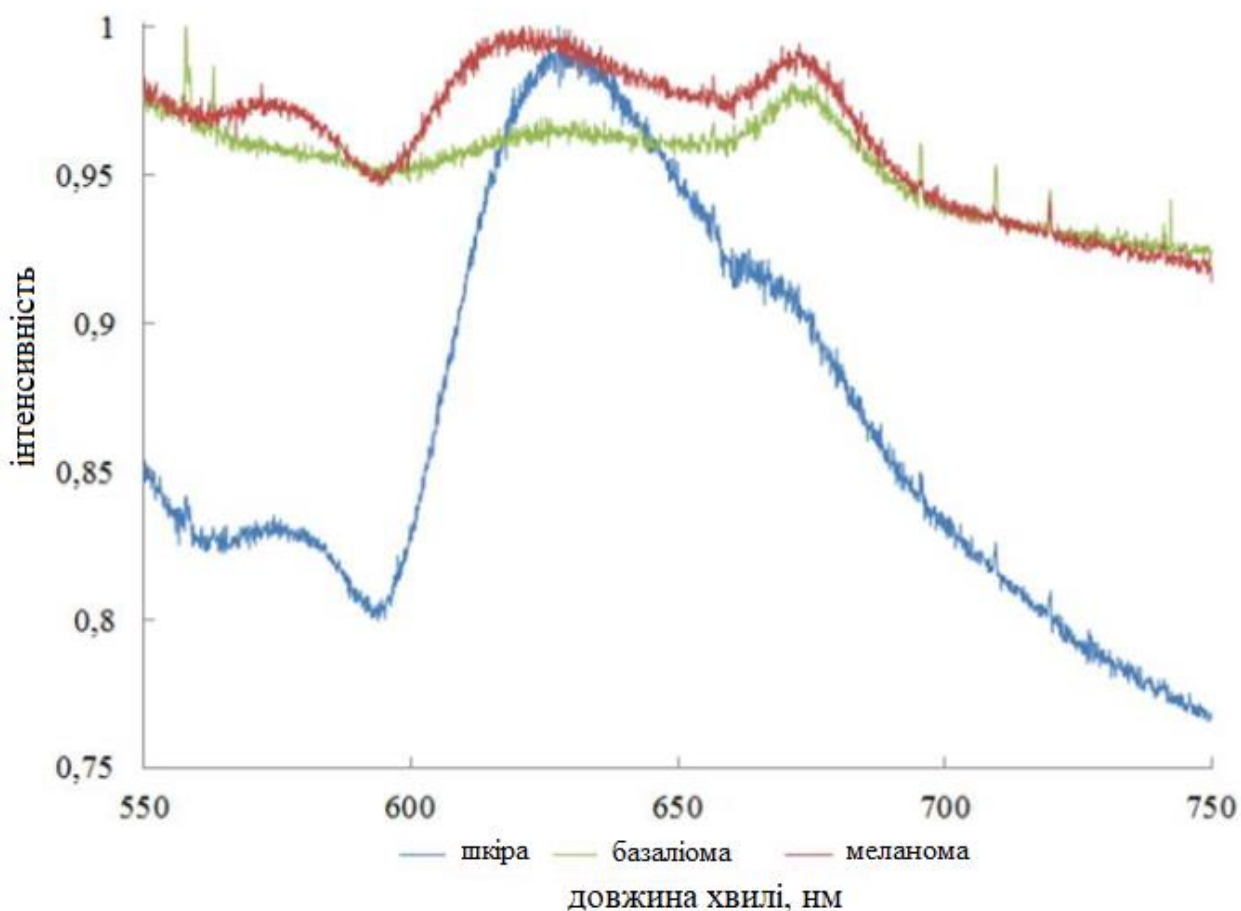


Рисунок 2.9 – Спектри автофлуоресценції здорової шкіри, базаліоми та меланоми

Аналіз експериментальних даних дозволив виявити основні смуги 580 і 620 нм, що характеризують патологічно змінені біотканини. Форма спектру та інтенсивність випромінювання у вибраних смугах дозволили провести диференціацію нормальної та патологічно зміненої шкіри. Для визначення наявності злоякісного новоутворення використано коефіцієнт рівний відношенню інтенсивностей спектрів автофлуоресценції у вибраних областях:

$$I = \frac{I_{580}}{I_{620}}$$

Якщо значення коефіцієнта  $I$  менше 0,81, то вважають, що досліджено здорову шкіру, якщо значення коефіцієнта  $I$  знаходиться в інтервалі між 0,81 та 0,96, то досліджували базаліому, якщо значення  $I$  було більше 0,96, то досліджували меланому. На рисунку 2.10 представлені залежності стану шкірного новоутворення від значення коефіцієнта  $I$ . [41]

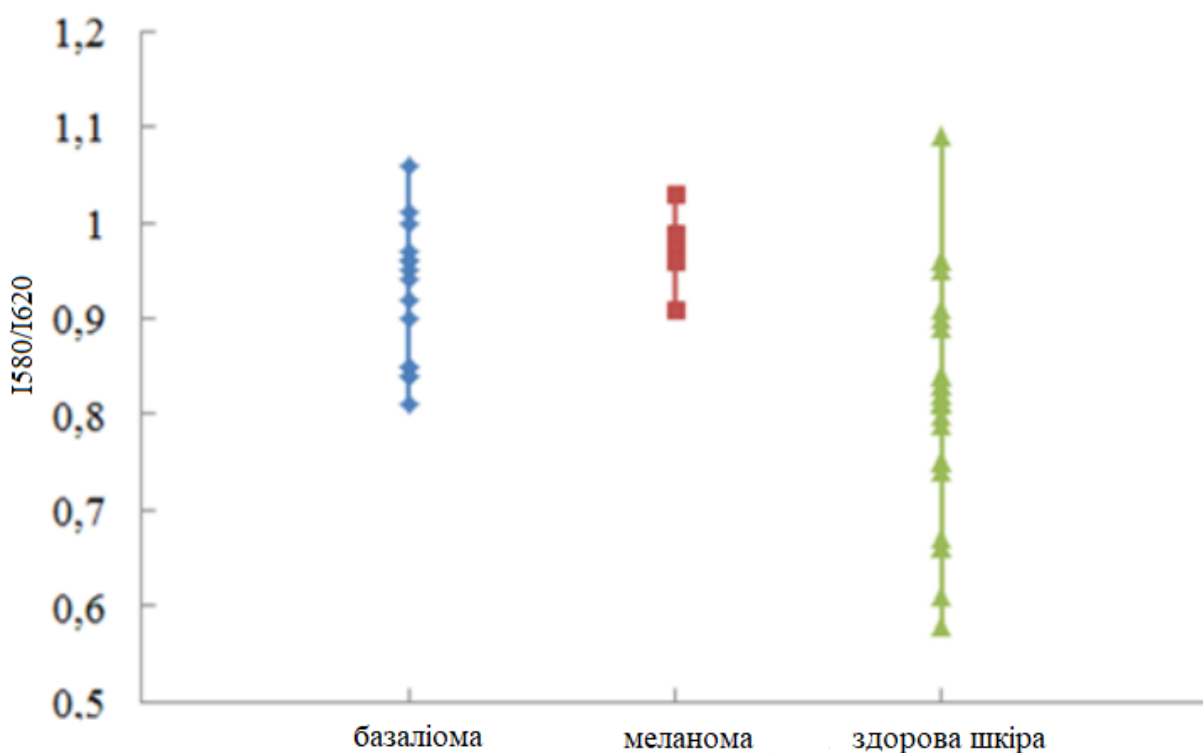


Рисунок 2.10 – Значення коефіцієнта  $I$  автофлуоресценції здорової шкіри, базаліоми та меланоми

У процесі аналізу експериментальних досліджень під час реєстрації спектрів отримано дані про положення основних максимумів, які були у межах 550 – 575 нм, 600 – 625 нм.

На малюнку 2.9 видно, що в автофлуоресценції спектрі здорової тканини та патології є два явні максимуми. Положення максимумів змінюються не тільки за інтенсивності, а й за довжиною хвилі. Це відбувається через зміну кількісного складу компонентів зразка. При цьому відбувається зміщення основних максимумів спектра за довжиною хвилі. Це можна використовувати

для більш детального аналізу диференціації спектру здорової шкіри та патології.

Для даних спектрів характерні два основні максимуми. На рисунку 2.11 представлено довжини хвиль, що відповідають положенням максимумів спектрів при автофлуоресценції діагностиці зразків у діапазоні 550 – 640 нм.

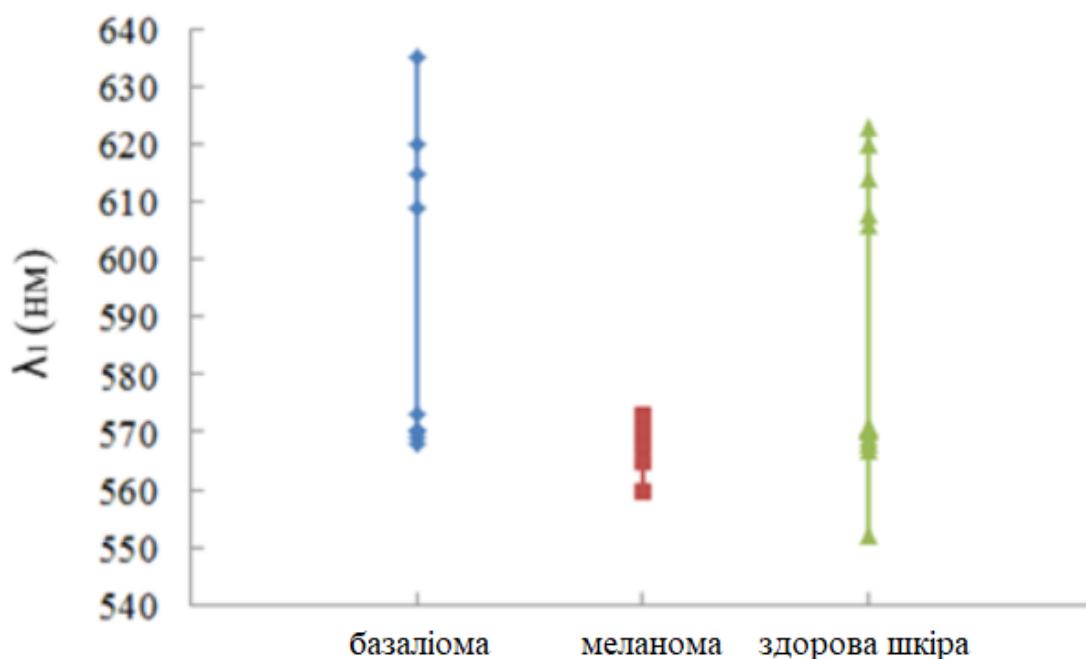


Рисунок 2.11 – Положення максимумів спектрів здорової шкіри, базаліоми та меланоми в діапазоні 550 – 640 нм

На рисунку 2.12 представлено основні положення максимумів спектрів при діагностиці зразків шкіри у діапазоні 600 – 690 нм.

