

МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ
ЗАХІДНОУКРАЇНСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ
МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ
ЗАХІДНОУКРАЇНСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ

Кваліфікаційна наукова праця
на правах рукопису

ЛЯЩИНСЬКИЙ ПАВЛО БОРИСОВИЧ

УДК 004.4:004.89

ДИСЕРТАЦІЯ

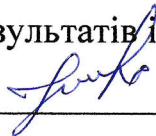
**МЕТОДИ ТА ПРОГРАМНІ ЗАСОБИ АВТОМАТИЧНОГО
ДІАГНОСТУВАННЯ В МЕДИЧНИХ СИСТЕМАХ**

Спеціальність 121 – Інженерія програмного забезпечення

Галузь знань 12 – Інформаційні технології

Подається на здобуття наукового ступеня доктора філософії.

Дисертація містить результати власних досліджень. Використання ідей,
результатів і текстів інших авторів мають посилання на відповідне джерело


_____ П.Б. Лящинський

Науковий керівник: Березький Олег Миколайович, доктор технічних наук,
професор

Тернопіль – 2026

АНОТАЦІЯ

Лящинський П.Б. Методи та програмні засоби автоматичного діагностування в медичних системах. – Кваліфікаційна наукова праця на правах рукопису.

Дисертація на здобуття наукового ступеня доктора філософії за спеціальністю 121 «Інженерія програмного забезпечення» – Західноукраїнський національний університет, Тернопіль, 2026.

Дисертаційне дослідження присвячене розробленню та вдосконаленню методів і програмних засобів для підвищення точності сегментації та класифікації біомедичних зображень, що забезпечує підвищення достовірності постановки діагнозу в онкології. Основна частина роботи включає вступ, чотири розділи та висновки.

У **вступі** розглянуто актуальність наукової проблеми, сформульовано мету і завдання дослідження, визначено об'єкт та предмет досліджень, відображено основні наукові результати, виділено наукову новизну та практичну значущість.

У **першому** розділі здійснено системний аналіз об'єктів дослідження, існуючих методів, алгоритмів та програмних засобів автоматичного діагностування в онкології. Проведено порівняльний аналіз архітектур сучасних систем автоматичного діагностування та встановлено, що більшість комерційних рішень мають закриту монолітну структуру, що обмежує їх адаптацію до нових медичних протоколів. Доведено, що методи на основі глибоких нейронних мереж демонструють вищу точність та кращу узагальнюючу здатність порівняно з класичними алгоритмами комп'ютерного зору. Виявлено критичну потребу у розробці гнучких програмних архітектур, що здатні інтегрувати нейромережеві моделі та експертні знання.

На основі проведеного аналізу обґрунтовано доцільність створення програмної системи автоматичного діагностування раку грудної залози з модульною архітектурою та сформульовано перелік завдань дисертаційного дослідження.

У **другому** розділі розроблено метод багатокласової класифікації гістологічних зображень для автоматичного діагностування раку грудної залози за ступенем диференціації. Обґрунтовано програмно-алгоритмічні рішення для ідентифікації патологічних станів, зокрема: розроблено метод класифікації, що інтегрує технологію автоматизованого пошуку архітектур (NAS) та еволюційну оптимізацію, що дозволило синтезувати модель на базі RegNet з точністю класифікації 99,8%.

Третій розділ присвячено розробці методу аналізу імуногістохімічних зображень для автоматичного діагностування підтипів раку грудної залози. Розроблено метод діагностування на основі поєднання глибокого навчання та продукційної моделі знань, що забезпечує автоматизацію інтерпретації зображень згідно з клінічними протоколами МОЗ України. Удосконалено архітектуру U-Net мережі шляхом оптимізації її гіперпараметрів, що дозволило підвищити точність сегментації мікрооб'єктів.

Четвертий розділ присвячений розробці програмної системи автоматичного діагностування раку грудної залози. У розділі описано функціональні вимоги до програмної системи та розроблено її архітектуру із використанням сучасних технологій розробки і проєктування програмного забезпечення. Програмний засіб побудовано з використанням клієнт-серверної модульної архітектури з чітким розділенням відповідальності, що дає змогу розгортати компоненти системи як на локальному комп'ютері, так і на будь-якій хмарній інфраструктурі. Програмна система спроектована відповідно до принципу єдиної відповідальності. У розділі розроблено структуру бази даних. Основними модулями системи є модуль користувачів, наборів даних (датасетів),

моделей, синтезу зображень, оцінки подібності синтезованих зображень (метрик), сегментації, класифікації, обчислення кількісних характеристик та автоматичного діагностування.

Ключові слова: біомедичні зображення (гістологія, імуногістохімія), аналіз зображень (аналіз медичних зображень), нейромережеві методи (глибоке навчання, машинне навчання), сегментація (сегментація біомедичних зображень), класифікація (класифікація зображень), діагностика (медична діагностика, медичний діагноз, система автоматичного діагностування), згорткові нейронні мережі, архітектура програмного забезпечення, програмна система, штучний інтелект, оптимізаційна задача.

СПИСОК ПУБЛІКАЦІЙ ЗДОБУВАЧА ЗА ТЕМОЮ ДИСЕРТАЦІЇ

Наукові праці, в яких опубліковано основні наукові результати дисертації:

Статті у фахових виданнях України:

1. О. М. Березький, О. Й. Піцун, П. Б. Ляцинський, П. Б. Ляцинський, та Т. М. Долинюк, "Інтелектуальна система автоматизованої мікроскопії аналізу гістологічних та цитологічних зображень," *Штучний інтелект*, № 2, с. 129–141, 2017, ISSN: 1561-5359, (1,0 д.а. / 0,2 д.а.; особистий внесок: програмно реалізовано модулі інтелектуальної системи). Url: <https://nasplib.isofts.kiev.ua/server/api/core/bitstreams/89348bd4-0402-44d6-b8a8-ef450a323021/content> [1]
2. О. М. Березький, П. Б. Ляцинський, П. Б. Ляцинський, А. Р. Сухович, та Т. М. Долинюк, "Синтез біомедичних зображень на основі генеративно-змагальних мереж," *Український журнал інформаційних техноогій*, т. 1, № 1, с. 35–40, 2019, ISSN: 2707-1898, (0,8 д.а. / 0,3 д.а.; особистий внесок: проведено експериментальний аналіз та

- оформлено результати дослідження). doi:10.23939/ujit2019.01.035 Url: <https://science.lpnu.ua/sites/default/files/journal-paper/2019/dec/20288/10maketujit291035.pdf> [2]
3. P. Liashchynskyi and P. Liashchynskyi, "Analysis of metrics for GAN evaluation," *Computer Systems and Information Technologies*, no. 4, pp. 44–51, 2023, ISSN: 2710-0766, (0,9 д.а. / 0,3 д.а.; особистий внесок: проведено експериментальний аналіз та оформлено результати дослідження). doi:10.31891/csit-2023-4-6 Url: <https://csitjournal.khmnmu.edu.ua/index.php/csit/article/view/247/169> [3]
 4. O. M. Berezsky and P. V. Liashchynskyi, "Development of the architecture of a computer aided diagnosis system in medicine," *Applied Aspects of Information Technology*, vol. 7, no. 4, pp. 359–369, 2024, ISSN: 2617-4316, (1,0 д.а. / 0,8 д.а.; особистий внесок: спроектовано архітектуру програмної системи автоматичного діагностування раку грудної залози). doi:10.15276/aait.07.2024.25 Url: <https://aait.od.ua/index.php/journal/article/view/163/163> [4]
 5. П. Б. Ляцинський та О. М. Березький, "Системи комп'ютерного діагностування: методи та засоби," *Український журнал інформаційних техноогій*, т. 6, № 2, с. 57–63, 2024, ISSN: 2707-1898, (0,7 д.а. / 0,6 д.а.; особистий внесок: обґрунтовано методологічні підходи до побудови систем автоматичного діагностування на основі методів глибокого навчання). doi:10.23939/ujit2024.02.057 Url: <https://science.lpnu.ua/sites/default/files/journal-paper/2024/dec/37210/757-63.pdf> [5]
 6. P. V. Liashchynskyi, "Classification of histological images based on convolutional neural networks," *Radio Electronics, Computer Science, Control*, no. 4, pp. 116–128, 2025, ISSN: 1607-3274, (1,3 д.а.). doi:10.15588/1607-3274-2025-4-11 Url: <https://ric.zp.edu.ua/article/view/346250/333262> [6] (Web of Science)

7. O. Berezsky, P. Liashchynskyi, P. Liashchynskyi, and P. Selskyu, "Devising a comprehensive approach to diagnosing breast cancer subtypes automatically based on deep neural networks," *Eastern-European Journal of Enterprise Technologies*, vol. 6, no. 2 (138), pp. 15–25, 2025, ISSN: 1729-3774, (1,2 д.а. / 0,9 д.а.; особистий внесок: вдосконалено архітектуру нейронної мережі на базі моделі U-Net та розроблено алгоритм автоматичного обчислення кількісних характеристик мікрооб'єктів для верифікації молекулярних підтипів пухлин). doi:10.15587/1729-4061.2025.344041 Url: <https://journals.uran.ua/eejet/article/view/344041/336437> [7] (Scopus)
8. O. M. Berezsky and P. B. Liashchynskyi, "Software system for automatic diagnosis of breast cancer," *Ukrainian Journal of Information Technology*, vol. 7, no. 2, pp. 35–43, 2025, ISSN: 2707-1898, (0,8 д.а. / 0,7 д.а.; особистий внесок: спроектовано та описано програмну реалізацію системи автоматичного діагностування раку грудної залози). doi:10.23939/ujit2025.02.035 Url: <https://science.lpnu.ua/sites/default/files/journal-paper/2025/dec/41315/535-43.pdf> [8]

Статті у виданнях інших держав:

9. P. B. Liashchynskyi and P. Liashchynskyi, "Grid Search, Random Search, Genetic Algorithm: A Big Comparison for NAS," *arXiv preprint arXiv:1912.06059*, 2019, (0,4 д.а. / 0,18 д.а.; особистий внесок: проведено експериментальний аналіз та оформлено результати дослідження). doi:10.48550/arXiv.1912.06059 Url: <https://arxiv.org/pdf/1912.06059> [9]

Наукові праці, які засвідчують апробацію матеріалів дисертації:

10. O. Berezsky, O. Pitsun, L. Dubchak, P. Liashchynskyi, and P. Liashchynskyi, "GPU-based biomedical image processing," in *Proceedings of the 2018 XIV-th International Conference on Perspective*

Technologies and Methods in MEMS Design (MEMSTECH), 2018, pp. 96–99, ISSN: 2573-5373, (0,5 д.а. / 0,15 д.а.; особистий внесок: проведено експериментальний аналіз та оформлено результати дослідження). doi:10.1109/MEMSTECH.2018.8365710 Url:

<https://ieeexplore.ieee.org/document/8365710> [10] (Scopus)

11. О. Berezsky, P. Liashchynskyi, O. Pitsun, P. Liashchynskyi, and M. Berezkyu, "Comparison of deep neural network learning algorithms for biomedical image processing," *CEUR Workshop Proceedings*, vol. 3302, pp. 135–145, 2022, ISSN: 1613-0073, (0,6 д.а. / 0,2 д.а.; особистий внесок: проведено експериментальний аналіз алгоритмів та оформлено результати дослідження). Url: <https://ceur-ws.org/Vol-3302/paper7.pdf> [11] (Scopus)

12. П. Б. Ляцинський та П. Б. Ляцинський, "Штучний інтелект в системах діагностики пацієнтів," у *Матеріали VI Науково-практичної конференції молодих вчених і студентів «Інтелектуальні комп'ютерні системи та мережі»*, Тернопіль, Україна, 2022, с. 24, (0,06 д.а. / 0,03 д.а.; особистий внесок: проведено аналіз процесу встановлення діагнозу). Url: https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/2022_1.pdf#page=24 [12]

13. П. Б. Ляцинський, "Інтеграція штучного інтелекту в медичній діагностиці," у *Матеріали VIII Науково-практичної конференції молодих вчених і студентів «Інтелектуальні комп'ютерні системи та мережі»*, Тернопіль, Україна, 2023, с. 35., (0,05 д.а.). Url: https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/2023_2.pdf#page=35 [13]

14. П. Б. Ляцинський та П. Б. Ляцинський, "Використання систем автоматизованої мікроскопії для покращення аналізу біомедичних зображень," у *Економічний і соціальний розвиток України в XXI столітті: національна візія та виклики глобалізації*, Тернопіль, Україна, 2023, с. 729, ISBN: 976-966-654-717-3, (0,09 д.а. / 0,04 д.а.;