Вид залежності на рисунках 2.11 та 2.12 дозволяє сформулювати нову методику диференціації меланоми з інших типів тканин. Критерієм диференціації меланоми від інших новоутворень є розташування її максимумів у діапазонах 555 – 575 нм та 600 – 625 нм.

Для підвищення точності методики диференціації патології від здорової тканини була використана нейронна мережа, навчена на класифікуючих ознаках спектрів автофлуоресценції:

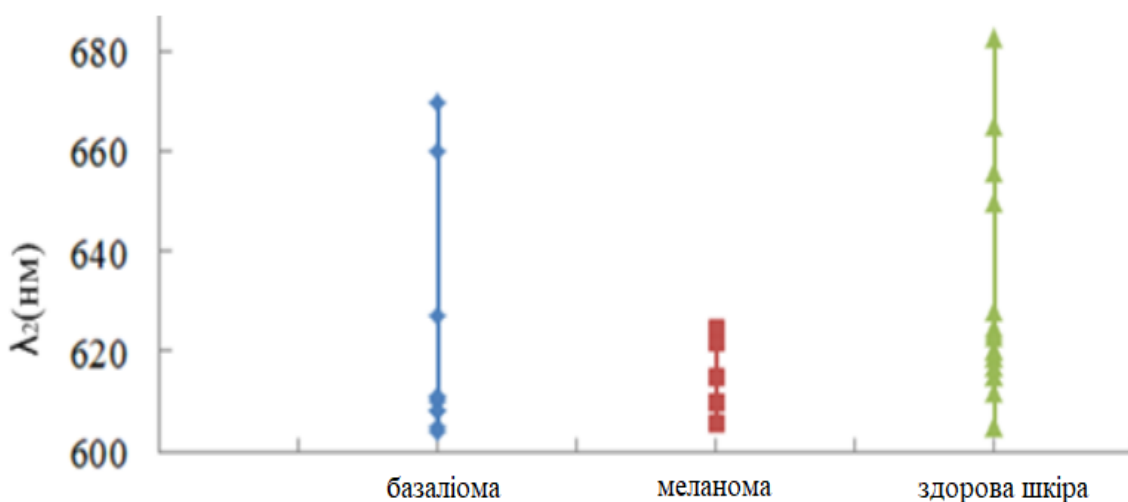


Рисунок 2.12 – Положення максимумів спектрів здорової шкіри, базаліоми та меланоми в діапазоні 600 – 690 нм

$I_{580}$  – значення мінімуму спектра в діапазоні 580-620 нм;

$I_{620}$  – значення максимуму спектра в діапазоні 580-620 нм;

$I$  – відношення інтенсивності спектрів на довжинах хвиль рівних 580 і 620нм.

$\lambda_1$  – розташування максимуму спектра в діапазоні 555-575 нм;

$\lambda_2$  – розташування максимуму спектра в діапазоні 600-625нм.

Значення ознак є унікальним для кожного окремого спектру автофлуоресценції, а їх сукупність дозволяє диференціювати патологію від шкіри. Для пошуку максимумів/мінімумів із заданих діапазонів спектра, використано алгоритм знаходження точки при якій значення інтенсивності спектрів, розташованих по обидва боки від перевірки, нижче/вище перевіряється на delta (піковий поріг) [43].

Для реалізації цього методу використано функцію `peakdet`, лістинг якої представлено рисунку 2.13. Виявлення піків у векторі `[maxtab, mintab] = peakdet(v, delta)` знаходить локальні максимуми та мінімуми («Піки») у векторі `v`. `Maxtab` та `mintab` складається з двох стовпців. Стовпець 1 містить індекси вектора `V`, а стовпець 2 – знайдені значення.

За допомогою  $[maxtab, mintab] = peakdet(v, delta, x)$  індекси в  $maxtab$  та  $mintab$  замінюються відповідними значеннями  $X$ . Точка вважається максимальним піком, якщо вона має максимальне значення, і їй передувало (ліворуч) значення, менше значення  $delta$ .

```
function [maxtab, mintab]=peakdet(v, delta, x)
maxtab = [];
mintab = [];
if nargin < 3
    x = (1:length(v))';
else
    x = x(:);
    if length(v)~= length(x)
        error('Входные векторы v и x должны иметь одинаковую длину');
    end
end
if (length(delta(:))>1
    error('Входной аргумент DELTA должен быть скаляром');
end
if delta <= 0
    error('Входной аргумент DELTA должен быть положительным');
end
mn = Inf; mx = -Inf;
mnpos = NaN; mxpos = NaN;
lookformax = 1;
for i=1:length(v)
    this = v(i);
    if this > mx, mx = this; mxpos = x(i); end
    if this < mn, mn = this; mnpos = x(i); end
    if lookformax
        if this < mx-delta
            maxtab = [maxtab ; mxpos mx];
            mn = this; mnpos = x(i);
            lookformax = 0;
        end
    else
        if this > mn+delta
            mintab = [mintab ; mnpos mn];
            mx = this; mxpos = x(i);
            lookformax = 1;
        end
    end
end
end
```

Рисунок 2.13 – Лістинг функції пошуку максимумів/мінімумів із заданих діапазонів спектру

Піковий поріг встановлено вище максимального розмаху шуму спектра. З багатьох знайдених піків по всій довжині хвилі в діапазонах 555-575 нм, 600-625 нм вибираємо максимальний/мінімальний пік. На рисунку 2.14 продемонстровано результат роботи такого алгоритму. Червоним кольором



відображено спектр здорової шкіри, голубим – патологію. Максимуми спектрів виділені зеленою зірочкою, мінімуми показані синьою.

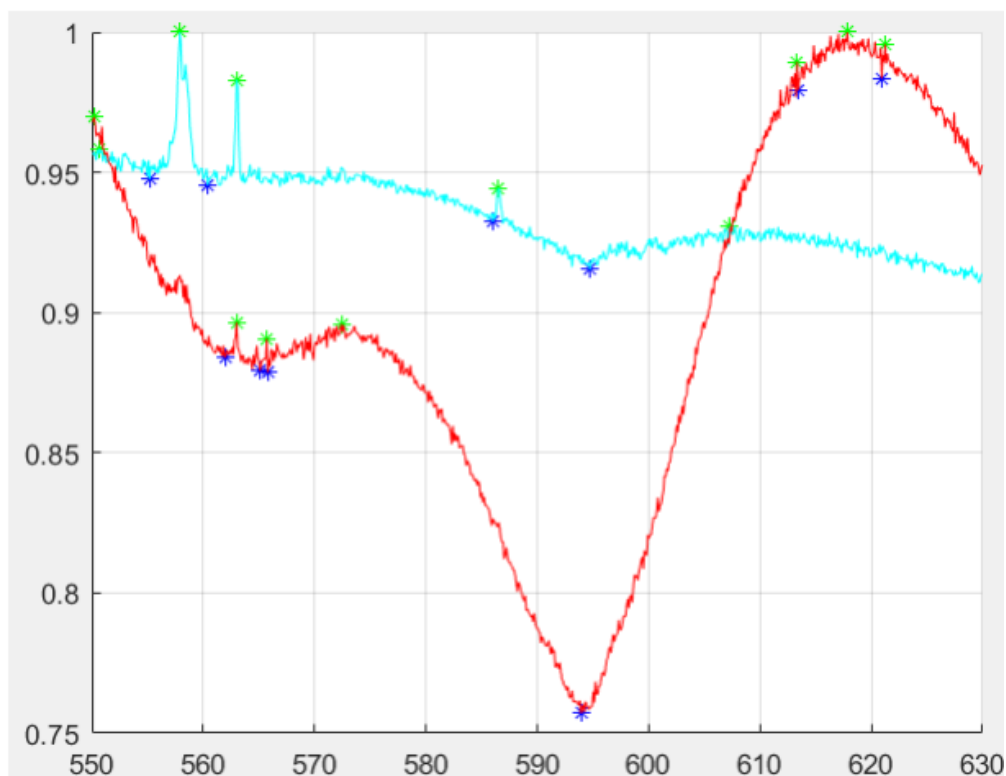


Рисунок 2.14 – Нормовані спектри здорової шкіри та патології з виділеними максимумами та мінімумами

Основною проблемою для обчислення класифікуючих ознак спектра є зразки, в яких відсутні явні максимуми в діапазонах 555-575 нм, 600-625 нм. Для цих випадків використано рекурсивне зменшення значення пікового порога, доки в діапазонах, що перевіряються, не з'являться значення піків, з яких буде вибрано максимальний. Лістинг коду, який реалізує функцію рекурсивного зменшення порогового піку наведено на рисунку 2.15.

Цей спосіб дозволяє вирішити проблему відсутності значення класифікуючої ознаки, але при цьому з'являється ймовірність спотворення значень, що використовуються у навчальній вибірці. При таких умовах точність виявлення патологій шкіри на основі діагностичних даних суттєво знижується.

```

function lambda=Fiend_lambda_MIN(semple,alfa,betta,n)
delta=0.01;
id_lambda=[];
while isempty(id_lambda)
    [~, min_peaks]=peakdet(semple(2,:), delta, semple(1,:));%пики АФ (паталогия)
    if ~isempty(min_peaks)
        if min_peaks(1,1)==semple (1,2)||min_peaks(1,1)==semple (1,1)
            min_peaks (1,:)=[];
        end
    end
    if ~isempty(min_peaks)
        id_lambda=find(min_peaks(:,1)>alfa&min_peaks(:,1)<betta);%адрес пиков 555-575
        (паталогия)
    end
    delta=delta-0.0009;
end    [lambda_N1_1,~]=find(min_peaks==max(min_peaks(id_lambda(:,2))));
lambda=min_peaks(lambda_N1_1,n);
end

```

Рисунок 2.15 – Екранна форма лістингу коду реалізації функції рекурсивного зменшення

Задача диференціації патологій від здорових біотканин задачею бінарної класифікації. На основі проведеного дослідження складено навчальну вибірку, що складається з двох наборів векторів ознак розмірність 1x5. Ознаки, поміщені у вектор, не мають просторового зв'язку, а отже розроблена модель не має відслідкувати такі зв'язки.

Для диференціації такого типу підійде мережа прямого поширення, яка виконує роль класифікатора. Проте при цьому підході існує можливість упущення прихованих залежностей і втрати важливих ознак, що робить вищезазначений підхід не придатним для розв'язування задачі. Вищезазначені висновки підтверджують правильність вибору архітектури загорткової нейромережі, що поєднує процедуру пошуку класифікуючих ознак та їх подальшу класифікацію.

## 2.4 Висновки до розділу

Охарактеризовано CNN як перспективний механізм машинного навчання. Проаналізовано спектри автофлуоресценції для диференціації зразків шкіри, описано параметри спектрів, які відрізняють здорову шкіру від меланоми та базаліоми. Створено навчальну вибірку, що складається з векторів характеристик спектрів одержаних за допомогою стохастичних методик диференціації патології шкіри. Проведено аналіз різних нейромережєвих архітектур, у результаті порівняльного аналізу для розв'язування задачі аналізу діагностичних даних для виявлення патологій шкіри обрано мережі VGG16/19, Xception.

## 3 РЕАЛІЗАЦІЯ АЛГОРИТМУ АНАЛІЗУ ДІАГНОСТИЧНИХ ДАНИХ

### 3.1 Аналіз програмного забезпечення

Для виконання кваліфікаційної роботи використано середовище для математичного моделювання MATLAB 8.4 (R2017a), Python 3.6, що надають широкий інструментарій на вирішення задач машинного навчання [42, 43, 49]. MATLAB (matrix laboratory) – є багатофункціональним обчислювальним середовищем, робота в якому здійснюється на однойменній запатентованій мові програмування, розробленою в MathWorks. MATLAB дозволяє маніпулювати матрицями, будувати функції та дані, реалізовувати алгоритми, створювати інтерфейси користувача та взаємодіяти з програмами, написаними на інших мовах, включаючи C, C++, C#, Java, Fortran та Python.

Середовище розробки MATLAB також включає пакет Neural Network Toolbox, що містить засоби для проектування, моделювання, розробки та візуалізації нейронних мереж. Пакет забезпечує всебічну підтримку типових нейромережових парадигм та має відкриту модульну архітектуру. Тулбокс містить функції командного рядка та графічний інтерфейс користувача для швидкого покрокового створення нейромереж [49].

Ядро MATLAB дозволяє максимально просто працювати із матрицями реальних, комплексних та аналітичних типів даних, зі структурами даних та таблицями пошуку. MATLAB містить вбудовані функції лінійної алгебри, швидкого перетворення Фур'є, функції для роботи з поліномами, функції базової статистики та чисельного вирішення диференціальних рівнянь, а також розширені математичні бібліотеки для Intel MKL. Всі вбудовані функції ядра MATLAB розроблені та оптимізовані спеціалістами і працюють швидше за їх еквіваленти на C/C++ або Java [17].

Python – це інтерпретована мова програмування високого рівня для програмування загального призначення. Створений Guido van Rossum та вперше випущений у 1991 році, Python дотримується філософії, яка підкреслює

читання коду, виділяючи блоки відступами (significant whitespace). Він надає конструкції, які забезпечують чітке програмування як у малих, так і у великих масштабах [43].

Python має систему динамічної типізації та автоматичне керування пам'яттю. Він підтримує кілька парадигм програмування, у тому числі об'єктно-орієнтовану, імперативну, функціональну, процедурну, і має велику та всеосяжну стандартну бібліотеку [35, 37, 42].

Останнім часом мова програмування Python стала якісним інструментом для наукових обчислень, включаючи аналіз та візуалізацію великих наборів даних. Мова програмування Python придатна для науки про дані в основному завдяки великій екосистемі пакетів, створених сторонніми розробниками [27, 35]:

NumPy – бібліотека для роботи з однорідними даними у вигляді масивів.

Pandas – бібліотека для роботи з неоднорідними та поіменованими даними.

SciPy – бібліотека для загальних наукових обчислювальних задач.

Написання Python-коду проведено у безкоштовній кроссплатформенній IDE Spyder, яка має відкритий вихідний код. В Spyder інтегровані бібліотеки NumPy, SciPy, Matplotlib та IPython.

Особлива увага приділяється бібліотеці Keras версії 2.1.6. Це – неймережева бібліотека з відкритим вихідним кодом написана на Python. Вона є надбудовою над фреймворками TensorFlow, Microsoft Cognitive Toolkit, Theano [33, 34, 47]. В даний момент за замовчуванням Keras використовує Tensorflow.

Розроблена бібліотека для швидкої роботи з глибокими неймережами, він фокусується на зручності, модульності та розширюваності в рамках дослідницької роботи проекту ONEIROS (Open Neun-Electronic Intelligent Robot Operating System).

Tensorflow – фреймворк для глибокого машинного навчання, розроблений компанією Google для вирішення задач побудови та тренування неймереж з

метою автоматичного знаходження та класифікації образів [47]. Основне API для роботи з бібліотекою реалізовано для Python, також існують реалізації для C++, Haskell, Java та Go. У 2015 році система була переведена у вільний доступ із відкритою ліцензією Apache 2.0.

### 3.2 Формування наборів даних на основі спектрів комбінаційного розсіювання

Сирі дані є матрицею розмірності  $2 \times 1024$ , які складаються із значень довжин хвилі спектрограми та відповідних їм значень інтенсивності зображено на рисунку 3.1.

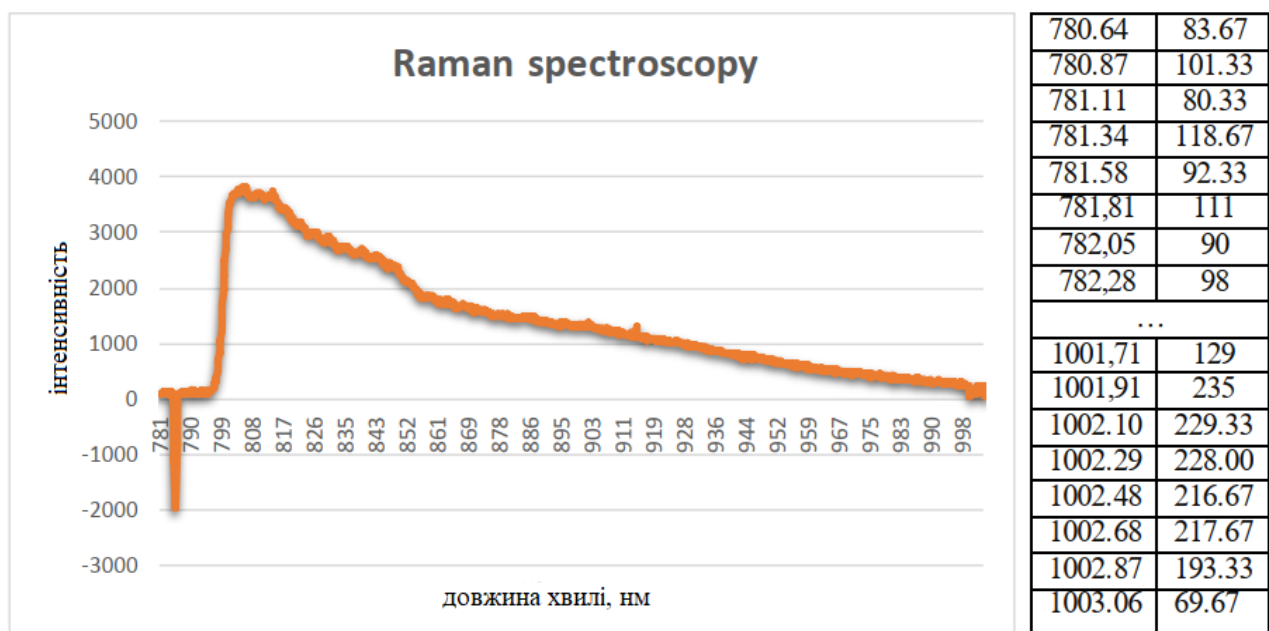


Рисунок 3.1 – Приклад неопрацьованих даних та їх візуалізація

Для обробки натренованими згортковими нейромережами необхідне їх подання у вигляді каскаду горизонтально розташованих частин спектру, при цьому зберігаючи просторову залежність значень інтенсивності від довжини хвилі. Отримані матриці має розмірність  $44 \times 44$ .

У таблиці 3.1 показано, що мінімальними розмірами вхідних тензорів згорткових мереж є, 48x48 для VGG16, 48x48 для VGG19 та 71x71 для Xception.

Зміна розміру вхідних даних призведе до появи шуму та артефактів, що впливають на точність нейромережі. Якщо коефіцієнт масштабування для мереж VGG становить лише 1.19, то для архітектури Xception необхідно збільшити вхідні дані приблизно в 2.6038 раз.

Для збільшення розміру вхідних даних представлених у вигляді квадратної матриці використано метод двовимірної сплайн-апроксимації по прямокутній сітці (bivariate spline approximation over a rectangular mesh). Цей метод може застосовуватися як для апроксимації, так і для інтерполяції даних. Суть інтерполяції полягає у використанні наявних даних для отримання очікуваних значень у невідомих точка, що продемонстровано на рисунку 3.2.

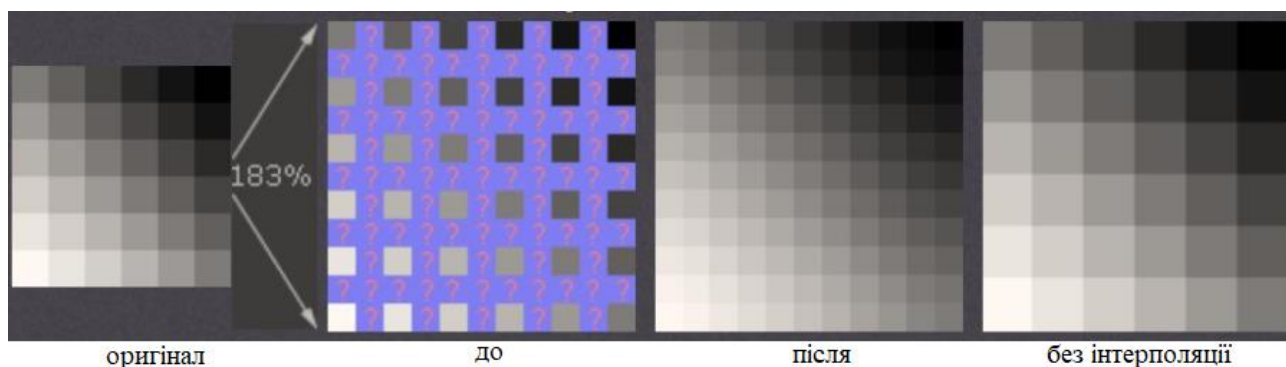


Рисунок 3.2 – Візуалізація роботи алгоритму інтерполяції

Альтернативою цього методу є інтерполяція спектра перед його поданням у матричній формі. Для цього застосовують метод лінійної інтерполяції. На основі цієї методики створено два набори даних для навчання нейромереж із передвибраними згортковими шарами VGG16/19 та Xception.

Для ефективного використання згорткової нейромережі Xception вибрано методом дублювання інформативних елементів спектра. Такий спосіб, крім зменшення коефіцієнта масштабування, дозволяє нейромережі акцентувати увагу на окремих частинах спектру, збільшуючи значущість її окремих областей

при диференціації патології. На рисунку 3.3 показано результат продубльованої інформативної ділянки спектра.