- особистий внесок: проведено аналіз біомедичних зображень). Url: <https://dspace.wunu.edu.ua/items/b465936f-763e-4d34-873e-d8552433a2d5> [14]
- 15.П. Б. Ляцинський, "Аналіз медичних систем комп'ютерної діагностики," у *Матеріали ІХ Науково-практичної конференції молодих вчених і студентів «Інтелектуальні комп'ютерні системи та мережі»*, Тернопіль, Україна, 2024, с. 36–37, (0,2 д.а.). Url: https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/conf%209_2024_maket1.pdf#page=36 [15]
- 16.О. Berezsky, P. Liashchynskyi, and P. Liashchynskyi, "Diagnostic methods and tools in medical systems," in *Proceedings of the 1st International Scientific and Practical Conference «COMPUTATIONAL INTELLIGENCE AND SMART SYSTEMS» (CISS-2024)*, Lviv, Ukraine: «АТВ» Publishing, 2024, pp. 24–26, ISBN: 978-966-2042-89-4, (0,2 д.а. / 0,15 д.а.; особистий внесок: проаналізовано архітектури систем комп'ютерного діагностування та систем підтримки прийняття рішень в медицині). Url: <https://science.lpnu.ua/ciss-2024/proceedings> [16]
- 17.П. Б. Ляцинський, "Архітектура системи комп'ютерного діагностування," у *Матеріали Всеукраїнської науково-практичної конференції студентів, аспірантів та молодих вчених «Інтелектуальні комп'ютерні системи та мережі»*, Тернопіль, Україна, 2024, с. 32–33, (0,14 д.а.). Url: https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/2024_2.pdf#page=32 [17]
- 18.П. Б. Ляцинський, "Глибоке навчання в медичній діагностиці," у *Матеріали ІІ Всеукраїнської науково-практичної конференції студентів, аспірантів та молодих вчених «Інтелектуальні комп'ютерні системи та мережі»*, Тернопіль, Україна, 2025, с. 58–61, (0,2 д.а.). Url: https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/2025_1.pdf#page=58 [18]

19. P. Liashchynskyi, "Comparing CNNs for histological image classification," in *Proceedings of the 2nd International Scientific and Practical Conference «COMPUTATIONAL INTELLIGENCE AND SMART SYSTEMS» (CISS-2025)*, Lviv, Ukraine: Omelchenko V. H. Publishing, 2025, pp. 97–99, ISBN: 978-617-8683-10-8, (0,3 д.а.). Url: <https://science.lpnu.ua/uk/ciss-2025/zbirnyk-materialiv-konferenciyi-ciss-2025> [19]
20. O. Berezsky, M. Berezkyi, P. Liashchynskyi, P. Liashchynskyi, and G. Melnyk, "Estimating the number of iterations needed for biomedical image synthesis to achieve a given classification accuracy," in *8th International Conference on Informatics & Data-Driven Medicine*, Bratislava, Slovakia Republic, 2025, (1,0 д.а. / 0,7 д.а.; особистий внесок: розширено вибірку гістологічних зображень та проведено експериментальний аналіз). [20] (**Scopus**)
21. П. Б. Лящинський, "Програмна система автоматичного діагностування раку молочної залози," у *Матеріали III Всеукраїнської науково-практичної конференції студентів, аспірантів та молодих вчених «Інтелектуальні комп'ютерні системи та мережі»*, Тернопіль, Україна, 2025, с. 74–77, (0,2 д.а.). Url: https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/2025_2.pdf#page=74 [21]

Інші результати, пов'язані з дисертаційною роботою:

Авторське право на твір:

22. О. М. Березький, П. Б. Лящинський, П. Б. Лящинський, Г. М. Мельник, та О. Й. Піцун, "Комп'ютерна програма для автоматичного діагностування раку та підтипів раку молочної залози «BRECCAD»," Авторське свідоцтво № 140273, 28 листопада 2025.

ABSTRACT

Liashchynskyi, P.B. Methods and Software for Automated Diagnostics in Medical Systems. – Qualifying scientific thesis in manuscript form.

Thesis for the degree of Doctor of Philosophy in the specialty 121 – Software Engineering – West Ukrainian National University, Ternopil, 2026.

This dissertation research is devoted to the development and refinement of methods and software tools for improving the accuracy of segmentation and classification of biomedical images, thereby enhancing the reliability of diagnostic decisions in oncology. The main part of the work includes an introduction, four chapters, and conclusions.

The **introduction** discusses the relevance of the research problem, formulates the aim and objectives of the study, defines the object and subject of the research, outlines the main scientific findings, and highlights the scientific novelty and practical significance.

The **first** chapter presents a systematic analysis of the research objects, existing methods, algorithms, and software tools for automatic cancer diagnosis. A comparative analysis of the architectures of modern computer-aided diagnosis systems was conducted, and it was found that most commercial solutions have a closed, monolithic structure, which limits their adaptability to new medical protocols. It has been demonstrated that methods based on deep neural networks exhibit higher accuracy and better generalization capabilities compared to classical computer vision algorithms. There is a critical need to develop flexible software architectures capable of integrating neural network models and expert knowledge. Based on the analysis conducted, the feasibility of developing a software system for the automatic diagnosis of breast cancer with a modular architecture has been demonstrated, and a list of research objectives for the dissertation has been formulated.

The **second** chapter presents a method for multi-class classification of histological images for the automatic diagnosis of breast cancer based on the degree of differentiation. Software and algorithmic solutions for identifying pathological conditions are substantiated, specifically: a classification method was developed that integrates Network Architecture Search (NAS) technology and evolutionary optimization, which allowed for the synthesis of a RegNet-based model with a classification accuracy of 99.8%.

The **third** chapter is devoted to the development of a method for analyzing immunohistochemical images to automatically diagnose subtypes of breast cancer. A diagnostic method has been developed that combines deep learning with a knowledge-based model, enabling the automated interpretation of images in accordance with the clinical protocols of the Ministry of Health of Ukraine. The architecture of the U-Net network was improved by optimizing its hyperparameters, which led to an increase in the accuracy of micro-object segmentation.

The **fourth** chapter is devoted to the development of a software system for the automatic diagnosis of breast cancer. The chapter describes the functional requirements for the software system and outlines its architecture using modern software development and design technologies. The software tool is built using a client-server modular architecture with a clear separation of responsibilities, which allows system components to be deployed both on a local computer and on any cloud infrastructure. The software system is designed in accordance with the single responsibility principle. This section describes the database structure. The main modules of the system are the user module, the dataset module, the model module, the image synthesis module, the synthesized image similarity assessment (metric) module, the segmentation module, the classification module, the quantitative characteristics calculation module, and the automatic diagnosis module.

Keywords: biomedical images (histology, immunohistochemistry), image analysis (medical image analysis), neural network methods (deep learning, machine learning), segmentation (biomedical image segmentation), classification (image classification), diagnostics (medical diagnostics, medical diagnosis, automatic diagnostic system), convolutional neural networks, software architecture, software system, artificial intelligence, optimization problem.

LIST OF PUBLICATIONS BY THE APPLICANT ON THE TOPIC OF THE DISSERTATION

Scientific works in which the main scientific results of the dissertation are published:

Articles in professional periodicals in Ukraine:

1. O. M. Berezsky, O. Y. Pitsun, P. B. Liashchynskyi, P. B. Liashchynskyi, and G. M. Melnyk, "Intelektualna systema avtomatyzovanoi mikroskopii analizu histolohichnykh ta tsytolohichnykh zobrazen," *Shtuchnyi intelekt*, no. 2, pp. 129–141, 2017, ISSN: 1561-5359, (1.0 p.s. / 0.2 p.s.; personal contribution: the modules of the intelligent system have been implemented in software). Url: <https://nasplib.isofts.kiev.ua/server/api/core/bitstreams/89348bd4-0402-44d6-b8a8-ef450a323021/content> [1]
2. O. M. Berezsky, P. B. Liashchynskyi, P. B. Liashchynskyi, A. R. Sukhovych, and T. M. Dolynyuk, "Synthesis of biomedical images based on generative adversarial networks," *Ukrainian Journal of Information Technology*, vol. 1, no. 1, pp. 35–40, 2019, ISSN: 2707-1898, (0.8 p.s. / 0.3 p.s.; personal contribution: an experimental analysis was conducted, and the results of the study were documented). doi:10.23939/ujit2019.01.035 Url: <https://science.lpnu.ua/sites/default/files/journal-paper/2019/dec/20288/10maketujit291035.pdf> [2]

3. P. Liashchynskyi and P. Liashchynskyi, "Analysis of metrics for GAN evaluation," *Computer Systems and Information Technologies*, no. 4, pp. 44–51, 2023, ISSN: 2710-0766, (0.9 p.s. / 0.3 p.s.; personal contribution: an experimental analysis was conducted, and the results of the study were documented). doi:10.31891/csit-2023-4-6 Url: <https://csitjournal.khmnu.edu.ua/index.php/csit/article/view/247/169> [3]
4. O. M. Berezsky and P. B. Liashchynskyi, "Development of the architecture of a computer aided diagnosis system in medicine," *Applied Aspects of Information Technology*, vol. 7, no. 4, pp. 359–369, 2024, ISSN: 2617-4316, (1.0 p.s. / 0.8 p.s.; personal contribution: the architecture of a software system for the automated diagnosis of breast cancer has been designed). doi:10.15276/aait.07.2024.25 Url: <https://aait.od.ua/index.php/journal/article/view/163/163> [4]
5. P. B. Liashchynskyi and O. M. Berezsky, "Computer diagnostic systems: Methods and tools," *Ukrainian Journal of Information Technology*, vol. 6, no. 2, pp. 57–63, 2024, ISSN: 2707-1898, (0.7 p.s. / 0.6 p.s.; personal contribution: methodological approaches to the development of automatic diagnostic systems based on deep learning methods have been substantiated). doi:10.23939/ujit2024.02.057 Url: <https://science.lpnu.ua/sites/default/files/journal-paper/2024/dec/37210/757-63.pdf> [5]
6. P. B. Liashchynskyi, "Classification of histological images based on convolutional neural networks," *Radio Electronics, Computer Science, Control*, no. 4, pp. 116–128, 2025, ISSN: 1607-3274, (1.3 p.s.). doi:10.15588/1607-3274-2025-4-11 Url: <https://ric.zp.edu.ua/article/view/346250/333262> [6] (**Web of Science**)
7. O. Berezsky, P. Liashchynskyi, P. Liashchynskyi, and P. Selsky, "Devising a comprehensive approach to diagnosing breast cancer subtypes automatically based on deep neural networks," *Eastern-European Journal*

of Enterprise Technologies, vol. 6, no. 2 (138), pp. 15–25, 2025, ISSN: 1729-3774, (1.2 p.s. / 0.9 p.s.; personal contribution: the architecture of a neural network based on the U-Net model has been improved, and an algorithm has been developed for the automatic calculation of quantitative characteristics of micro-objects to verify molecular tumor subtypes). doi:10.15587/1729-4061.2025.344041 Url: <https://journals.uran.ua/eejet/article/view/344041/336437> [7] (Scopus)

8. O. M. Berezsky and P. B. Liashchynskyi, "Software system for automatic diagnosis of breast cancer," *Ukrainian Journal of Information Technology*, vol. 7, no. 2, pp. 35–43, 2025, ISSN: 2707-1898, (0.8 p.s. / 0.7 p.s.; personal contribution: a software implementation of an automated breast cancer diagnosis system has been designed and described). doi:10.23939/ujit2025.02.035 Url: <https://science.lpnu.ua/sites/default/files/journal-paper/2025/dec/41315/535-43.pdf> [8]

Articles in publications of other countries:

9. P. B. Liashchynskyi and P. Liashchynskyi, "Grid Search, Random Search, Genetic Algorithm: A Big Comparison for NAS," *arXiv preprint arXiv:1912.06059*, 2019, (0.4 p.s. / 0.18 p.s.; personal contribution: an experimental analysis was conducted, and the results of the study were documented). doi:10.48550/arXiv.1912.06059 Url: <https://arxiv.org/pdf/1912.06059> [9]

Scientific works certifying the approval of the dissertation materials:

10. O. Berezsky, O. Pitsun, L. Dubchak, P. Liashchynskyi, and P. Liashchynskyi, "GPU-based biomedical image processing," in *Proceedings of the 2018 XIV-th International Conference on Perspective Technologies and Methods in MEMS Design (MEMSTECH)*, 2018, pp. 96–99, ISSN: 2573-5373, (0.5 p.s. / 0.15 p.s.; personal contribution: an experimental analysis was conducted, and the results of the study were

- documented). doi:10.1109/MEMSTECH.2018.8365710 Url: <https://ieeexplore.ieee.org/document/8365710> [10] (Scopus)
- 11.O. Berezsky, P. Liashchynskiy, O. Pitsun, P. Liashchynskiy, and M. Berezky, "Comparison of deep neural network learning algorithms for biomedical image processing," *CEUR Workshop Proceedings*, vol. 3302, pp. 135–145, 2022, ISSN: 1613-0073, (0.6 p.s. / 0.2 p.s.; personal contribution: an experimental analysis was conducted, and the results of the study were documented). Url: <https://ceur-ws.org/Vol-3302/paper7.pdf> [11] (Scopus)
- 12.P. B. Liashchynskiy and P. B. Liashchynskiy, "Shtuchnyi intelekt v systemakh diahnostryky patsientiv," in *Proceedings of the VI Naukovo-praktychna konferentsiia molodykh vchenykh i studentiv "Intelektualni kompiuterni systemy ta merezhi"*, Ternopil, Ukraine, 2022, p. 24, (0.06 p.s. / 0.03 p.s.; personal contribution: an analysis of the diagnostic process was conducted). Url: https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/2022_1.pdf#page=24 [12]
- 13.P. Liashchynskiy, "Intehratsiia shtuchnoho intelektu v medychnii diahnostrytsi," in *Proceedings of the VIII Naukovo-praktychna konferentsiia molodykh vchenykh i studentiv "Intelektualni kompiuterni systemy ta merezhi"*, Ternopil, Ukraine, 2023, p. 35, (0.05 p.s.). Url: https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/2023_2.pdf#page=35 [13]
- 14.P. B. Liashchynskiy and P. B. Liashchynskiy, "Vykorystannia system avtomatyzovanoi mikroskopii dlia pokrashchennia analizu biomedychnykh zobrazhen," in *Ekonomichnyi i sotsialnyi rozvytok Ukrainy v XXI stolitti: natsionalna viziia ta vyklyky hlobalizatsii*, Ternopil, Ukraine, 2023, p. 729, ISBN: 976-966-654-717-3, (0.09 p.s. / 0.04 p.s.; personal contribution: analysis of biomedical images was performed). Url: <https://dspace.wunu.edu.ua/items/b465936f-763e-4d34-873e-d8552433a2d5> [14]

- 15.P. Liashchynskiy, "Analiz medychnykh system kompiuternoi diahnostryky," in *Proceedings of the IX Naukovo-praktychna konferentsiia molodykh vchenykh i studentiv "Intelektualni kompiuterni systemy ta merezhi"*, Ternopil, Ukraine, 2024, pp. 36–37, (0.2 p.s.). Url: https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/conf%209_2024_maket1.pdf#page=36 [15]
- 16.O. Berezsky, P. Liashchynskiy, and P. Liashchynskiy, "Diagnostic methods and tools in medical systems," in *Proceedings of the 1st International Scientific and Practical Conference "COMPUTATIONAL INTELLIGENCE AND SMART SYSTEMS" (CISS-2024)*, Lviv, Ukraine: «ATB» Publishing, 2024, pp. 24–26, ISBN: 978-966-2042-89-4, (0.2 p.s. / 0.15 p.s.; personal contribution: an analysis of the architectures of computer aided diagnosis and decision support systems in medicine). Url: <https://science.lpnu.ua/ciss-2024/proceedings> [16]
- 17.P. Liashchynskiy, "Arkhitektura systemy kompiuternoho diahnostuvannia," in *Proceedings of the Vseukrainska naukovo-praktychna konferentsiia studentiv, apirantiv ta molodykh vchenykh "Intelektualni kompiuterni systemy ta merezhi"*, Ternopil, Ukraine, 2024, pp. 32–33, (0.14 p.s.). Url: https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/2024_2.pdf#page=32 [17]
- 18.P. Liashchynskiy, "Hlyboke navchannia v medychnii diahnostrytsi," in *Proceedings of the II Vseukrainska naukovo-praktychna konferentsiia studentiv, apirantiv ta molodykh vchenykh "Intelektualni kompiuterni systemy ta merezhi"*, Ternopil, Ukraine, 2025, pp. 58–61, (0.2 p.s.). Url: https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/2025_1.pdf#page=58 [18]
- 19.P. Liashchynskiy, "Comparing CNNs for histological image classification," in *Proceedings of the 2nd International Scientific and Practical Conference "COMPUTATIONAL INTELLIGENCE AND SMART SYSTEMS" (CISS-2025)*, Lviv, Ukraine: Omelchenko V. H. Publishing, 2025, pp. 97–99,

ISBN: 978-617-8683-10-8, (0.3 p.s.). Url: <https://science.lpnu.ua/uk/ciss-2025/zbirnyk-materialiv-konferenciyi-ciss-2025> [19]

20.O. Berezsky, M. Berezkyi, P. Liashchynskyi, P. Liashchynskyi, and G. Melnyk, "Estimating the number of iterations needed for biomedical image synthesis to achieve a given classification accuracy," in *8th International Conference on Informatics & Data-Driven Medicine*, Bratislava, Slovakia Republic, 2025, (1.0 p.s. / 0.7 p.s.; personal contribution: expanded the sample of histological images and conducted an experimental analysis). [20] (Scopus)

21.P. Liashchynskyi, "Prohramna systema avtomatychnoho diahnostuvannia raku molochnoi zalozy," in *Proceedings of the III Vseukrainska naukovo-praktychna konferentsiia studentiv, apirantiv ta molodykh vchenykh "Intelektualni kompiuterni systemy ta merezhi"*, Ternopil, Ukraine, 2025, pp. 74–77, (0.2 p.s.). Url: https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/2025_2.pdf#page=74 [21]

Other results related to the dissertation:

Copyright to the work:

22.O. M. Berezsky, P. B. Liashchynskyi, P. B. Liashchynskyi, G. M. Melnyk, and O. Y. Pitsun, "Kompiuterna prohrama dlia avtomatychnoho diahnostuvannia raku ta pidtypiv raku molochnoi zalozy 'BRECCAD'," Copyright Certificate No. 140273 UA, Nov. 28, 2025.

ЗМІСТ

ПЕРЕЛІК УМОВНИХ ПОЗНАЧЕНЬ ТА СКОРОЧЕНЬ	22
ВСТУП.....	25
РОЗДІЛ 1. АНАЛІЗ МЕТОДІВ, АЛГОРИТМІВ І ПРОГРАМНИХ ЗАСОБІВ АВТОМАТИЧНОГО ДІАГНОСТУВАННЯ В МЕДИЦИНІ.....	35
1.1 Аналіз біомедичних зображень для постановки автоматичного діагнозу	35
1.2 Аналіз достовірності та верифікованості автоматичного діагностування.....	39
1.3 Аналіз методів і засобів діагностування в медицині	42
1.4 Аналіз архітектур програмних систем автоматичного діагностування	54
1.5 Метрики для оцінювання точності класифікації та сегментації зображень	66
1.6 Постановка завдань дисертаційного дослідження.....	69
Висновки до розділу 1	72
РОЗДІЛ 2. МЕТОД БАГАТОКЛАСОВОЇ КЛАСИФІКАЦІЇ ГІСТОЛОГІЧНИХ ЗОБРАЖЕНЬ ДЛЯ ДІАГНОСТУВАННЯ РАКУ ГРУДНОЇ ЗАЛОЗИ ЗА СТУПЕНЕМ ДИФЕРЕНЦІАЦІЇ.....	74
2.1 Етапи методу багатокласової класифікації для діагностування раку.	75
2.2 Точність класифікації класичних архітектур згорткових нейронних мереж.....	78
2.3 Алгоритм генеративного розширення вибірки даних на основі дифузійної моделі.....	84

2.4 Синтез та оптимізація архітектури нейронної мережі для класифікації гістологічних зображень	90
2.5 Експериментальне дослідження розробленого методу	98
Висновки до розділу 2	104
РОЗДІЛ 3. МЕТОД АНАЛІЗУ ІМУНОГІСТОХІМІЧНИХ ЗОБРАЖЕНЬ ДЛЯ ДІАГНОСТУВАННЯ ПІДТИПІВ РАКУ ГРУДНОЇ ЗАЛОЗИ	105
3.1. Етапи методу аналізу імуногістохімічних зображень для діагностування підтипів раку	105
3.2 Архітектура U-Net для сегментації мікрооб'єктів	107
3.3 Точність сегментації класичних архітектур згорткових нейронних мереж	111
3.4. Вдосконалення архітектури U-Net для аналізу імуногістохімічних зображень	112
3.5 Алгоритми обчислення кількісних характеристик мікрооб'єктів	120
3.6 Алгоритм автоматичного діагностування підтипів раку на основі продукційної моделі знань	126
Висновки до розділу 3	132
РОЗДІЛ 4. ПРОЄКТУВАННЯ ТА РЕАЛІЗАЦІЯ ПРОГРАМНОЇ СИСТЕМИ АВТОМАТИЧНОГО ДІАГНОСТУВАННЯ РАКУ ГРУДНОЇ ЗАЛОЗИ....	134
4.1 Архітектура системи автоматичного діагностування	135
4.1.1 Проєктування та реалізація бази даних	140
4.1.2 Архітектурна реалізація та механізм логічного виведення модуля автоматичного діагностування	142
4.2 Програмна реалізація системи автоматичного діагностування	146
4.3 Інтерфейс користувача системи	152

4.4 Апробація та оцінка ефективності роботи програмної системи	159
4.4.1 Експериментальна валідація функціональних модулів.....	159
4.4.2 Оцінка інженерної якості програмного забезпечення.....	162
Висновки до розділу 4	168
ВИСНОВКИ.....	170
СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ.....	173
ДОДАТОК А. СТРУКТУРА ДИРЕКТОРІЙ СЕРВЕРНОЇ ЧАСТИНИ ПРОГРАМНОЇ СИСТЕМИ.....	193
ДОДАТОК Б. UML-ДІАГРАМА КЛАСІВ СЕРВЕРНОЇ ЧАСТИНИ ДЛЯ АНАЛІЗУ ЗОБРАЖЕНЬ.....	194
ДОДАТОК В. ІНТЕРФЕЙС МОДУЛЯ «КОРИСТУВАЧІ».....	195
ДОДАТОК Д. ІНТЕРФЕЙС МОДУЛЯ «ДАТАСЕТИ»	196
ДОДАТОК Е. ІНТЕРФЕЙС МОДУЛЯ «ОБЧИСЛЕННЯ КІЛЬКІСНИХ ХАРАКТЕРИСТИК».....	197
ДОДАТОК Ж. СТОРІНКА РЕЗУЛЬТАТУ АВТОМАТИЧНОГО ДІАГНОСТУВАННЯ	200
ДОДАТОК И. СТОРІНКА РЕЗУЛЬТАТУ ОБЧИСЛЕННЯ КІЛЬКІСНИХ ХАРАКТЕРИСТИК.....	201
ДОДАТОК К. ПРИКЛАД PYTHON-КОДУ ВХІДНОЇ ТОЧКИ СЕРВЕРНОЇ ЧАСТИНИ ПРОГРАМИ.....	202
ДОДАТОК Л. ПРИКЛАД PYTHON-КОДУ СЕРВІСУ КЛАСИФІКАЦІЇ .	203
ДОДАТОК М. ПРИКЛАД PYTHON-КОДУ ЕНДПОЙНТУ КЛАСИФІКАЦІЇ	206
ДОДАТОК Н. ПРИКЛАД TYPESCRIPT-КОДУ ВХІДНОЇ ТОЧКИ КЛІЄНТСЬКОЇ ЧАСТИНИ ПРОГРАМИ	209

ДОДАТОК П. ПРИКЛАД TYPESCRIPT-КОДУ СТОРІНКИ СЕГМЕНТАЦІЇ	210
ДОДАТОК Р. ДІАГРАМА ПОСЛІДОВНОСТІ МОДУЛЯ «КЛАСИФІКАЦІЯ».....	213
ДОДАТОК С. СПИСОК ПУБЛІКАЦІЙ ЗА ТЕМОЮ ДИСЕРТАЦІЇ.....	214
ДОДАТОК Т. АКТИ ВПРОВАДЖЕНЬ РЕЗУЛЬТАТІВ ДОСЛІДЖЕННЯ	218

ПЕРЕЛІК УМОВНИХ ПОЗНАЧЕНЬ ТА СКОРОЧЕНЬ

ВООЗ – Всесвітня організація охорони здоров'я;
ЕКГ – Електрокардіограма;
ЗНМ – Згорткова нейронна мережа;
ЗУНУ – Західноукраїнський національний університет;
ІГХ – Імуногістохімія;
КТ – Комп'ютерна томографія;
МОЗ – Міністерство охорони здоров'я;
МРТ – Магнітно-резонансна томографія;
НДЧ – Науково-дослідна частина;
ПЗ – Програмне забезпечення;
СУБД – Система управління базами даних;
ШІ – Штучний інтелект;
API – Application Programming Interface;
ASPP – Atrous Spatial Pyramid Pooling;
BSON – Binary JavaScript Object Notation;
CAD – Computer-Aided Diagnosis;
CLAHE – Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization;
CNN – Convolutional Neural Network;
CPU – Central Processing Unit;
CRUD – Create, Read, Update, Delete;
CUDA – Compute Unified Device Architecture;
DBMS – Database Management System;
DSS – Decision Support System;
DTO – Data Transfer Object;
ER – Estrogen receptor;
ESMO – European Society for Medical Oncology;
Faster R-CNN – Faster Region-based Convolutional Neural Network;

FC – Fully Connected;

FCN – Fully Convolutional Network;

FID – Fréchet Inception Distance;

FrCN – Full-resolution Convolutional Network;

GAN – Generative Adversarial Network;

GB – Gigabyte;

GLCM – Gray-Level Co-occurrence Matrix;

GPU – Graphics Processing Unit;

HER2 – Human epidermal growth factor receptor 2;

HTTP – HyperText Transfer Protocol;

IS – Inception Score;

JSON – JavaScript Object Notation;

Ki67 – Proliferation index;

mHealth-ADS – Mobile Health-based Anomaly Detection Systems;

ML – Machine Learning;

NAS – Neural Architecture Search;

NNI – Neural Network Intelligence;

PgR – Progesterone receptor;

RAI – Responsible Artificial Intelligence;

RAM – Random Access Memory;

ReLU – Rectified Linear Unit;

REST API – Representational State Transfer Application Programming Interface;

RNN – Recurrent Neural Network;

ROI – Region of Interest;

SIFT – Scale-Invariant Feature Transform;

SOLID – Five principles of object-oriented programming;

SRP – Single Responsibility Principle;

SURF – Speeded-Up Robust Features;

SVM – Support Vector Machines;
UI – User Interface;
UML – Unified Modeling Language;
URL – Uniform Resource Locator;
VGG – Visual Geometry Group;
ViT – Vision Transformer;
WSI – Whole Slide Image;
XAI – Explainable Artificial Intelligence;
YOLO – You Only Look Once.