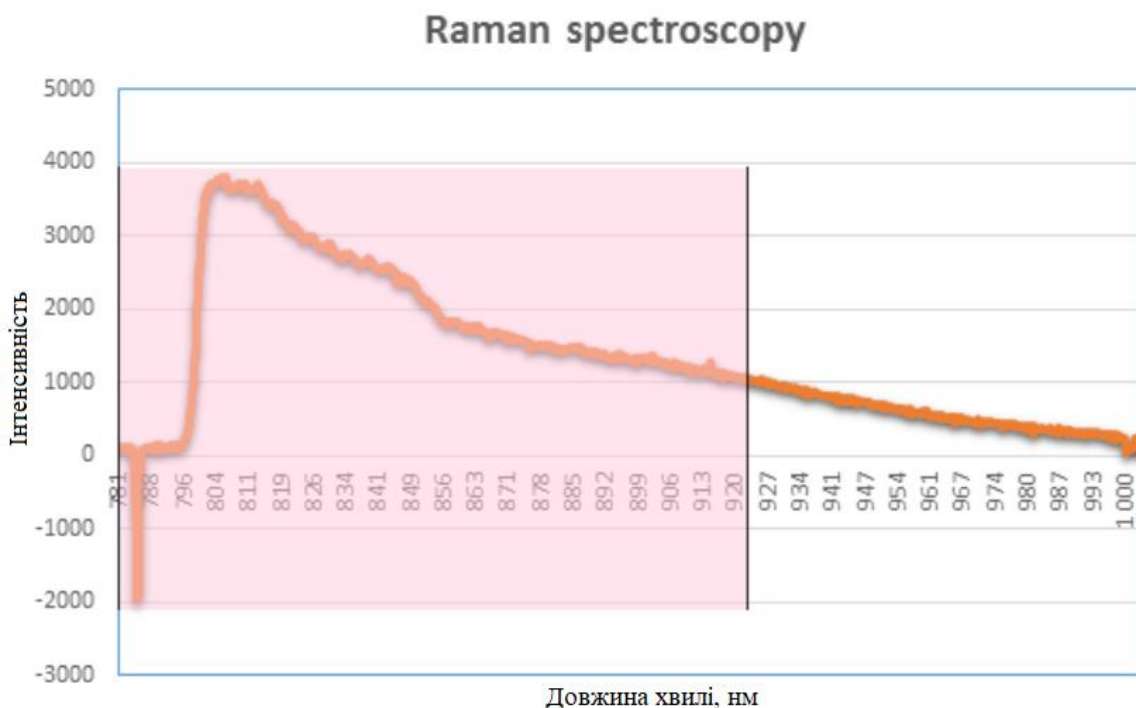


Рисунок 3.3 – Ілюстрація продубльованої інформативної ділянки спектра

Спектроскопія комбінаційного розсіювання відрізняється спектром з яскраво вираженими піками, які відповідають наявності певної речовини у досліджуваному середовищі. Як дубльовану ділянку спектра візьмемо область із довжиною хвилі 781 до 923 нм. На ній зареєстровано 648 значень інтенсивності  $U$  сукупності зі значеннями довжин хвиль вхідні дані можна подати у вигляді квадратної матриці розмірністю  $36 \times 36$ . Для використання в згортковій мережі Xception продублюємо матрицю 4 рази.

Також скористаємося підходом дублювання інформативних ділянок спектра для створення набору даних мережі VGG16/19. Довжина хвилі дубльованої ділянки становить 781 до 909 нм із зареєстрованими 576 значеннями інтенсивності. Для використання в згорткових мережах VGG16/19 достатньо продублювати матрицю двічі.



Набір даних представляє список numpy масивів певного формату. Індеси списку відповідають даному списку (див. рис. 3.4). Спектроскопія меланому 0, спектроскопія зразка шкіри – 1, спектроскопія базаліоми – 2, спектроскопія зразка шкіри – 3, спектроскопія невуса – 4, спектроскопія зразка шкіри – 5, спектроскопія кератоми – 6, спектроскопія зразка шкіри – 7, спектроскопія інших патологій – 8, спектроскопія зразка шкіри – 9, спектроскопія зразків, які не мають діагнозу – 10.

Індекс	Тип	Розмір	Значення
0	list	86	[Numpy array, Numpy array, Numpy array, Numpy array, Numpy array, Nump ...
1	list	82	[Numpy array, Numpy array, Numpy array, Numpy array, Numpy array, Nump ...
2	list	60	[Numpy array, Numpy array, Numpy array, Numpy array, Numpy array, Nump ...
3	list	59	[Numpy array, Numpy array, Numpy array, Numpy array, Numpy array, Nump ...
4	list	110	[Numpy array, Numpy array, Numpy array, Numpy array, Numpy array, Nump ...
5	list	106	[Numpy array, Numpy array, Numpy array, Numpy array, Numpy array, Nump ...
6	list	9	[Numpy array, Numpy array, Numpy array, Numpy array, Numpy array, Nump ...
7	list	9	[Numpy array, Numpy array, Numpy array, Numpy array, Numpy array, Nump ...
8	list	98	[Numpy array, Numpy array, Numpy array, Numpy array, Numpy array, Nump ...
9	list	96	[Numpy array, Numpy array, Numpy array, Numpy array, Numpy array, Nump ...
10	list	260	[Numpy array, Numpy array, Numpy array, Numpy array, Numpy array, Nump ...

Рисунок 3.4 – Екранна форма загального набору даних

Усього було створено 5 наборів даних:

VGG16/19\_dataSet\_48x48\_968x2;

VGG16/19\_dataSet\_48x48(24x48x2)\_2x576x2;

VGG16/19\_dataSet\_48x48\_1152x2;

Xception\_dataSet\_72x72(32x32x4)\_1x1024;41

Xception\_dataSet\_72x72(36x36x4)\_2x648.

Назва містить коротку інформацію про дані, що містяться в наборі даних.

Інформацію щодо всіх створених наборів даних представлено у таблиці 3.1.

Створені набори даних збережені за допомогою модуля pickle, у форматі pickle. Pickle – це модуль, що реалізує двійкові протоколи для серіалізації та десеріалізації об'єкта Python. «Pickling» – це процес, відповідно до якого ієрархія об'єктів Python перетворюється на потік байтів, а "unpickling" – це зворотна операція, в результаті якої потік байтів (з двійкового файлу або байтоподібного об'єкта) перетворюється назад на мову Python.

Таблиця 3.1 – Набори даних, що базуються на спектрах комбінаційного розсіювання

Вхідні дані	Розмірність	Інтерполяція даних	Коефіцієнт масштабування	Квадратне представлення	Мережа
Інтенсивність+довжина хвилі	2×968	48×48	1.19	48×48	VGG16/19
Інтенсивність+довжина хвилі	2×1024	1152×2	1.25	48×48	VGG16/19
Інтенсивність+довжина хвилі	2×576×2	-	1	24×48×2	VGG16/19
Інтенсивність+довжина хвилі	2×648	-	1	36×36×4	Xception
Інтенсивність	1×1024	1296	1.27	36×36×4	Xception

Кожен із наборів даних доступний для завантаження в програму за допомогою функції `open`. Лістинг коду створення набору даних надано в додатку Б.

### 3.3 Диференціація результатів автофлуоресценції

Для вирішення задачі диференціації шкіри від патології обрано неймережу на основі багатошарового перцептрон, яка містить 1 прихований шар.

Маючи в наявності 42 усереднених зразка, з яких 21 зразок здорової шкіри та 21 патології, спроектовано та навчено неймережу. При навчанні неймережі використано алгоритм Левенберга Маркворта, при якому навчальна вибірка ділиться у випадковому порядку на три набори: 60% використовується для навчання (Training), 20% для перевірки достовірності отриманих результатів та уникнення перенавчання (Validation), 20% для незалежного випробування мережі (Test). Процес навчання неймережі припинився при досягненні значення середньоквадратичної помилки у розмірі 0.19. Процес тренування зображено на рисунку 3.5.

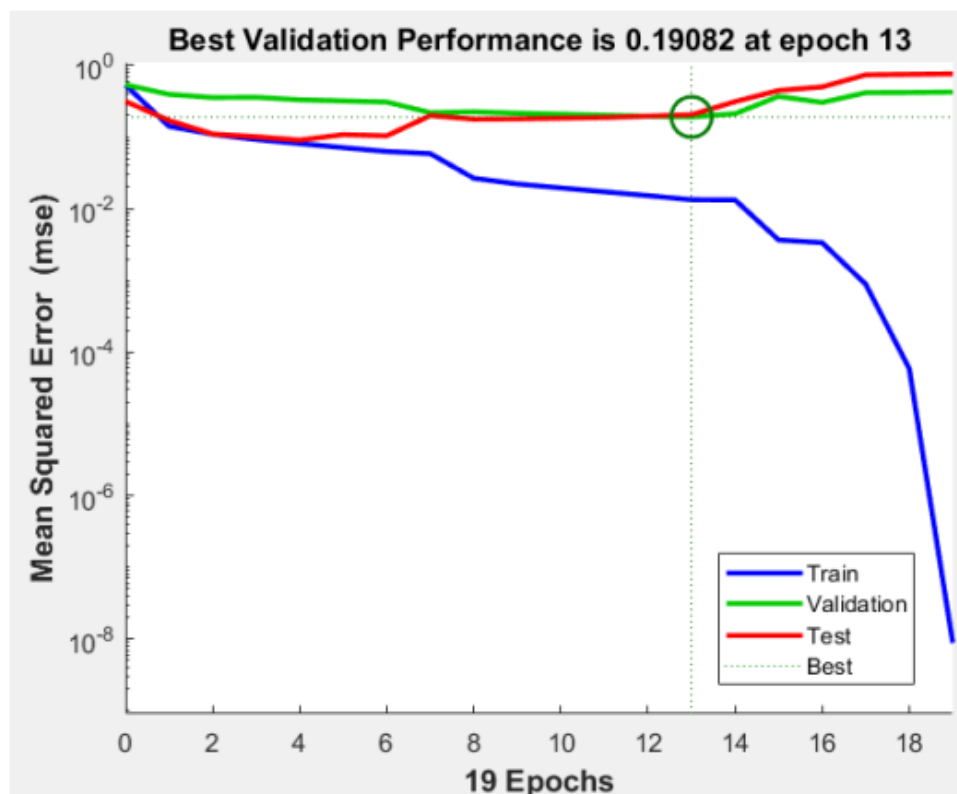


Рисунок 3.5 – Графік навчання неймережі

Досягнення зазначеної похибки відбулося на 13 епісі навчання нейромережі. На наступних епохах значення помилки лише збільшувалося.

По завершенню навчання розроблено регресійну модель вихідних результатів нейромережі, зображену на рисунку 3.6. Коефіцієнт кореляції ( $R$ ) показує ефективність роботи нейромережевого алгоритму під час опрацювання вхідних даних. Незважаючи на досить ефективну роботу нейромережі на навчальній вибірці ( $R=0.97$ ), робота з тестовою вибіркою виявилася незадовільною.