ВСТУП

Обґрунтування вибору теми дослідження. Рак грудної залози залишається однією з головних онкологічних проблем як в Україні, так і в світі, що вимагає точної діагностики. За даними Національного реєстру ракових захворювань, рак грудної залози посідає перше місце в структурі захворюваності та смертності серед жінок. Водночас офіційні дані за 2020-2023 роки можуть бути заниженими через війну та порушення реєстрації, що підкреслює масштаб і актуальність проблеми для української системи охорони здоров'я [23].

Отже, актуальність наукових досліджень пояснюється такими причинами:

1. Рак грудної залози залишається однією з головних онкологічних проблем як в Україні, так і в світі, що вимагає точної діагностики.
2. Для діагностики онкологічних захворювань використовуються біомедичні зображення, опрацювання яких є трудомістким процесом.
3. Вибірки біомедичних зображень є малими, що спричиняє додаткові труднощі для процесу автоматичного діагностування.

За останні десятиліття комп'ютерна діагностика стала перспективним напрямом наукових досліджень і практичних розробок. Її основна мета – підвищити точність та достовірність постановки діагнозу, використовуючи медичні сигнали та зображення. Завдяки передовим технологіям штучного інтелекту, алгоритмам машинного навчання і глибокого навчання, діагностику можна зробити більш зручною, активною, ефективною і персоналізованою. Системи штучного інтелекту можуть діагностувати захворювання на основі медичних даних малих вибірок та історій хвороби, навіть у випадках з прихованими специфічними симптомами. ШІ вже відіграє важливу роль у ранньому виявленні діабету [24] та раку грудної залози [25], а також у багатьох інших випадках з високою точністю [26, 27].

Найпоширенішими підходами до діагностування є такі:

1. Підхід, який базується на використанні методів і алгоритмів комп'ютерного зору. Дані системи є автоматизованими. Використання алгоритмів на низькому, середньому та високому рівнях вимагають налаштування параметрів алгоритмів.
2. Другий підхід базується на використанні глибокого машинного навчання. Програмні системи, які побудовані на цьому підході є автоматичними.

Проте підхід для автоматичного діагностування, який базується на основі глибоких нейронних мереж, має ряд недоліків:

1. Для ефективного застосування нейронних мереж для задач медичного діагностування необхідно спроектувати архітектуру нейронної мережі, зібрати велику навчальну вибірку зображень та навчити нейронну мережу. Всі три задачі потребують окремого пророблення для кожних нових класів зображень.
2. Наявні глибокі нейронні мережі мають недостатню точність класифікації та сегментації медичних зображень.
3. Існуючі відомі програмні засоби та бібліотеки для автоматичного діагностування мають обмеження у застосуванні технології штучного інтелекту.

Запропонований гібридний підхід передбачає використання технології глибоких нейронних мереж і алгоритмів комп'ютерного зору для постановки діагнозу і має такі переваги:

1. Для задач класифікації та сегментації використовуються глибокі мережі, які побудовані на основі CNN.
2. На останньому етапі постановки діагнозу використовуються алгоритми комп'ютерного зору та моделі діагностичних знань.

Дана дисертаційна робота ґрунтується на напрацюваннях зарубіжних і вітчизняних вчених.

Вагомий внесок у розвиток методів обчислювального інтелекту, згорткових нейронних мереж та машинного навчання зробили такі закордонні вчені: Й. Бенджіо, Я. ЛеКун, Д. Хінтон [28, 29], Е. Васвані [30], Я. Гудфеллоу [31, 32], А. Крижевський [33], К. Ле [34, 35], О. Роннебергер [36].

Серед вітчизняних дослідників варто виділити таких: О. Бармак [37, 38], О. Березький [39-41], Є. Бодянський [42], І. Ізонін [43-45], Ю. Крак [46], Н. Мельникова [47, 48], С. Субботін та А. Олійник [49, 50], Н. Шаховська [51, 52].

Отже, актуальною науково-прикладною задачею є розроблення та вдосконалення методів і програмних засобів для підвищення точності сегментації та класифікації біомедичних зображень, що забезпечує підвищення достовірності постановки діагнозу в онкології.

Мета і завдання дослідження. Метою дослідження є розроблення та вдосконалення методів і програмних засобів на основі технології глибокого навчання для підвищення точності сегментації та класифікації біомедичних зображень, що забезпечує підвищення достовірності постановки діагнозу в онкології.

Для досягнення поставленої мети необхідно вирішити такі завдання:

- проаналізувати архітектури програмних систем комп'ютерного діагностування в медицині та провести порівняльний аналіз класичних та нейромережових методів сегментації та класифікації біомедичних зображень для вибору базових архітектур моделей;

- розробити метод багатокласової класифікації гістологічних зображень для автоматичного діагностування раку грудної залози за ступенем диференціації на основі оптимізованої архітектури згорткової нейронної мережі;

- вдосконалити архітектуру згорткової нейронної мережі для підвищення точності класифікації гістологічних зображень;

- вдосконалити архітектуру мережі типу U-Net для підвищення точності сегментації мікрооб’єктів імуногістохімічних зображень;
- розробити метод аналізу імуногістохімічних зображень для діагностування підтипів раку грудної залози на основі кількісних характеристик мікрооб’єктів та продукційної моделі діагностичних знань;
- спроектувати архітектуру програмної системи автоматичного діагностування та здійснити програмну реалізацію розроблених методів;
- провести експериментальну перевірку ефективності системи за показниками точності діагностики та якості програмного забезпечення.

Об’єкт дослідження – процеси аналізу даних у медичних системах автоматичного діагностування в онкології.

Предмет дослідження – методи і програмні засоби автоматичного діагностування в онкології.

Методи дослідження. Для розв’язання поставлених задач використано: теорію нейронних мереж, методи машинного навчання для проектування архітектур нейронних мереж; моделі знань для представлення діагностичних знань; бібліотеки та фреймворки машинного навчання для програмної реалізації нейронних мереж; принципи об’єктно-орієнтованого програмування та теорії алгоритмів для програмної реалізації системи автоматичного діагностування; міжнародний стандарт для оцінки якості програмного забезпечення.

Наукова новизна одержаних результатів полягає в подальшому розвитку методів автоматичного діагностування в онкології шляхом розроблення програмної системи з використанням сучасних технологій опрацювання біомедичних зображень, що базуються на глибоких нейронних мережах.

Зокрема:

уперше:

– розроблено метод багатокласової класифікації гістологічних зображень для діагностування раку грудної залози за ступенем диференціації, який, на відміну від існуючих, базується на застосуванні оптимізованої архітектури згорткової нейронної мережі та розширеного за допомогою дифузійної моделі наборі зображень, що забезпечило підвищення достовірності діагностування;

– розроблено метод аналізу імуногістохімічних зображень для діагностування підтипів раку грудної залози, який, на відміну від існуючих, базується на вдосконаленій архітектурі U-Net мережі, алгоритмі визначення кількісних характеристик мікрооб’єктів та продукційній моделі діагностичних знань, що дозволило автоматизувати процес постановки діагнозу;

удосконалено:

– архітектуру U-Net мережі для сегментації імуногістохімічних зображень шляхом оптимізації, на основі генетичних алгоритмів, гіперпараметрів: глибини мережі, розміру базового фільтра та темпу навчання, що забезпечило збільшення точності сегментації;

– архітектуру згорткової нейронної мережі для класифікації гістологічних зображень шляхом оптимізації, на основі генетичних алгоритмів, кількості операцій та зв’язків між ними на мікро- та макрорівнях, що дозволило збільшити точність класифікації;

набула подальшого розвитку:

– архітектура САД-систем для автоматичної постановки діагнозу на основі аналізу гістологічних та імуногістохімічних зображень, яка, на відміну від існуючих аналогів, доповнена модулями синтезу зображень, обчислення кількісних характеристик, автоматичного діагностування та оцінювання подібності зображень, що забезпечило комплексність та адаптивність процесу діагностування. Архітектурне рішення базується на принципі слабкої зв’язності компонентів та впровадженні

стандартизованого програмного інтерфейсу для доступу до функціоналу системи.

Особистий внесок здобувача. Основні положення та результати дисертаційної роботи одержані автором самостійно. Особисто здобувачеві належать такі наукові результати: аналіз медичних систем комп'ютерної діагностики та порівняльне дослідження методів і засобів аналізу біомедичних даних [12-15]; обґрунтовано методологічні підходи до побудови систем автоматичного діагностування на основі методів глибокого навчання [5]; проведено порівняльний аналіз архітектур глибоких нейронних мереж для класифікації гістологічних зображень і розроблено метод класифікації ступенів злоякості на основі оптимізованої згорткової нейронної мережі [6]; запропоновано та досліджено метод генеративного розширення навчальної вибірки на основі дифузійної моделі, а також оцінено вплив якості синтетичних зображень на результуючу точність класифікації [19, 20]; розроблено цілісну ієрархічну архітектуру системи автоматичного діагностування [4]; проведено аналіз архітектур нейронних мереж для сегментації мікрооб'єктів на імуногістохімічних зображеннях та вдосконалено архітектуру на базі моделі U-Net [7]; розроблено алгоритм автоматичного обчислення кількісних характеристик мікрооб'єктів для верифікації молекулярних підтипів пухлин [7]; запропоновано метод автоматичного формування діагностичного висновку на основі продукційної моделі знань та клінічних настанов МОЗ України [7].

Апробація результатів дисертації. Результати дисертаційної роботи доповідалися автором особисто на семінарах та конференціях: наукових семінарах кафедри комп'ютерної інженерії ЗУНУ (2022-2026 рр.), кафедри комп'ютерних наук ЗУНУ (2026 р.); Міжнародних науково-практичних конференціях “Computational Intelligence and Smart Systems” (Львів, 2024-2025 рр.), “Informatics & Data-Driven Medicine” (Ліон, 2022 р.; Братислава,

2025 р.), Економічний і соціальний розвиток України в XXI столітті: національна візія та виклики глобалізації (Тернопіль, 2023 р.); Всеукраїнській науково-практичній конференції студентів, аспірантів та молодих вчених «Інтелектуальні комп'ютерні системи та мережі» (Тернопіль, 2022-2025 рр.)

Публікації. За результатами дисертаційних досліджень опубліковано 22 наукових праці (додаток С): вісім статей у наукових фахових періодичних виданнях України [1-8] (з них: одна стаття – у науковому фаховому періодичному виданні України, що входить до наукометричної бази Web of Science [6]; одна стаття – у науковому фаховому періодичному виданні України, що входить до наукометричної бази Scopus [7]); одна стаття на іноземному сервісі arXiv.org (Cornell University) [9]; дванадцять публікацій у матеріалах міжнародних та всеукраїнських наукових, науково-технічних конференцій [10-21] (три із них входять до наукометричної бази Scopus [10, 11, 20]); авторське право на твір [22].

Структура та обсяг дисертації. Дисертація складається із вступу, чотирьох розділів, висновків, списку використаних джерел із 138 найменувань та 15 додатків. Повний обсяг дисертації складає 221 сторінку, основний зміст викладено на 148 сторінках, де наведено 47 рисунків та 25 таблиць.

Зв'язок роботи з науковими програмами, планами і темами. Дисертаційна робота виконувалася в межах пріоритетного напрямку розвитку науки і техніки «Інформаційні та комунікаційні технології», визначеного Законом України «Про пріоритетні напрями розвитку науки і техніки», а також згідно з планом науково-дослідних робіт Західноукраїнського національного університету. Зокрема, наукові дослідження виконувалися в рамках держбюджетних та господарських наукових тем кафедри комп'ютерної інженерії ЗУНУ:

- «Гібридна інтелектуальна інформаційна технологія діагностування передракових станів молочної залози на основі аналізу зображень» (державний реєстраційний номер 0116U002500);
- «Виконання завдань Перспективного плану розвитку наукового напрямку “Технічні науки” Західноукраїнського національного університету» (державний реєстраційний номер 0121U114705);
- «Розробка методів, алгоритмів та програмних засобів синтезу та класифікації біомедичних зображень» (державний реєстраційний номер 0121U108937).