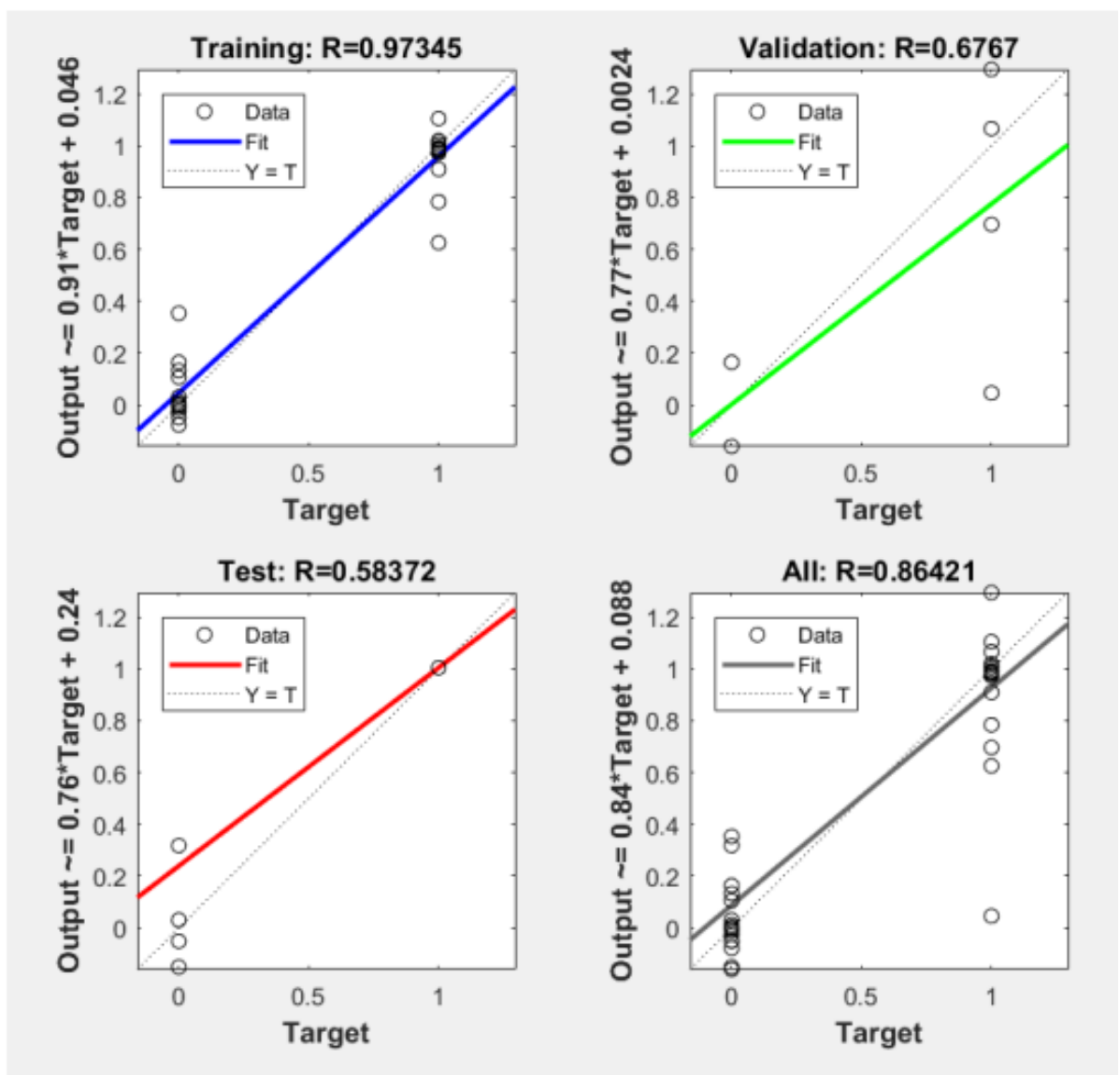


Рисунок 3.6 – Показники регресійної моделі нейромережі на усереднених спектральних даних

Це є наслідком використання навчальної вибірки малої розмірності. Для підтвердження, мережу навчено повторно на неусереднених даних спектрів автофлуоресценції. Із 126 зразків 63 зразки здорової шкіри та 63 зразки патології.

Значення коефіцієнта кореляції під час перевірки на навчальній вибірці знизилося, але при цьому спостерігається значне підвищення точності класифікації здорової шкіри та патології на основі тестової вибірки, що продемонстровано на рисунку 3.7

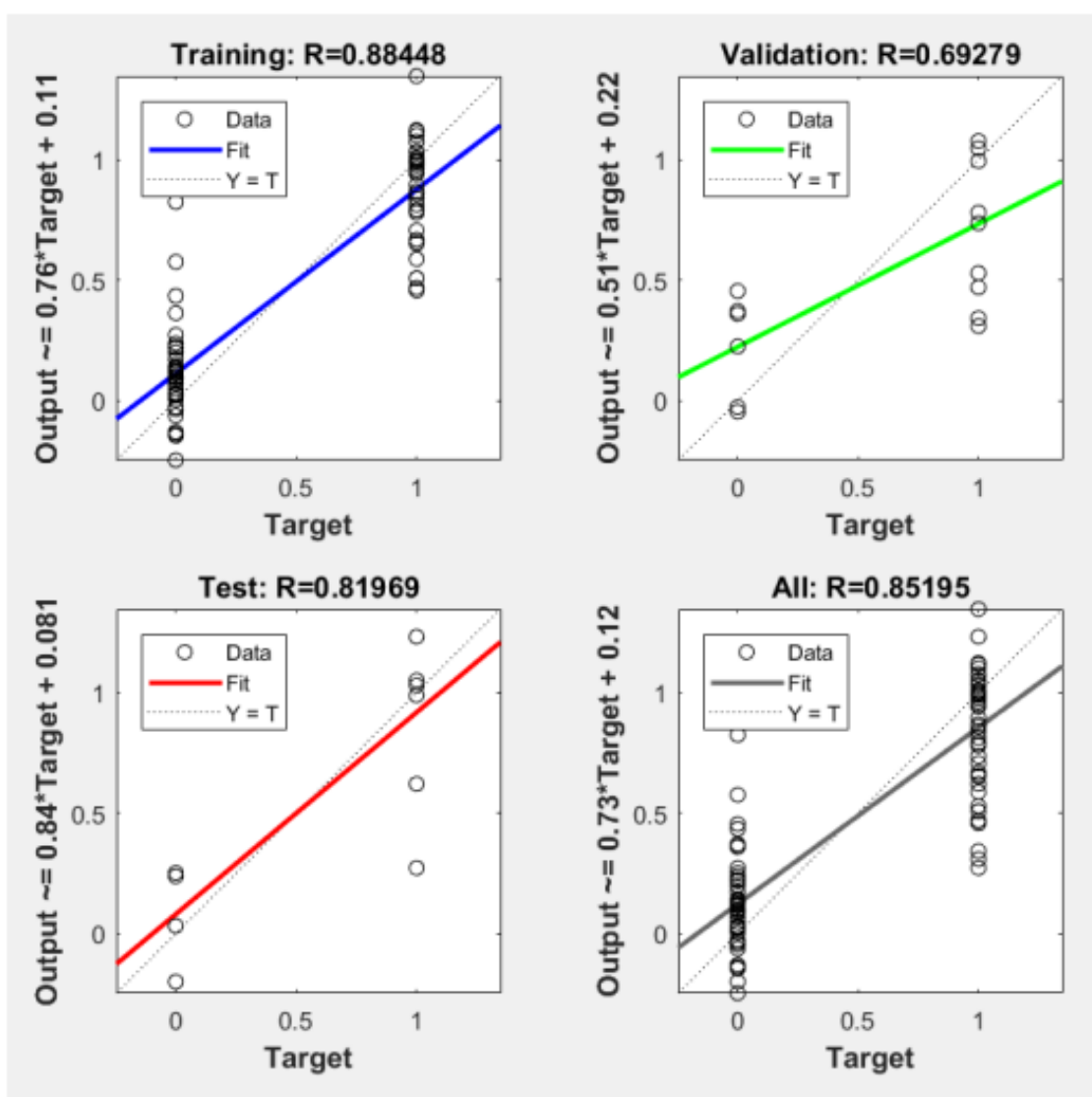


Рисунок 3.7 – Показники регресійної моделі нейромережі на основі не усереднених спектральних даних

У медицині для характеристики інформативності діагностичних методів дослідження служать об'єктивні параметри, названі операційними характеристиками дослідження (тесту) [50]. Зокрема, розглянемо такі характеристики як чутливість та специфічність.

Чутливість ( $Se$ ) – це здатність діагностичного методу давати правильний результат, що визначається як частка істинно позитивних результатів серед усіх проведених випробувань.

$$Se = \frac{TP}{TP + FN} \cdot 100\% , \quad (3.1)$$

де  $TP$  – кількість істинно негативних результатів;

$FN$  – кількість хибно-позитивних результатів.

Специфіка ( $Sp$ ) – це здатність діагностичного методу не давати при відсутності захворювання хибнопозитивних результатів, який визначається як частка істинно негативних результатів серед здорових осіб у групі досліджуваних. Цей показник визначається за формулою:

$$Se = \frac{TN}{TN + FP} \cdot 100\% , \quad (3.2)$$

де  $TN$  – кількість істинно негативних результатів;

$FP$  – кількість хибнопозитивних результатів.

У зазначеному випадку значення чутливості навченої нейромережі становить 80%, тоді як специфічність лише 40%.

Коефіцієнт кореляції роботи на тестовій вибірці підвищився із збільшенням навчальної вибірки, але класифікуючі ознаки, отримані при обробці неусереднених даних, можуть мати відхилення від фактичного результату, тим самим збільшуючи помилку визначення патології до завантаження навчальної вибірки у мережу.

### 3.4 Виявлення патологій шкіри на основі загорткових нейромереж

Формально задачу диференціації патологій шкіри поділено на 4 частини. Згорткові нейромережі навчалися для вирішення задач бінарної класифікації:

- меланома/базаліома (м/б);
- меланома/невус (м/н);
- базаліома/невус (б/н);
- доброякісні/злаякісні пухлини (д/з).

З підвантажених наборів даних вибрано необхідні вибірки для навчання нейромережі. Відповідно до завдання бінарної класифікації їм надано мітки класу 0, 1, поданих у вигляді масиву. Для чистоти експерименту дані перемішувалися за функцією, представленою на рисунку 3.8, та ділилися на 2 групи: Test і Training в співвідношенні 25%, 75% відповідно.

```
outputData=np.asarray(
    [ "1","0" for _ in
    range(len(data_new[0])+len(data_new[2]))]+
    [ "0","1" for _ in range(len(data_new[4]))]
)
outputData=outputData.astype('float32')

inputData=np.vstack((
    np.asarray(data_new[0]),
    np.asarray(data_new[2]),
    np.asarray(data_new[4]),
))

randomize = np.arange(len(outputData))
np.random.shuffle(randomize)
inputData = inputData[randomize]
outputData = outputData[randomize]

X_train,X_test = np . array_split ( inputData , 2 )
buff,X_test = np . array_split ( X_test , 2 )
X_train=np.vstack((X_train,buff))

Y_train,Y_test = np . array_split ( outputData , 2 )
buff,Y_test = np . array_split ( Y_test , 2 )
Y_train=np.vstack((Y_train,buff))
```

Рисунок 3.8 – Лістинг коду формування вибірки даних

Лістинг коду навчання нейронної мережі подано у додатку Б. Результати тестування нейромереж представлено у таблицях 3.2-3.4.