Практичне значення одержаних результатів. Практичне значення результатів дослідження полягає у розробці програмної системи автоматичного діагностування раку грудної залози «BRECCAD», яка базується на поєднанні модульної архітектури з чітким розділенням відповідальності та методів глибокого машинного навчання. Розроблені алгоритми та архітектурні рішення спрямовані на цифрову трансформацію патоморфологічних досліджень через автоматизацію рутинних обчислювальних операцій.

У межах розробленого підходу реалізовано програмну систему, яка забезпечує:

- автоматичну сегментацію імуногістохімічних зображень, обчислення кількісних характеристик та автоматичне діагностування типів та підтипів раку на основі вбудованої експертної системи, що дозволяє зменшити вплив суб’єктивного людського фактору на діагностику та покращити точність прийняття клінічних рішень;

- високу інженерну гнучкість та супроводжуваність за рахунок впровадження архітектурного патерну слабкої зв'язності, що дозволяє виконувати незалежну адаптивну оптимізацію модулів системи;

- стандартизовану взаємодію через програмний інтерфейс (API), побудований на базі REST-архітектури, що забезпечує високу пропускну

здатність при виконанні інтенсивних обчислювальних процедур та інтеграцію із зовнішніми інформаційними системами;

– ефективно управління великими обсягами неоднорідних даних за допомогою гібридної моделі зберігання на основі СУБД MongoDB та протоколу BSON, що забезпечує швидкий доступ до зображень, масок сегментації та результатів діагностування;

– масштабований вебінтерфейс, реалізований як Next-додаток, що надає медичним фахівцям інструментарій для керування наборами даних, візуалізації результатів нейромережевого аналізу та формування формалізованих звітів згідно з вимогами МОЗ України.

Практична цінність роботи визначається тим, що розроблений програмний засіб уможлиблює: науково обґрунтовувати постановку діагнозу щодо конкретних підтипів раку грудної залози завдяки інтеграції розробленої продукційної моделі знань, що базується на чинних клінічних настановах Міністерства охорони здоров'я України; мінімізувати ризики суб'єктивної інтерпретації результатів імуногістохімічних досліджень шляхом автоматичного обчислення кількісних характеристик, що забезпечує верифікованість діагностичного висновку відповідно до міжнародних протоколів; підвищити адаптивність діагностичного процесу до нових клінічних сценаріїв завдяки можливості оперативного оновлення бази знань (клінічних правил) без втручання в обчислювальне ядро системи, що забезпечується розробленою модульною архітектурою.

Розроблена програмна система може бути використана в освітніх, дослідницьких і клінічних установах, а також слугувати основою для подальшого розвитку експертних медичних систем, зокрема в напрямку онкології.

Теоретичні та прикладні результати дисертаційної роботи використано:

– в українській компанії ТОВ «Апіко Девелопмент» (м. Тернопіль) у

процесі розроблення та впровадження програмного забезпечення, що включає інтеграцію запропонованих архітектурних рішень (акт про впровадження результатів дисертаційної роботи від 4 березня 2026 р.);

– в освітньому процесі Західноукраїнського національного університету на кафедрі комп'ютерної інженерії при викладанні дисциплін: «Дослідження комп'ютерних систем штучного інтелекту», «Комп'ютерні системи штучного інтелекту», «Методи та засоби генеративного інтелекту», «Проектування комп'ютерних систем на основі графічних процесорів», «Технології глибокого машинного навчання», «Проектування інтернет-додатків для комп'ютерної інженерії» (акт про впровадження в освітній процес від 9 лютого 2026 р.);

– в ТОВ «Інститут біомедичних технологій» для автоматизації процесу аналізу гістологічних та імуногістохімічних зображень (акт про впровадження результатів дисертаційної роботи від 20 січня 2026 р.);

– в НДЧ ЗУНУ при виконанні: держбюджетної розробки «Гібридна інтелектуальна інформаційна технологія діагностування передракових станів молочної залози на основі аналізу зображень» (державний реєстраційний номер 0116U002500); держбюджетної роботи «Виконання завдань Перспективного плану розвитку наукового напрямку “Технічні науки” Західноукраїнського національного університету» (державний реєстраційний номер 0121U114705); науково-дослідної роботи, яка виконувалася професорсько-викладацьким персоналом, докторантами, аспірантами та здобувачами наукового ступеня кафедри комп'ютерної інженерії ЗУНУ в межах основного робочого часу: «Розробка методів, алгоритмів та програмних засобів синтезу та класифікації біомедичних зображень» (державний реєстраційний номер 0121U108937) (довідка від 24 лютого 2026 р.).

У додатку Т наведено акти, що засвідчують використання результатів дисертаційного дослідження.

РОЗДІЛ 1. АНАЛІЗ МЕТОДІВ, АЛГОРИТМІВ І ПРОГРАМНИХ ЗАСОБІВ АВТОМАТИЧНОГО ДІАГНОСТУВАННЯ В МЕДИЦИНІ

У цьому розділі проведено аналіз біомедичних зображень та методів штучного інтелекту, що застосовуються для завдань медичної діагностики. Також проведено порівняльний аналіз методів і алгоритмів автоматичного діагностування та архітектур відповідних систем. На основі проведеного аналізу сформульовано завдання дисертаційного дослідження.

Результати розділу опубліковано у працях автора [4, 5, 12-16, 18].

1.1 Аналіз біомедичних зображень для постановки автоматичного діагнозу

Біомедичне зображення – це структурно-функціональний образ органів людини і тварин, призначений для діагностики захворювань і вивчення анатомофізіологічної картини організму [53].

З поміж всіх біомедичних зображень можна виділити три класи, що широко використовуються для постановки діагнозу в онкології: цитологічні, гістологічні, імуногістохімічні. Дисертаційне дослідження зосереджено на аналізі та використанні гістологічних та імуногістохімічних зображень.

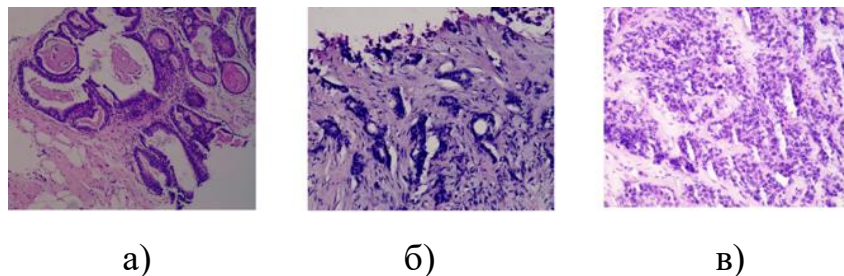
Гістологічні зображення – це мікроскопічні зображення тканин, отримані із зрізів самих тканин, що дозволяють вивчати їх структуру та виявляти патологічні зміни або пухлини [54].

Ноттінгемська гістологічна оцінка є міжнародно визнаним стандартом морфологічної оцінки інвазивного раку грудної залози. Вона ґрунтується на трьох незалежних морфологічних критеріях – формуванні трубочок, ядерному поліморфізмі та мітотичному індексі, кожен з яких оцінюється за

тризначною шкалою. Сумарний бал (від 3 до 9) визначає градацію диференціації пухлини:

- G1 (високодиференційовані) – клітини зберігають структуру, низька проліферативна активність;
- G2 (помірна диференціація) – помірна атипія, середній рівень поділу;
- G3 (низька диференціація) – клітини втрачають структурну подібність, висока проліферативна активність.

Рисунок 1.1 ілюструє приклади гістологічних зображень для кожного з класів, що дозволяє наочно оцінити різницю між ними.



а) клас G1; б) клас G2; в) клас G3.

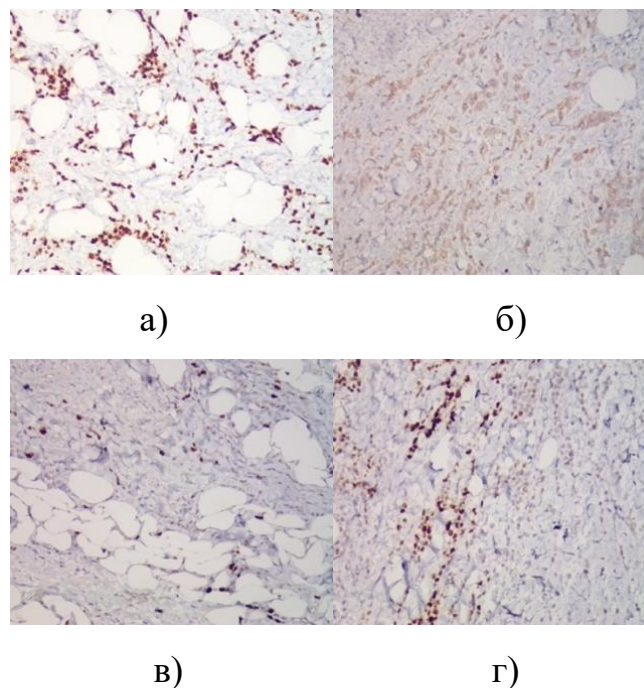
Рис. 1.1. Приклади гістологічних зображень раку грудної залози за ступенем диференціації

Гістологічні зображення дозволяють ідентифікувати наявність ракових клітин, тоді як імуногістохімічне дослідження дає змогу виявити білки-маркери, що відіграють важливу роль у визначенні типу клітин та молекулярно-генетичного підтипу пухлини. Для цього застосовуються антитіла, які зв'язуються з відповідними білками, а результати візуалізуються за допомогою спеціальних барвників.

Визначення підтипу раку грудної залози має не лише діагностичне, а й терапевтичне значення. Воно базується на аналізі чотирьох основних біомаркерів (ER – естроген, PgR – прогестерон, Ki67 – індекс проліферації, HER2 – рецептор епідермального фактора росту людини 2), що

відповідають таким підтипам: люмінальний А, люмінальний В, HER2-позитивний та базальноподібний [55]. У процесі діагностики для одного гістологічного зображення зазвичай використовуються чотири відповідні імуногістохімічні, які оцінюються за двома основними параметрами: середньою інтенсивністю забарвлення та відсотком позитивних клітин.

Приклад чотирьох імуногістохімічних зображень приведено на рис. 1.2.



а) ER (рецептор естрогену); б) HER2 (рецептор епідермального фактора росту людини 2); в) Кі67 (індекс проліферації); г) РgR (рецептор прогестерону).

Рис. 1.2. Приклади імуногістохімічних зображень

Імуногістохімічний аналіз гістологічних зображень значно підвищує точність діагностики в онкології. За допомогою цього аналізу можна отримати інформацію щодо класифікації пухлин, визначення їх походження, прогнозування розвитку хвороби та визначення методів лікування. Поєднання гістологічної оцінки з імуногістохімічним

фарбуванням допомагає онкологам приймати обґрунтовані рішення щодо ведення пацієнтів і стратегії їх лікування.

База даних біомедичних зображень містить ІГХ-зображення, їх сегментовані маски та гістологічні зображення тканин. Колекція представляє зразки, що відображає інвазивний тип раку грудної залози та є цінним ресурсом для дослідників в галузі медичної інформатики, патології та штучного інтелекту. Набір даних дає можливість розробляти, навчати та тестувати алгоритми комп'ютерного зору та глибокого навчання, спрямованих на автоматизацію визначення раку грудної залози. Завдяки високій якості зображень база сприяє розвитку комп'ютерних систем діагностування, зокрема підвищенню точності діагностики.

Оригінальні малі вибірки імуногістохімічних та гістологічних зображень отримані в результаті наукової співпраці з кафедрою патологічної анатомії з секційним курсом та судовою медициною Тернопільського національного медичного університету ім. І.Я. Горбачевського (завідувач кафедри – д.мед.н., професор Сельський П.Р.) [56]. Активну участь у дослідженні як експерт-консультант брала к.мед.н. Дацко Т.В., яка здійснювала верифікацію патоморфологічних діагнозів та експертну оцінку імуногістохімічного статусу зразків.

Набір ІГХ-зображень містить 32 зразки із роздільною здатністю 4096×3286 пікселів, що були нарізані на фрагменти розміром 128×128 пікселів. В результаті, сформовано вибірку розміром 982 зразки згрупованих по 4 каталогах для кожного біомаркера: ER, PgR, HER2, Ki67.

Гістологічна вибірка містить 159 зразків розміром 4096×3286 пікселів. Після відбору та фрагментації до розміру 512×512 пікселів вибірка містить 300 зображень – по 100 зображень для кожного класу. Гістологічний набір був розширений шляхом застосування афінних спотворень та синтезу зображень із використанням дифузійної моделі (див. розділ 2). Кінцева розширена вибірка містить 15000 зразків по 5000 для кожного класу

розміром 512×512 пікселів згрупованих по 3 каталогах за ступенем диференціації пухлини: G1, G2, G3.

У базі даних біомедичних зображень кожне зображення супроводжується анотацією, яка містить такі ключові параметри:

- ідентифікатор дослідження (каталог/номер), що однозначно позначає конкретний зразок;
- опис мікроскопічної структури пухлини, включно з гістологічними характеристиками (наприклад, морфологічні ознаки);
- грейд пухлини (G1-G3), що відповідає ступеню диференціювання.