Таблиця 3.2 – Результати тестування архітектури VGG16

Набір даних	Задача	Метод масштабування	Кількість	Точність Test, %	Точність Training, %
dataSet_48x48_968x2	м/б	Інтерполяція	86/60	63	57
dataSet_48x48_968x2	м/н	Інтерполяція	86/110	55	58
dataSet_48x48_968x2	н/б	Інтерполяція	110/60	60	67
dataSet_48x48_968x2	д/з	Інтерполяція	86+60/110	64	57
dataSet_48x48(24x48x2)_2x576x2	м/б	Інтерполяція+дублювання спектра	86/60	58	59
dataSet_48x48(24x48x2)_2x576x2	м/н	Інтерполяція+дублювання спектра	86/110	52	59
dataSet_48x48(24x48x2)_2x576x2	н/б	Інтерполяція+дублювання спектра	110/60	67	69
dataSet_48x48(24x48x2)_2x576x2	д/з	Інтерполяція+дублювання спектра	86+60/110	46	54
dataSet_48x48_1152x2	м/б	Дублювання спектра	86/60	61	58
dataSet_48x48_1152x2	м/н	Дублювання спектра	86/110	54	56
dataSet_48x48_1152x2	н/б	Дублювання спектра	110/60	62	65
dataSet_48x48_1152x2	д/з	Дублювання спектра	86+60/110	49	50



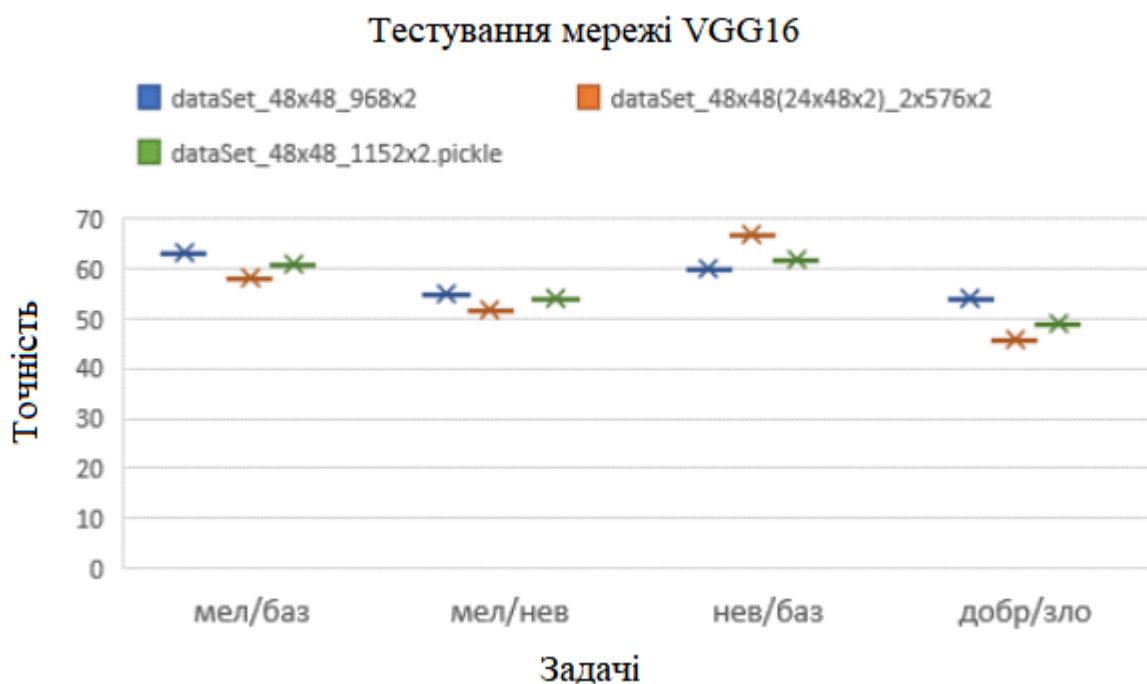


Рисунок 3.9 – Порівняльна гістограма результатів навчання мережі VGG16 на різних тестових вибірках

Таблиця 3.3 – Результати тестування VGG19

Набір даних	Задача	Метод масштабування	Кількість	Точність Test, %	Точність Training, %
dataSet_48x48_968x2	м/б	Інтерполяція	86/60	64	60
dataSet_48x48_968x2	м/н	Інтерполяція	86/110	61	53
dataSet_48x48_968x2	н/б	Інтерполяція	110/60	69	69
dataSet_48x48_968x2	д/з	Інтерполяція	86+60/110	58	57
dataSet_48x48(24x48x2)_2x576x2	м/б	Інтерполяція+дублювання спектра	86/60	53	63

dataSet_48x48(24x48x2)_2x576x2	м/н	Інтерполяція+дублювання спектра	86/110	55	56
dataSet_48x48(24x48x2)_2x576x2	н/б	Інтерполяція+дублювання спектра	110/60	59	66
dataSet_48x48(24x48x2)_2x576x2	д/з	Інтерполяція+дублювання спектра	86+60/110	51	56
dataSet_48x48_1152x2	м/б	Дублювання спектра	86/60	58	62
dataSet_48x48_1152x2	м/н	Дублювання спектра	86/110	60	55
dataSet_48x48_1152x2	н/б	Дублювання спектра	110/60	64	65
dataSet_48x48_1152x2	д/з	Дублювання спектра	86+60/110	53	56

## Тестування мережі VGG19

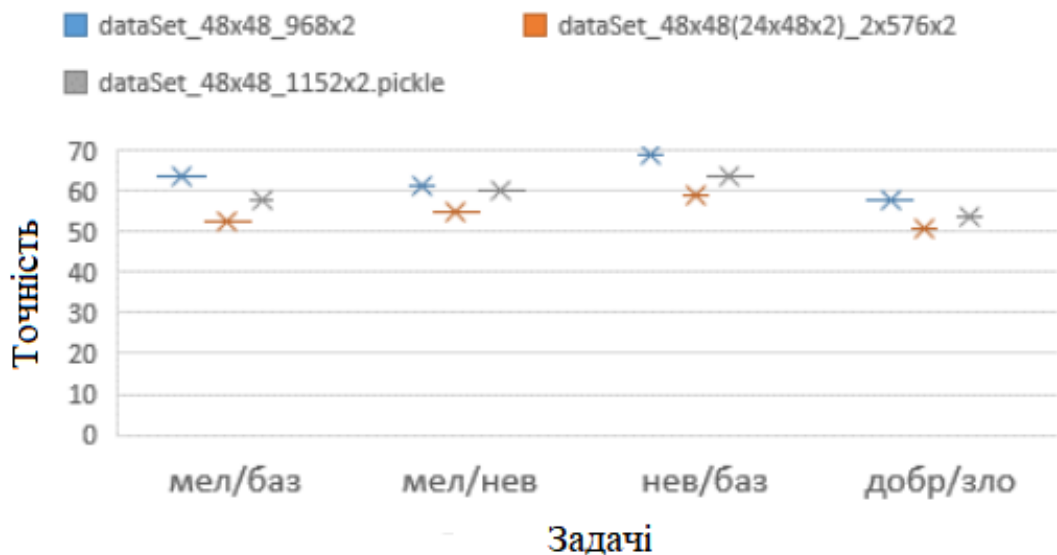


Рисунок 3.10 – Порівняльна гістограма результатів навчання мережі VGG19 на різних тестових вибірках

Таблиця 3.4 – Результати тестування Xception

Набір даних	Задача	Метод масштабування	Кількість	Точність Test, %	Точність Training, %
dataSet_72x72(36x36x4)_2x648	м/б	Дублювання спектра	86/60	54	61
dataSet_72x72(36x36x4)_2x648	м/н	Дублювання спектра	86/110	54	60
dataSet_72x72(36x36x4)_2x648	н/б	Дублювання спектра	110/60	63	69
dataSet_72x72(36x36x4)_2x648	д/з	Дублювання спектра	86+60/110	63	65
dataSet_72x72(32x32x4)_1x1024	м/б	Інтерполяція+дублювання спектра	86/60	56	60
dataSet_72x72(32x32x4)_1x1024	н/б	Інтерполяція+дублювання спектра	110/60	71	72
dataSet_72x72(32x32x4)_1x1024	д/з	Інтерполяція+дублювання спектра	86+60/110	70	65

Тестування мережі Xception

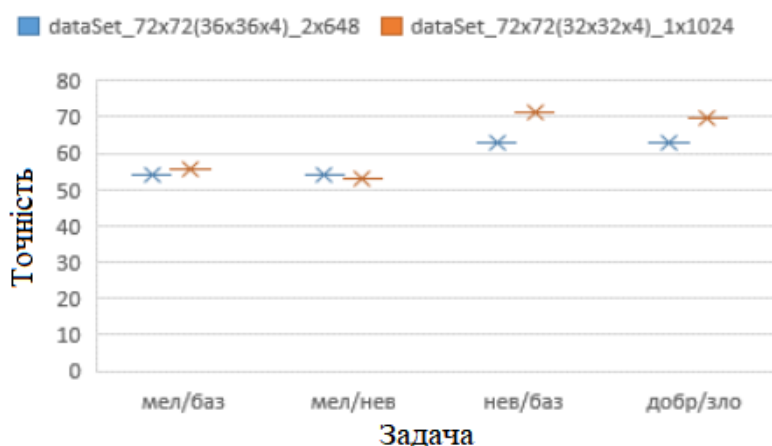


Рисунок 3.11 – Порівняльна гістограма результатів навчання мережі Xception на тестових даних

У середньому найбільшу точність показала модель нейромережі заснована на згорткових шарах мережі Xception і навчена на наборі даних формату 72x72(32x32x4)\_1x1024. Використовуючи модель, що базується на мережі Xception та ваги отримані при її навчанні на наборі даних 72x72(32x32x4)\_1x1024, проведемо тонке налаштування для кожної задачі бінарної класифікації.

Тонке налаштування мережі (fine-tuning) полягає у розблокуванні декількох верхніх шарів базової моделі, що використовуються для вилучення ознак та спільного навчання разом із знову доданою частиною мережі (в даному випадку повнозв'язного класифікатора). Цей метод називається тонким налаштуванням тому, що таке тренування коригує абстрактне уявлення передбаченої мережі, роблячи його актуальнішими для поточної проблеми.