Анотації формалізують структуровану інформацію для навчання та оцінки моделей глибокого навчання, забезпечуючи при цьому можливість автоматизованої класифікації і сегментації; стандартизований формат даних для аналітики та статистичних досліджень; контрольовану інтеграцію з різними модулями системи (класифікація, сегментація, визначення ознак).

Таким чином, кожна анотація поєднує медичну експертизу та структуровані метадані, що робить базу даних готовою до використання в дослідницьких та клінічних алгоритмах автоматичного діагностування.

Анонімізація дослідження забезпечена шляхом використання цифрових зображень, отриманих із гістологічних препаратів без персональних даних. Додатковим чинником анонімізації є підхід із синтезом зображень.

1.2 Аналіз достовірності та верифікованості автоматичного діагностування

Медичне діагностування визначається як багатокomпонентний процес розпізнавання хвороби та оцінки стану пацієнта, що базується на синтезі анамнестичних, клінічних, лабораторних та інструментальних даних. У

контексті інтелектуалізації онкоморфологічних досліджень ключовими характеристиками цього процесу є його достовірність та верифікованість.

Достовірність у медицині – це комплексний показник, який вказує на об'єктивність діагнозу та його обґрунтованість доказами. Достовірним вважається той діагноз, який базується на сукупності клінічних симптомів, лабораторних даних та інструментальних досліджень, що виключають випадкові помилки.

У межах даного дослідження достовірність діагностування базується на об'єктивній відповідності результатів роботи алгоритмів штучного інтелекту реальному гістологічному стану тканин. Вона забезпечується кількісним показником – точністю класифікації, що демонструє здатність нейромережевої моделі ідентифікувати ступені злоякісності раку грудної залози (ступені диференціювання G1, G2, G3).

Достовірність забезпечується тим, що нейронна мережа навчається на верифікованій вибірці. Це мінімізує ймовірність випадкових помилок і гарантує, що система виділяє саме патоморфологічні ознаки, притаманні конкретному класу.

Верифікованість – це процес остаточного підтвердження клінічних припущень лікаря за допомогою об'єктивних методів дослідження (лабораторних, інструментальних, патоморфологічних).

Верифікованість результатів досягається шляхом автоматичного аналізу імуногістохімічних зображень на основі моделей, навчених на еталонній вибірці. Відповідно до методології роботи, кожному гістологічному зразку зіставлено множину із чотирьох ІГХ-біомаркерів (ER, PR, HER2, Ki-67).

Процес верифікації реалізується через:

- 1) Сегментацію ІГХ-зображень для виділення клітинних структур.

- 2) Обчислення кількісних характеристик: середньої інтенсивності забарвлення клітин (для визначення позитивності) та відсоткового співвідношення позитивних клітин до загальної популяції.
- 3) Зіставлення з клінічними настановами МОЗ України, що регламентують інтерпретацію ІГХ-статусу для встановлення молекулярного підтипу пухлини. Це забезпечує легітимність діагностичних висновків та їх відповідність чинним медичним протоколам.

Верифіковані зображення необхідні як еталон для навчання та валідації точності системи.

Важливим аспектом дослідження є розмежування функцій лікаря та діагностичної системи, що визначається через поняття автоматизованого та автоматичного діагностування.

Автоматизоване діагностування розглядається як людино-машинний процес підтримки прийняття рішень. Система виконує складні обчислення кількісних параметрів (інтенсивність, відсоток експресії), надаючи лікарю-патоморфологу об'єктивні дані для фінальної верифікації діагнозу. Це дозволяє нівелювати суб'єктивізм візуальної оцінки.

Автоматичне діагностування передбачає самостійне виконання системою повного циклу: від первинної класифікації гістологічного зображення до сегментації ІГХ-зрізів та формування фінального діагностичного висновку. Саме на вдосконаленні таких систем комп'ютерної діагностики зосереджено дане дисертаційне дослідження.

Таким чином, розробка автоматичної системи діагностування раку грудної залози на основі аналізу гістологічних та імуногістохімічних зображень дозволяє забезпечити високу достовірність результатів та перетворює вхідні дані на верифікований клінічний висновок, що відповідає чинним клінічним стандартам.

1.3 Аналіз методів і засобів діагностування в медицині

Сучасні методи штучного інтелекту швидко розвиваються та набувають все більшого застосування у медичній діагностиці. Використання ШІ у цій галузі сприяє підвищенню точності діагнозів, прискоренню процесу діагностування та зменшенню витрат на медичні послуги.

Нижче приведено основні методи (таблиця 1.1) та засоби (таблиця 2.2) ШІ, які використовуються для діагностування [5].

Таблиця 1.1

Методи ШІ для діагностування

Методи навчання	Тип задачі	Методи
Методи машинного навчання	Класифікація	Дерева рішень, метод опорних векторів (SVM), ансамблеві методи, логістична регресія
	Регресія	Лінійна регресія, багатовимірна регресія, штучні нейронні мережі для регресійних задач
	Сегментація	Методи кластеризації, метод вододілу, гаусові сумішеві моделі, випадковий ліс (піксельна класифікація), регіональне зростання
Методи глибокого навчання	Класифікація	Згорткові нейронні мережі, рекурентні нейронні мережі, трансформери
	Сегментація	Згорткові нейронні мережі (U-Net), трансформери (TransUNet, Swin-UNet тощо)

Таблиця 1.2

Засоби ШІ для діагностування

Тип засобу	Призначення
Системи підтримки прийняття рішень (DSS)	Платформи, що надають лікарям рекомендації на основі аналізу даних пацієнта та медичних протоколів
Системи комп'ютерного діагностування (CAD)	Інструменти, що допомагають у ранньому виявленні захворювань, таких як рак, шляхом аналізу медичних зображень
Мобільні системи виявлення аномалій на основі даних про стан здоров'я (mHealth-ADS)	Використання мобільних додатків та портативних пристроїв для моніторингу здоров'я та раннього виявлення аномалій

CAD часто комбінують кілька методів для досягнення кращої точності та надійності діагностики. Наприклад, CNN можуть використовуватися для виділення ознак зображень, а потім класифікатори ML можуть використовувати ці ознаки для прийняття рішень. Подібні комбінації методів забезпечують більш точний аналіз та допомагають лікарям у прийнятті обґрунтованих рішень.

Ці методи продовжують розвиватися, включаючи нові технології та підходи, що дозволяє підвищувати точність та ефективність CAD-систем у медичній діагностиці.

Нижче наведено основні методи і алгоритми (таблиця 1.3), які використовуються для автоматичного діагностування в сучасній медицині [5].

Таблиця 1.3

Методи автоматичного діагностування

Категорія методу	Метод	Призначення
Класичні методи машинного навчання	Дерева рішень	Використовуються для класифікації медичних даних та побудови прогнозів на основі симптомів та інших характеристик пацієнтів
	Метод опорних векторів	Застосовується для задач класифікації та регресії, зокрема, для розпізнавання аномалій у медичних зображеннях

	Байєсівський класифікатор	Використовується для діагностики на основі ймовірнісних моделей
Методи глибокого навчання	Згорткові нейронні мережі	Використовуються для автоматичного аналізу медичних зображень (МРТ, КТ, рентгенівські знімки) для виявлення патологій
	Рекурентні нейронні мережі	Ефективні для обробки послідовних медичних даних, таких як ЕКГ та інші часозалежні сигнали
	Аудіовізуальні моделі	Застосовуються для аналізу звуків, таких як дихання або серцебиття, для виявлення аномалій
Гібридні методи	Ансамблеві методи	Використовують комбінації різних моделей для підвищення точності діагнозів
	Трансферне навчання	Передбачає використання попередньо навчених моделей на нових медичних даних для скорочення часу навчання та покращення результатів

Розглянемо засоби типових задач діагностування. Вони приведені у таблиці 1.4 [16].

Таблиця 1.4

Засоби типових задач діагностування

Тип задачі	Засоби	Призначення
Аналіз медичних зображень	Згорткові нейронні мережі	Найбільш поширені для аналізу зображень такі, як VGGNet, ResNet, Inception
	Регіональні CNN	Використовуються для виявлення об'єктів на медичних зображеннях
Аналіз електронних медичних записів	Рекурентні нейронні мережі	Використовуються для прогнозування захворювань на основі історії пацієнта
	Графові нейронні мережі	Застосовуються для аналізу взаємозв'язків між різними медичними показниками
Аналіз геномних даних	Глибокі нейронні мережі	Використовуються для виявлення генетичних мутацій та прогнозування схильності до певних захворювань
	Машинне навчання на основі дерев	Застосовується для класифікації та прогнозування на основі

		великих наборів геномних даних
--	--	--------------------------------

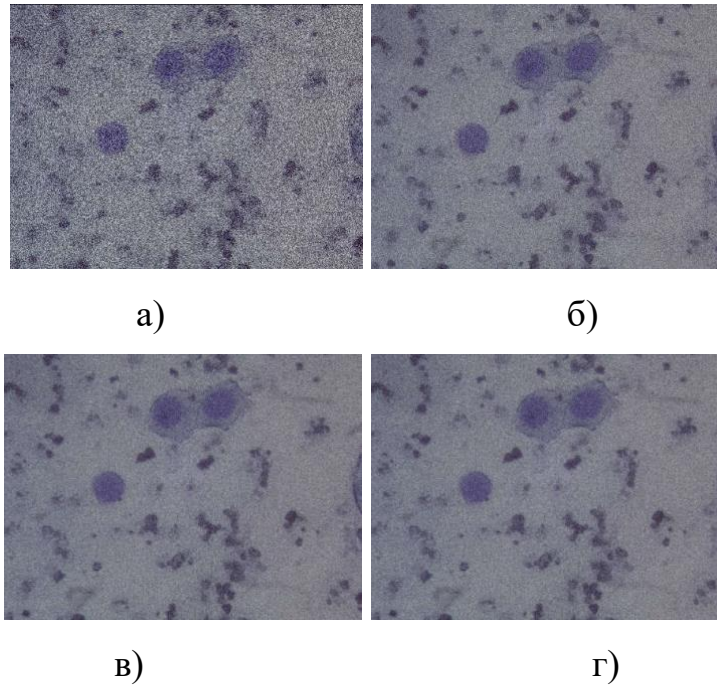
Автоматичне діагностування має великий потенціал, але стикається з певними викликами [5]:

- Точність і надійність: потрібно забезпечити високу точність діагнозів, щоб уникнути помилкових висновків.
- Етика і конфіденційність: забезпечення захисту персональних даних пацієнтів.
- Інтерпретація результатів: надання інтерпретованих результатів для лікарів та пацієнтів.

Методи і алгоритми автоматичного діагностування надають можливість значно покращити процес діагностування захворювань, забезпечуючи швидкі та точні результати. Вони можуть знизити навантаження на медичний персонал і підвищити якість медичних послуг. Однак, необхідно ретельно підходити до їх впровадження, враховуючи всі можливі виклики і етичні аспекти.

Для забезпечення високої точності діагностики за допомогою методів автоматичного діагностування, необхідно ретельно підготувати дані, які будуть використовуватися для аналізу. Одним з ключових етапів є попередня обробка і сегментація медичних зображень.

Попередня обробка зображень – це процес покращення їх якості, що зазвичай включає: вирівнювання яскравості зображення, коригування контрасту та виконання інших перетворень. На рис. 1.3 приведені результати роботи медіанного фільтра [57], який є одним із видів цифрових фільтрів, що широко використовується в цифровій обробці зображень для зменшення рівня шуму.



а) зашумлене зображення (комбінований шум); б) медіанний фільтр 5×5 ;
 в) медіанний фільтр 9×9 ; г) медіанний фільтр 21×21 .

Рис. 1.3. Результат застосування медіанного фільтра

В основі фільтрації зображень використовується операція згортки, яка також є ключовим елементом згорткових нейронних мереж. Вона полягає у визначенні нового значення пікселя з урахуванням інтенсивностей його сусідніх пікселів. Для цього застосовується спеціальний набір коефіцієнтів, організований у вигляді матриці, яку називають ядром згортки. Як правило, таке ядро має квадратну форму розміром $n \times n$, де n – непарне число. Під час визначення нового значення пікселя ядро згортки розміщується таким чином, щоб його центральний елемент відповідав цьому пікселю. При цьому сусідні пікселі також потрапляють у область покриття ядра. Далі обчислюється зважена сума: кожне значення пікселя множиться на відповідний коефіцієнт ядра, після чого всі отримані добутки підсумовуються. Результат може додатково нормалізуватися шляхом ділення на певний коефіцієнт або на суму елементів ядра. Отримане значення присвоюється центральному пікселю. Виконання цієї операції для

всіх пікселів зображення дозволяє отримати нове зображення, вигляд якого визначається параметрами обраного ядра.

Сегментація зображень – це процес розділення зображення на однорідні області згідно вибраного критерію. Існує кілька класичних методів сегментації зображень (таблиця 1.5), а також сучасні методи на основі нейронних мереж.

Таблиця 1.5

Класичні методи сегментації зображень

Метод сегментації	Варіант / Алгоритм	Принцип роботи
Порогова сегментація (Thresholding)	Простий поріг (Global Thresholding)	Пікселі зображення поділяються на дві групи на основі встановленого порогу яскравості. Якщо інтенсивність пікселя вище порогу, він відноситься до одного класу, інакше — до іншого.
	Адаптивний поріг (Adaptive Thresholding)	Поріг визначається окремо для кожного пікселя на основі його оточення, що дозволяє краще враховувати локальні особливості зображення.
Метод вододілу (Watershed)		Ідея методу полягає в уявленні зображення у вигляді топографічної поверхні, де інтенсивність пікселів відповідає висоті. Метод вододілу визначає межі областей, які представляють басейни водозбору. Це дозволяє сегментувати зображення на основі розділення цих басейнів.
Метод кластеризації (Clustering)	K-means	Зображення розбивається на K кластерів, і кожен піксель належить до кластера з найближчим середнім значенням. Цей метод добре працює для сегментації зображень на основі кольору або інтенсивності.
	Gaussian Mixture Models	Це узагальнення методу K-means, яке дозволяє враховувати ймовірнісний розподіл кластерів.
Регіональне зростання (Region Growing)		Цей метод починається з початкового пікселя (насіння) і розширює область шляхом додавання сусідніх пікселів, які відповідають певним критеріям подібності, наприклад, на основі кольору або текстури.
Активні контури (Active Contours, або Snake)		Це ітеративний метод, де контур об'єкта деформується під дією внутрішніх та зовнішніх сил, поки не досягне межі об'єкта.

		Він часто використовується для сегментації об'єктів зі складними формами.
--	--	---

Класичними системами, де використовуються проаналізовані методи сегментації зображень, є системи автоматизованої мікроскопії. Так, у роботі [1] проведено порівняльний аналіз таких систем на низькому, середньому та високому рівнях комп'ютерного зору. Спроектовано та програмно реалізовано інтелектуальну систему діагностування. Перевагою системи, порівняно з аналогами, є наявність чотирьох рівнів доступу, адаптивного графічного інтерфейсу для різних типів користувачів, методів автоматичного покращення якості зображення та їх сегментації, модуля для зручної комунікації між користувачами, модуля обліку пацієнтів. Розроблена у роботі [1] система забезпечує можливість обробки кількісних та якісних характеристик зображень.

Для виділення ознак на зображенні і його сегментації широко використовується і засоби глибокого навчання, вони приведені у таблиці 1.6.

Таблиця 1.6

Засоби глибокого навчання для сегментації зображень

Тип нейронної мережі	Принцип роботи
FCN	Це клас нейронних мереж, де повністю згорткові шари використовуються для семантичної сегментації зображень. Мережа FCN приймає зображення будь якого розміру і видає карту сегментації з тією ж роздільною здатністю.
U-Net	Ця архітектура поєднує контракуючу і розширюючу частини, що дозволяє відновлювати деталі сегментації з високою точністю. U-Net використовується для біомедичної сегментації, але також популярна у інших задачах.
SegNet	Це модифікація FCN, де сегментаційна карта відновлюється в декілька етапів за допомогою каскадного підходу. Кожен етап

	відповідає за збільшення роздільної здатності зображення.
Mask R-CNN	Розширення FrCN, яке крім визначення об'єктів, також проводить сегментацію кожного виявленого об'єкта. Метод поєднує завдання класифікації об'єктів та сегментації в одну модель.
DeepLab	Використовує згорткові нейронні мережі з розширеними фільтрами для покращення роздільної здатності сегментації. DeepLab також включає контекстну обробку зображення за допомогою модуля ASPP.

Архітектури CNN, такі як Alex-Net [33], VGG-Net [58], GoogleNet [59] і Dense-Net [60] були розроблені та застосовані до різних задач розпізнавання зображень. Загалом, моделі сегментації на основі CNN можна поділити на такі підходи, що базуються на пікселях та зображеннях. Піксельні підходи класифікують кожен піксель як окремий об'єкт, що є задачею класифікації. Підходи на основі зображень приймають зображення на вхід і видають сегментацію вхідного зображення (розмір зображення залишається таким же).

На основі проведеного порівняння класичних методів машинного навчання і підходів на основі нейронних мереж для задач сегментації, можна зробити такі висновки:

1. Методи на основі глибокого навчання, як правило, демонструють вищу точність і кращу здатність до узагальнення у порівнянні з класичними методами.

2. Класичні методи менш обчислювально витратні, але можуть вимагати тонкого налаштування під конкретну задачу. Моделі глибокого навчання, зокрема нейронні мережі, вимагають більше ресурсів, але вони є більш універсальними.

3. Моделі глибокого навчання можуть навчатися на великих наборах даних і автоматично визначати оптимальні функції для сегментації, тоді як

класичні методи часто залежать від попередньо визначених правил або параметрів.

Таким чином, вибір методу залежить від конкретної задачі, наявності даних та вимог до точності й швидкості сегментації.

Приклад сегментації зображень за допомогою глибокого навчання приведений на рис. 1.4.

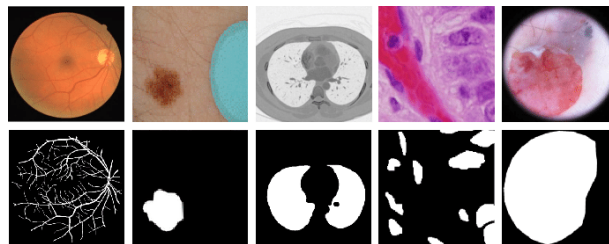


Рис. 1.4. Приклад сегментації зображень за допомогою глибокого навчання

Класифікація зображень – це процес автоматичного віднесення зображення до одного або кількох класів на основі його змісту. Існують класичні методи класифікації, що використовують різні ознаки зображення, а також сучасні засоби на основі глибокого навчання. Розглянемо обидва підходи, що приведені у таблиці 1.7 та таблиці 1.8 відповідно.

Таблиця 1.7

Класичні методи класифікації зображень

Метод класифікації	Варіант / Алгоритм	Принцип роботи
Метод найближчих сусідів		Об'єкт класифікується на основі більшості класів його найближчих сусідів у ознаковому просторі. Відстань між об'єктами вимірюється за допомогою різних метрик, таких як евклідова або мангеттенська відстань. Часто використовується для простих задач класифікації зображень, особливо коли важливо зберегти інтуїтивне розуміння рішення.

Методи на основі гістограм ознак	Гістограма орієнтованих градієнтів	Визначає розподіл градієнтів у межах блоків зображення. Ці гістограми використовуються як вектор ознак для класифікації зображення.
	SIFT та SURF	Алгоритми, що виявляють та описують ключові точки зображення. Отримані вектори ознак можуть бути використані для класифікації або порівняння зображень.
Метод опорних векторів		SVM знаходить гіперплощину, яка максимально розділяє дані різних класів у ознаковому просторі. Цей метод є ефективним для лінійно-роздільних даних, але може бути узагальнений для нелінійних задач за допомогою ядрових методів. Використовується для задач класифікації, де потрібна висока точність і розумні обчислювальні витрати.
Байєсівські класифікатори		Використовують теорему Байєса для прогнозування ймовірності належності об'єкта до певного класу на основі відомих ознак.
	Наївний Байєс (Naive Bayes)	Припускає незалежність ознак один від одного, що дозволяє використовувати спрощену модель для класифікації.
Дерева рішень і ансамблеві методи	Дерева рішень	Створюють ієрархічну модель на основі розподілу ознак, де кожен вузол дерева відповідає певному критерію розподілу, а кожен лист відповідає класу.
	Ансамблі методів (Random Forest, AdaBoost)	Поєднують кілька дерев рішень або інших слабких моделей для підвищення точності класифікації.

Таблиця 1.8

Засоби глибокого навчання для задач класифікації зображень

Тип нейронної мережі	Принцип роботи	Призначення
CNN	CNN використовують згорткові шари для автоматичного виділення ознак із зображень. Ці шари обробляють зображення фільтрами,	Використовуються в багатьох областях, включаючи розпізнавання облич, об'єктів, тексту, а

	які виявляють важливі візуальні патерни, такі як краї, текстур, форми. Класичні архітектури CNN включають LeNet, AlexNet, VGG, ResNet, Inception, кожна з яких має свої особливості та оптимізації для різних задач класифікації.	також у медичній діагностиці.
ResNet (Residual Networks)	ResNet використовує залишкові блоки, які дозволяють уникнути проблеми зникнення градієнта при навчанні дуже глибоких мереж. Це робить можливим створення нейронних мереж з тисячами шарів.	Відзначається високою точністю в задачах класифікації на великих наборах даних, таких як ImageNet.
DenseNet (Densely Connected Convolutional Networks)	DenseNet поєднує кожен шар із всіма попередніми шарами за допомогою прямого зв'язку. Це дозволяє максимізувати передачу інформації і покращує розпізнавання складних структур.	Використовується в задачах класифікації та сегментації, де необхідна висока точність і деталізація ознак.
Inception (GoogLeNet)	Inception використовує концепцію «шарів на основі ширини», які одночасно застосовують кілька фільтрів різних розмірів до одного й того ж шару. Це дозволяє мережі більш ефективно виділяти інформацію з різних масштабів.	Застосовується в задачах класифікації зображень, де важлива багат шарова обробка.
Transformer для зображень (Vision Transformer, ViT)	Використовує механізм самоуваги для обробки зображень. Зображення ділиться на невеликі патчі, які обробляються як послідовність елементів, аналогічно тому, як це робиться в обробці тексту.	ViT демонструє високу ефективність на великих наборах даних і стає все більш популярним у задачах класифікації зображень.
Capsule Networks (CapsNet)	CapsNet зберігає просторову ієрархію між об'єктами та їхніми частинами, що дозволяє краще розпізнавати об'єкти незалежно від їхнього розташування або орієнтації.	Використовується для класифікації зображень, особливо коли важливо враховувати взаємодію між частинами об'єкта.

Приклад класифікації зображень за допомогою глибокого навчання приведений на рис. 1.5. На рисунку представлено ROC-криву моделі класифікації раку грудної залози. Крива відображає залежність між чутливістю (True Positive Rate) та частотою хибнопозитивних рішень (False Positive Rate).

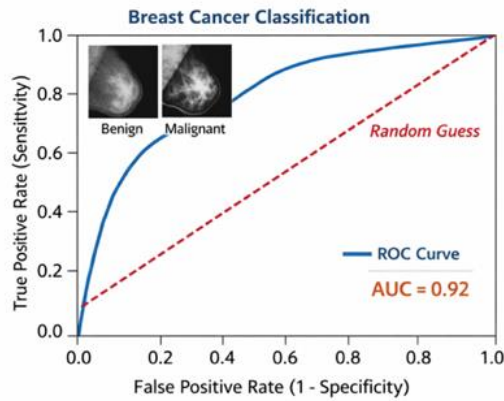


Рис. 1.5. Приклад класифікації зображень за допомогою глибокого навчання

Порівняльний аналіз класичних методів машинного навчання і підходів на основі нейронних мереж для задач класифікації дозволяє зробити такі висновки:

1. Моделі глибокого навчання, зокрема згорткові нейронні мережі, значно перевершують класичні методи за точністю класифікації, особливо на великих і складних наборах даних.

2. Підходи на основі нейронних мереж вимагають значно більше обчислювальних ресурсів для навчання та інференції, але з розвитком апаратного забезпечення і алгоритмів (наприклад, використання графічних процесорів) це стає менш проблемним.

3. Моделі глибокого навчання легше масштабуються і адаптуються до нових задач шляхом перенавчання або використання технік трансферного навчання. Класичні методи можуть вимагати суттєвого налаштування для адаптації до нових умов.

Сучасні методи класифікації зображень на основі глибокого навчання значно перевершують класичні підходи за точністю і можливостями, особливо в задачах, де потрібно враховувати складні взаємодії між ознаками. Класичні методи залишаються корисними для менш складних

задач або у випадках, коли важливі обчислювальні ресурси або інтерпретованість моделі.

З метою збільшення швидкодії аналізу зображень, у дослідженні [10] розроблено адаптивний метод і алгоритм попередньої обробки зображень та моделі згорткових нейронних мереж для класифікації цитологічних та гістологічних зображень. Комп'ютерні експерименти проводилися на базі центральних і графічних процесорів з використанням технології CUDA. Для тестування алгоритмів попередньої обробки та класифікації використовувалися гістологічні та цитологічні зображення передракових і ракових станів грудної залози.

У роботі [11] виконано порівняльний аналіз алгоритмів навчання нейронних мереж на основі градієнтного спуску. Для класифікації біомедичних зображень використовувалися згорткові нейронні мережі заданої архітектури. Порівняння алгоритмів проводилося за такими параметрами: час навчання, втрати під час навчання, точність навчання, втрати під час тестування та точність тестування. На основі набору цитологічних зображень було обрано чотири оптимальні оптимізатори за показником валідованої точності: Adamax, Adadelta, Adagrad та RMSprop.

1.4 Аналіз архітектур програмних систем автоматичного діагностування

Системи комп'ютерної діагностики використовуються в медицині для допомоги лікарям у процесі постановки діагнозу. CAD-системи аналізують медичні зображення, такі як рентгенівські знімки, МРТ, КТ та інші, і виявляють потенційно патологічні області або аномалії, які можуть вимагати подальшого обстеження.