Тонке налаштування можна проводити тільки після навчання нового класифікатора. Якщо класифікатор ще не навчений, тоді сигнал помилки, який розповсюджується по мережі під час тренування, буде занадто великим, і дані, раніше вивчені на основі тонкого налаштування, будуть знищені.

Алгоритм тонкого налаштування включає певні кроки.

1. Додавання власного класифікатора поверх вже навченої базової мережі.
2. Блокування навчання базової мережі.
3. Навчання доданої частини мережі.
4. Розблокування кількох шарів раніше заблокованої моделі.
5. Спільне тренування базової мережі разом із доданою частиною.

На рисунку 3.12 показано приклад діагностичного виведення в Keras, де:

- loss – значення помилки на навчальній вибірці;
- acc – точність на навчальній вибірці;
- val\_loss – значення помилки на валідаційних (перевірочних) даних;
- val\_acc – точність на валідаційних (перевірочних) даних.

Значення помилки обчислюється як значення бінарної крос-ентропії (binary cross-entropy):

$$BinaryCrossEntropy = -(y_{true} \log y_{pred} + (1 - y_{true}) \log(1 - y_{pred})), \quad (3.3)$$

де *BinaryCrossEntropy* – бінарна крос-ентропія;

$y_{true}$  – фактичний результат;

$y_{pred}$  – ймовірний результат.

```

Epoch 1/15
102/102 [=====] - 44s 434ms/step - loss: 0.5912 - acc: 0.7647 - val_loss: 0.6028 - val_acc:
0.7500
Epoch 2/15
102/102 [=====] - 10s 96ms/step - loss: 0.5375 - acc: 0.7598 - val_loss: 0.5730 - val_acc:
0.8077
Epoch 3/15
102/102 [=====] - 10s 96ms/step - loss: 0.5257 - acc: 0.7892 - val_loss: 0.5527 - val_acc:
0.8077
Epoch 4/15
102/102 [=====] - 10s 96ms/step - loss: 0.4958 - acc: 0.8088 - val_loss: 0.5214 - val_acc:
0.7885
Epoch 5/15
102/102 [=====] - 10s 96ms/step - loss: 0.4727 - acc: 0.7990 - val_loss: 0.5161 - val_acc:
0.8462
Epoch 6/15
102/102 [=====] - 10s 96ms/step - loss: 0.4611 - acc: 0.8235 - val_loss: 0.5070 - val_acc:
0.8654
Epoch 7/15
102/102 [=====] - 10s 96ms/step - loss: 0.5033 - acc: 0.8088 - val_loss: 0.4843 - val_acc:
0.8654
Epoch 8/15
102/102 [=====] - 10s 98ms/step - loss: 0.4787 - acc: 0.8137 - val_loss: 0.4756 - val_acc:
0.8462
Epoch 9/15
102/102 [=====] - 10s 96ms/step - loss: 0.5076 - acc: 0.7598 - val_loss: 0.4626 - val_acc:
0.8462
Epoch 10/15
102/102 [=====] - 10s 97ms/step - loss: 0.4673 - acc: 0.7990 - val_loss: 0.4558 - val_acc:
0.8462
Epoch 11/15
102/102 [=====] - 10s 96ms/step - loss: 0.3937 - acc: 0.8676 - val_loss: 0.4491 - val_acc:
0.8462
Epoch 12/15
102/102 [=====] - 10s 97ms/step - loss: 0.4008 - acc: 0.8725 - val_loss: 0.4449 - val_acc:
0.8462
Epoch 13/15
102/102 [=====] - 10s 101ms/step - loss: 0.3795 - acc: 0.8922 - val_loss: 0.4399 - val_acc:
0.8462
Epoch 14/15
102/102 [=====] - 10s 102ms/step - loss: 0.4041 - acc: 0.8578 - val_loss: 0.4329 - val_acc:
0.8269
Epoch 15/15
102/102 [=====] - 10s 99ms/step - loss: 0.4601 - acc: 0.8284 - val_loss: 0.4382 - val_acc:
0.8462

```

Рисунок 3.12 – Діагностичний висновок тонкого налаштування моделі Xception для задачі невус/базаліома

У таблиці 3.5 відображено результати тонкого налаштування нейромережі для задач аналізу діагностичних даних для виявлення патологій шкіри на основі показників точності, чутливості, специфічності.

Таблиця 3.5 – Результати тонкого налаштування

Набір даних	Зада ча	Точніс ть на тестові й вибірці	Точність на навчальн ій вибірці	Чутливіс ть, %	Специфічніс ть, %
dataSet_72x72(32x32x4)_1 x1024	н/б	83.33	89.84	73.33	98.15
dataSet_72x72(32x32x4)_1 x1024	н/м	59.32	68.12	40.48	95.74
dataSet_72x72(32x32x4)_1 x1024	м/б	65.31	75.05	90.43	57,16
dataSet_72x72(32x32x4)_1 x1024	з/д	64.84	76.82	85.91	54,21

Усі вагові коефіцієнти збережені у формі *h5*, моделі нейромереж збережені у форматі *json* і доступні для подальшої роботи. На основі нейромереж, навчених вирішувати задачі бінарної класифікації, розроблено алгоритм прийняття зваженого рішення щодо шкірних захворювань лікарем. Блок-схему алгоритму представлено на рисунку 3.13. Лістинг коду програми реалізації алгоритму наведено у додатку В.

Як видно із блок-схеми рисунка 3.13, нейромережа виявляє чи зразок шкіри, який діагностували, доброякісне чи злоякісне новоутворення. Якщо новоутворення є доброякісним, то досліджується його тип: чи це невус чи базаліома. Оскільки базаліома є напівзлаякісним новоутворенням шкіри, то при такій ситуації досить часто потрібні додаткові обстеження для переконання, що виявлена базаліома не є меланою. Зважаючи на вищезазначене, розроблений алгоритм є слугує допоміжним інструментом при діагностиці шкірних захворювань лікарем. При постановці правильного діагнозу велику роль відіграє досвід лікаря та точність зображень як результатів діагностики.

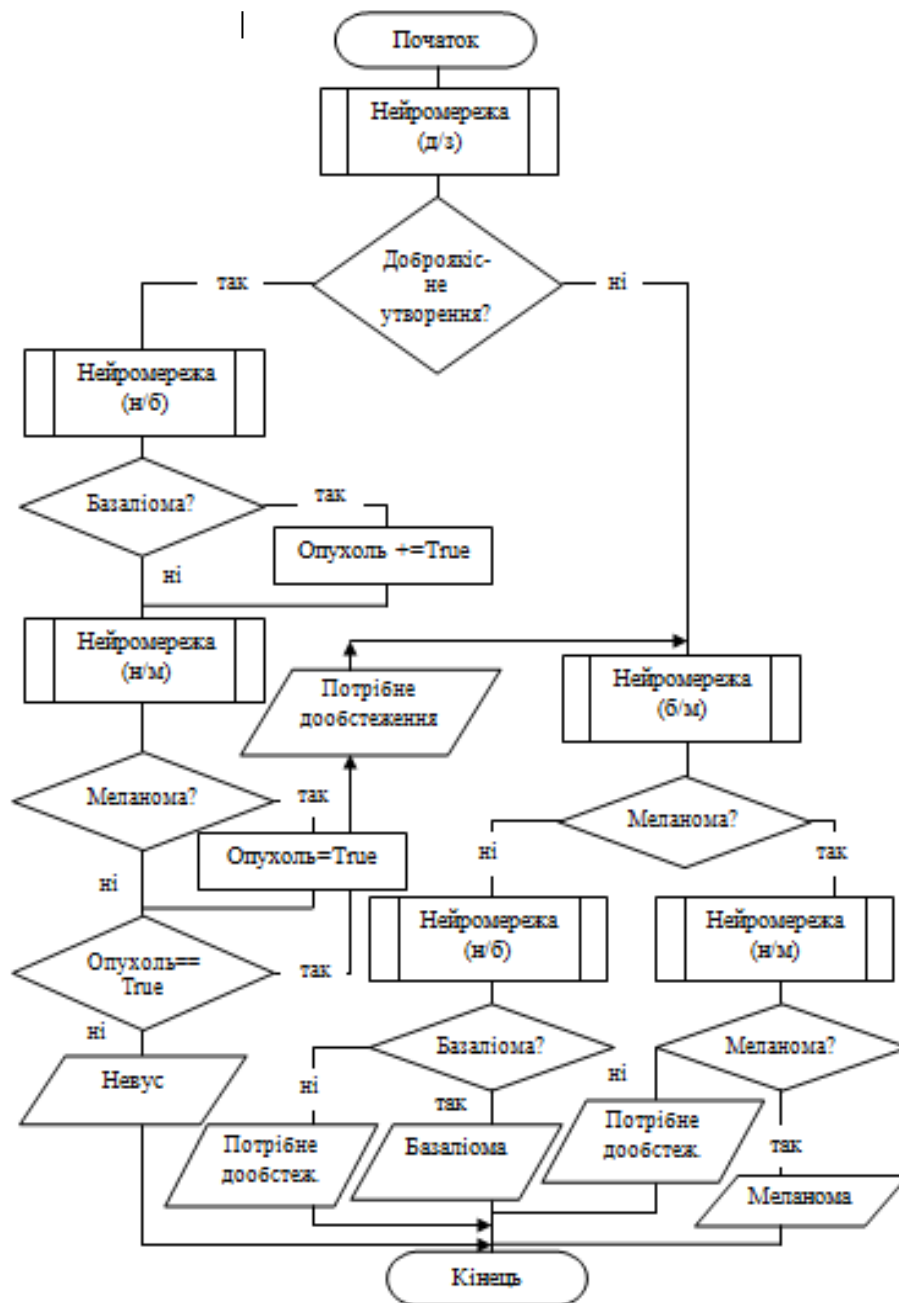


Рисунок 3.13 – Алгоритм ухвалення виваженого рішення щодо захворювань шкіри

Точність роботи цього алгоритму становить 70 %, специфічність – 53 %, чутливість – 93,64 %. На виході нейромережа надає результат імовірної належності вхідного значення до класів, на яких вона навчена. Зважаючи на показники ефективності розробленого алгоритму бачимо, що найвищий показник становить чутливість, що свідчить про перспективність застосування алгоритмів машинного навчання для задачі аналізу діагностичних даних.

### 3.5 Висновки до розділу

Здійснено аналіз програмного забезпечення для розробки рнейромереж загорткового типу. Проведено навчання нейромереж на основі підготовлених наборів даних у результаті аналізу спектрів комбінаційного розсіювання. Для згорткових архітектур застосовуються методики перенесення навчання, а також тонкого налаштування. Точність диференціації патологій на основі результатів автофлуоресценції становить Невус/Базаліома – 83.33%, Невус/Меланома – 63%, Меланома/Базаліома – 65.31%. Також для збільшення точності диференціації патологій шкіри та узагальнення нейромереж, навчених для розв'язання задач бінарної класифікації, розроблено алгоритм прийняття виваженого рішення для постановки діагнозу лікарем щодо захворювань шкіри.



## ВИСНОВКИ

1. Проаналізовано задачу неінвазивної діагностики шкірно-ракових захворювань й зазначено, що здебільшого методи діагностики новоутворень шкіри є не достатньо точними, що унеможлиблює прийняти лікарем правильного і вчасного рішення щодо захворювання.

2. Проаналізовано методи машинного навчання як методи знаходження рішення на основі накопиченого досвіду про поведінку об'єкта на основі інформативних ознак. Відзначено, що для задач розпізнаваності образів доцільно застосовувати штучні нейромережі як інструмент для моделювання інтелектуальних систем.

3. Описано принцип роботи загорткових нейромереж як класу мережі із глибоким навчанням. Охарактеризовано відомі архітектури нейромереж на основі згортки для розв'язування задачі аналізу діагностичних даних.

4. Розглянуто два різних підходи до диференціації патології: на основі виявлення ознак спектрів автофлуоресценції з допомогою стохастичних методик диференціації патологій; сліпий метод диференціації спектрів комбінаційного розсіювання.

5. Використовуючи методи інтерполяції та дублювання спектрів складено п'ять наборів даних, на основі яких надалі навчено згорткові нейромережі.

6. Розроблено архітектури загорткових нейромереж для задачі аналізу діагностичних даних з метою виявлення шкірно-ракових захворювань й на основі експериментальних досліджень досліджено їх ефективність.

7. На основі навчених CNN-моделей розроблено алгоритм прийняття зваженого рішення щодо постановки діагнозу лікарем пацієнту, який ґрунтується ґрунтується на логічному підході.

## СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ

1. Білашенко С.В., Шаповалова Н.Н., Рибальченко О.Г. Розпізнавання зображень за допомогою згорткових нейронних мереж з використанням бібліотеки Keras // Гірничий вісник/ 2018. Вип. 103. С. 148-154.
2. Бичкова А. В. Методика вивчення спектроскопії комбінаційного розсіювання з використанням комп'ютерних технологій на заняттях з предмету «Фізико-хімічні методи аналізу»: дипломна робота. Кривий Ріг, 2018. 94 с.
3. Болюх Б. А., Петрушенко В.В., Ткач А.А. Діагностика та лікування злоякісних новоутворень: Методичні вказівки для організації самостійної роботи студентів. Вінниця: ДП «ДКФ», 2012. 264 с.
4. Горіла М.В. Неінвазивні методи діагностики – стан проблеми та перспективи розвитку // Вісник Дніпропетровського університету. Біологія. Екологія. 2009. Вип. 17. Т. 1. С. 38–43.
5. Дорофей В. Використання методів машинного навчання в медичній діагностиці: веб-сайт. URL: [https://elartu.tntu.edu.ua/bitstream/lib/28445/2/SNT\\_2019\\_Dorofey\\_VUsing\\_of\\_machine\\_learning\\_methods\\_28.pdf](https://elartu.tntu.edu.ua/bitstream/lib/28445/2/SNT_2019_Dorofey_VUsing_of_machine_learning_methods_28.pdf) (дата звернення 14.11.2023).
6. Задолинний О.Ю Дослідження згорткових нейронних мереж для задач опрацювання медичних зображень в умовах пандемії: дипломна робота. Тернопіль, 2021. 80с.
7. Згорткова нейронна мережа – просте пояснення CNN та її застосування: веб-сайт. URL: <https://evergreens.com.ua/ua/articles/cnn.html> (дата звернення 12.11.2023).
8. Криницький В.В., Матвієнко В.О. Алгоритми навчання загорткових нейромереж // Матеріали VIII науково-практичної конференції молодих вчених та студентів «Інтелектуальні комп'ютерні системи та мережі». Тернопіль, 2023. С. 16.

9. Малащенко Д.В. Методи інтелектуального аналізу даних для прийняття рішень щодо діагностування пацієнта»: дипломна робота. Київ, 2018. 142 с.
10. Машинне навчання та обробка сигналів в біомедичних електронних системах: навч. посіб. для студ. спеціальності 153 «Мікро- та наносистемна техніка», освітньої програми «Електронні мікро- і наносистеми та технології» / КПІ ім. Ігоря Сікорського; уклад.: К.О. Іванько, А.О. Попов, Н.Г. Іванушкіна. Київ: КПІ ім. Ігоря Сікорського, 2020. 97 с.
11. Матвієнко В., Криницький В. Штучні нейромережі в задачах розпізнавання зображень // Матеріали VIII науково-практичної конференції молодих вчених та студентів «Інтелектуальні комп'ютерні системи та мережі». Тернопіль, 2023. С. 16.
12. Рак шкіри: профілактика, діагностика, лікування: веб-сайт. URL: <https://lazersvit.com/uk/stati/dose-onkologicheskogo-ubijcy> (дата звернення 01.11.2023).
13. Рак шкіри: епідеміологія, клініка, діагностика, лікування: веб-сайт. URL: <https://www.uzhnu.edu.ua/en/infocentre/get/2698> (дата звернення 02.11.2023).
14. Рак шкіри (пухлини шкіри): веб-сайт. URL: <https://spizhenko.clinic/uk/zabolevaniya/opuholi-kozhi-uk> (дата звернення 03.11.2023).
15. Ратушняк А. О. Розмірні ефекти у поверхнево-підсиленій раманівській спектроскопії: дипломна робота. Запоріжжя, 2021. 62 с.
16. Сердюк Д.О Дослідження нейромережевих методів аналізу медичних зображень: дипломна робота. Харків, 2012. 60 с.
17. Синеглазов В., Чумаченко О. Глибокі нейронні мережі для вирішення завдань розпізнавання і класифікації зображення: веб-сайт. URL: <http://itcm.comp-sc.if.ua/2017/Sineglazov.pdf> (дата звернення 11.11.2023).
18. Чорний, С., Брендель, О., Гратіашвілі, Д. Автентифікація зображень на основі їх семантичної сегментації у нейронних мережах глибокого навчання

з їх попереднім обробленням за методами фільтрації. Теорія та практика судової експертизи і криміналістики. 2022. Вип. 1 (26). С. 125-137.

19. Як працює VGG16 — нейромережа для виділення ознак зображень: веб-сайт. URL: <https://robotdreams.cc/uk/blog/319-yak-pracyuye-vgg16> (дата звернення 09.11.2023).

20. Beazley D. Python\_Cookbook\_3rd\_Edition\_2015. Jones: O'Reilly Media. 2016. 706 p.

21. Buduma N. Fundamentals of Deep Learning. Designing Next-Generation Machine Intelligence Algorithms. O'Reilly Media. 2017. 298 p.

22. Chollet F. Deep Learning with Python. Manning Publications. 2017. – 386 p.57.

23. Chollet, F. Xception: Deep Learning with Depthwise Separable Convolutions, Google, Inc. Retrieved from [https://openaccess.thecvf.com/content\\_cvpr\\_2017/papers/Chollet\\_Xception\\_Deep\\_Learning\\_CVPR\\_2017\\_paper.pdf](https://openaccess.thecvf.com/content_cvpr_2017/papers/Chollet_Xception_Deep_Learning_CVPR_2017_paper.pdf) (дата звернення 11.11.2023).

24. Deep Learning in Medical Image Analysis: веб-сайт. URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5479722/> (дата звернення 15.11.2023).

25. Geron, A. Hands-On Machine Learning with Scikit-Learn, Keras, and TensorFlow. 2nd Edition. O'Reilly Media, Inc. Retrieved from: <https://www.oreilly.com/library/view/hands-on-machinelearning/9781492032632/> (дата звернення 05.11.2023).

26. Goodfellow I., Bengio Y., Courville A. Deep Learning. MIT Press, 2016: веб-сайт. URL: <http://www.deeplearningbook.org> (дата звернення 20.09.2021).

27. Keras Documentation. keras.io: веб-сайт. URL: <https://keras.io/applications/> (дата звернення 12.11.2023).

28. Keras: веб-сайт. URL: [http://cloud-5.bitp.kiev.ua/?page\\_id=600](http://cloud-5.bitp.kiev.ua/?page_id=600) (дата звернення 05.11.2023).

29. Kuhlman Dave. A Python Book: Beginning Python, Advanced Python, and Python Exercises. Archived from the original, 2012. 673 p.
30. Le Ru, E. C. P. G. Etchegoin Principles of surface-enhanced Raman spectroscopy and related plasmonic effects. Elsevier, 2009. 663 p.
31. Lutz M. Learning Python, 5th Edition Fifth Edition. O'Reilly Media, 2015. 1648 p.
32. Machine Learning, ML: веб-сайт. URL: <https://www.it.ua/knowledge-base/technology-innovation/machine-learning> (дата звернення 12.11.2023).
33. Michael Z. Zgurovsky, Yuriy P. Zaychenko. Big Data: Conceptual Analysis and Applications – Springer International Publishing 2019. 275 p.
34. Oksana Shkurat, Yevgeniya Sulema, Viktoriya Suschuk-Sliusarenko, Andrii Dychka, Image Segmentation Method Based on Statistical Parameters of Homogeneous Data Set // Advances in Intelligent Systems and Computing. Springer, 2019. Vol. 902. P. 271-281.
35. Pham D.L., Xu C., Prince J.L. A Survey of Current Methods in Medical Image Segmentation // In Annual Review of Biomedical Engineering. 2000. Vol. 2, № 1. P. 315–338.
36. Python Documentation: веб-сайт. URL: <https://www.python.org/doc/> (дата звернення 13.11.2023).
37. Python Software Foundation. Retrieved: веб-сайт. URL: [https://en.wikipedia.org/wiki/Python\\_\(programming\\_language\)](https://en.wikipedia.org/wiki/Python_(programming_language)) (дата звернення 14.11.2023).
38. Shukla N. Manning Early Access Program Machine Learning with TensorFlow. Manning Publications, 2017. 244 p.
39. S. Kevin, Hayit Greenspan, Dinggang Shen Zhou Deep Learning for Medical Image Analysis. 2017. 458с.
40. Telfer N.R., Colver G.B., Bowers P.W. Guidelines for the management of basal cell carcinoma // British Journal of Dermatology. 1999. Vol. 141. P. 415-423.

41. Tensorflow Tutorial 2: image classifier using convolutional neural network: веб-сайт. URL: <https://cvtricks.com/tensorflow-tutorial/training-convolutional-neural-network-for-imageclassification/> (дата звернення 11.11.2023).

42. Vrakova M., Bratchenko I., Zakharov V. Autofluorescence analysis of skin cancer pathologies in the visible region / Proceedings of Saratov Fall Meeting – SFM'14, International Symposium Optics and Biophotonics-IV September Saratov, 2014. P. 22-26.

43. Welcome to Neural Network Toolbox: веб-сайт. URL: <http://matlab.exponenta.com/neuralnetwork/index.ph> (дата звернення 13.11.2023).