CAD-системи включають в себе такі основні компоненти:

1. *Введення даних.* Цей етап включає збір медичних зображень за допомогою різних медичних пристроїв, таких як рентгенівські апарати, магнітно-резонансні томографи, комп'ютерні томографи та ультразвукові апарати. Також можуть використовуватися інші дані пацієнта, як-от результати аналізів крові або генетичні дані.
2. *Попередня обробка.* На цьому етапі зображення обробляються з метою видалення шумів, корекції контрасту та інших дефектів, що можуть заважати подальшому аналізу. Це може включати застосування фільтрів для зменшення шуму, вирівнювання яскравості та контрастності, усунення артефактів і поліпшення чіткості зображення.
3. *Виділення ознак.* Цей крок передбачає аналіз зображень для виявлення специфічних ознак або характеристик, таких як контури, текстури, розміри та форми об'єктів. Алгоритми виділення ознак можуть використовувати методи сегментації зображень для виділення конкретних областей, які можуть містити патології.
4. *Класифікація.* На цьому етапі застосовуються алгоритми машинного навчання для аналізу виділених ознак та класифікації їх як нормальні або патологічні. Алгоритми можуть бути натреновані на великих наборах даних для розпізнавання типових патернів патологій, таких як пухлини, крововиливи чи інші аномалії.
5. *Візуалізація результатів.* Результати аналізу відображаються у формі, зручній для лікаря. Це може включати маркування підозрілих областей на зображенні, виведення статистичної інформації про ймовірність патології, а також надання рекомендацій щодо подальших дій. Важливо, щоб результати були представлені таким чином, щоб лікар міг швидко та точно інтерпретувати інформацію.

Усі архітектури CAD-систем умовно можна поділити на три основні групи відповідно до застосовуваних методів: класичні методи, методи машинного навчання та методи глибокого навчання.

Класичні методи комп'ютерної діагностики ґрунтуються на підходах цифрової обробки зображень і не передбачають використання процедур навчання на даних. Вони базуються на детермінованих алгоритмах із явно заданими правилами, параметрами та критеріями прийняття рішень. До таких методів належать етапи попередньої обробки зображень, сегментації, виділення ознак, контурного аналізу та подальшої класифікації або розпізнавання об'єктів.

Машинне навчання дозволяє створювати моделі, які вчать на основі історичних даних. Найбільш поширеними алгоритмами є дерева рішень, метод опорних векторів та ансамблеві методи.

Глибоке навчання використовує багатоварові нейронні мережі для автоматичного виділення ознак та класифікації. До популярних архітектур відносяться згорткові нейронні мережі та рекурентні нейронні мережі.

Важливо зазначити, що одна й та сама задача, зокрема сегментація медичних зображень, може бути розв'язана як класичними методами, так і методами машинного або глибокого навчання, проте відмінність між ними полягає у способі формування ознак і прийняття рішень.

Порівняння методів для автоматичного діагностування приведено у таблиці 1.9 [4].

Таблиця 1.9

Порівняння методів для автоматичного діагностування

Методи	Переваги	Недоліки
Класичні методи	простота реалізації; висока швидкість обробки; низькі вимоги до обчислювальних ресурсів	обмежена точність; залежність від якості зображень; низька адаптивність до варіацій даних

Машинне навчання	гнучкість у налаштуванні моделей; можливість використання великих обсягів даних	потреба у великій кількості розмічених даних; ризик перенавчання
Глибоке навчання	висока точність діагностики; автоматичне виділення інформативних ознак; можливість роботи з великими обсягами даних	високі вимоги до обчислювальних ресурсів; складність налаштування; тривалий час навчання моделей

Проведений аналіз методів демонструє, що кожен підхід має свої переваги та недоліки, які варто враховувати при виборі методу для конкретного завдання медичного діагностування.

CAD- та DSS-системи, що застосовуються в онкології, підтверджують практичний потенціал зазначених підходів у підвищенні ефективності діагностики та підтримці клінічного прийняття рішень, що в свою чергу сприяє покращенню медичної допомоги та результатів лікування пацієнтів.

Базова архітектура CAD зображена на рис. 1.6 і складається з чотирьох основних модулів [61, 62]: попередньої обробки зображень, визначення областей інтересу, виділення ознак, а також класифікації вибраної області.

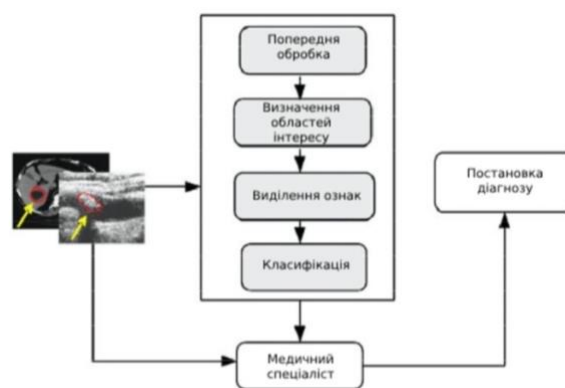


Рис. 1.6. Базова архітектура CAD

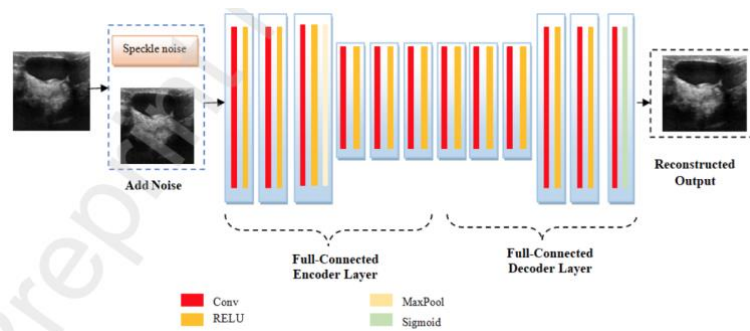


Рис. 1.8. Архітектура моделі згорткового автокодера

Далі, для точної сегментації ділянок пухлини використовується оптимізований підхід на основі DeeplabV3+, який вважається одним з найвідоміших алгоритмів семантичної сегментації для медичних зображень. Ця модель реалізована на основі структури кодування-декодування, яка вдосконалена додаванням стислого та ефективного декодера.

Після сегментації також використовується Grad-CAM, який є одним з методів пояснюваного штучного інтелекту (XAI). XAI – це здатність систем штучного інтелекту, зокрема моделей глибокого навчання, надавати зрозумілі та інтерпретовані пояснення своїх рішень або прогнозів. У більш широкому контексті XAI є складовою концепції відповідального штучного інтелекту (RAI), яка охоплює принципи прозорості, надійності, безпечності, етичності та підзвітності моделей штучного інтелекту, особливо в медичних застосуваннях.

Grad-CAM забезпечує візуальні пояснення шляхом формування теплових карт, що відображають області вхідного зображення, які здійснюють найбільший вплив на рішення або прогноз моделі [64]. Для цього метод використовує градієнти, отримані з останнього згорткового шару, що дозволяє ідентифікувати значущі регіони та отримати додаткову інформацію про процес прийняття рішень згортковою нейронною мережею [65].

Заключним етапом роботи CAD є виділення і генерація найбільш релевантних регіональних і морфологічних ознак за допомогою методу GLCM.

Метод GLCM – загальнозживаний статистичний метод розроблений Хараліком та ін. [66]. Цей метод оцінює текстурні зв'язки між пікселями шляхом обчислення статистики другого порядку в межах зображень. Такі обчислення зазвичай передбачають використання двох пікселів в операції. GLCM обчислює частоту певних комбінацій значень яскравості пікселів, таким чином встановлюючи частотний розподіл пар пікселів [63].

Розглянемо ще одну CAD-систему для виявлення раку грудної залози на основі мамографії, описану авторами у праці [67], її архітектура зображена на рис. 1.9.

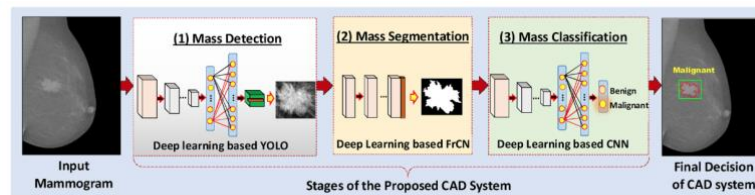


Рис. 1.9. Архітектура CAD для виявлення раку грудної залози

Для виявлення мас молочних залоз на мамографічних знімках використовується мережа глибокого навчання YOLO. Для сегментації мас використовується мережа FrCN. Для визначення маси і класифікації її як доброякісної або злоякісної використовується глибока згортова нейронна мережа.

Мережа FrCN складається з двох основних послідовних мереж: енкодера та декодера. Мережа енкодера включає тринадцять шарів згортки. Однак, на відміну від попередніх глибоких моделей, шари макс-пулінгу та підвибірки були видалені з мережі енкодера, щоб зберегти повну

просторову роздільну здатність оригінального входу, а також деталі об'єктів.

Мережа декодера FrCN побудована шляхом заміни всіх трьох повнозв'язкових шарів VGG-16 на три повні згорткові шари. Оскільки в мережі енкодера використовуються згорткові шари на повній роздільній здатності вхідних зображень без підвибірки, шари підвибірки та деконволюції в мережі декодера не використовуються. Остаточний вихід глибоких карт ознак безпосередньо передається до класифікатора Softmax для отримання ймовірності того, що кожен піксель є масою або немасою. Нарешті, нелінійна активаційна функція ReLU використовується після кожного блоку на етапі енкодера та декодера.

На рис. 1.10 показана архітектура моделі FrCN. CNN складається з п'яти шарів згортки та двох повнозв'язних шарів, як показано на рис. 1.11.

Для першого та другого шарів згортки використовуються відповідно 20 і 64 фільтри розміром 5×5 . Третій, четвертий і п'ятий шари згортки містять по 256 фільтрів розміром 3×3 кожен. Неперекриваючий макс-пулінг розміром 2×2 використовується для підвибірки вхідного патчу з фактором 2, як показано на рис. 1.11.

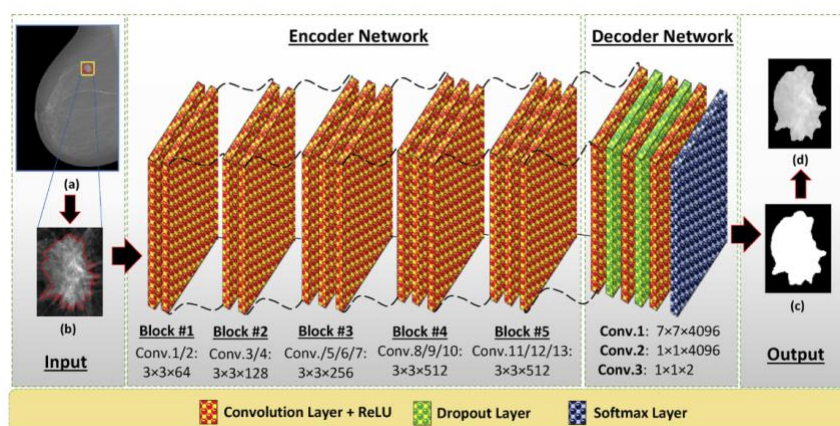


Рис. 1.10. Архітектура моделі FrCN

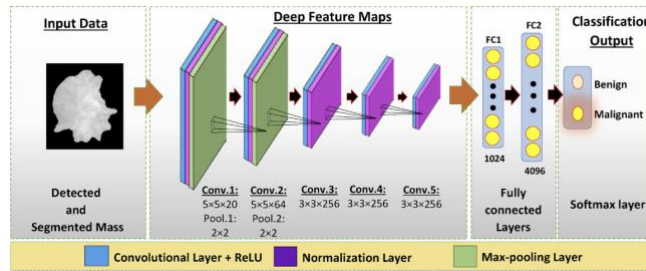


Рис. 1.11. Архітектура CNN

Для порівняння двох описаних CAD-систем за методами, що застосовуються на основних етапах діагностичного процесу, сформовано таблицю 1.10.

Таблиця 1.10

Порівняння CAD-систем за методами, що застосовуються на основних етапах обробки

Етап	CAD-система [63]	CAD-система [67]
Виявлення		YOLO
Сегментація	Автокодер для зменшення шуму	FrCN
	DeerlabV3+ для семантичної сегментації	CLANE, як попередній етап FrCN для точної сегментації
Класифікація	Grad-CAM для пояснень та покращення інтерпретованості	Спрощена версія AlexNet на основі CNN (ConvNet)
	Використання GLCM для виділення та генерації ознак	CNN з п'ятьма згортковими шарами і двома FC шарами ReLU після кожного етапу, Softmax для останнього

Порівняння різних груп методів діагностування свідчить про доцільність застосування комбінованих підходів, які передбачають використання декількох методів на різних етапах обробки даних. Такі

підходи, як правило, забезпечують підвищення надійності та точності діагностичних результатів. Зокрема, поєднання методів сегментації та класифікації дозволяє точніше визначати межі патологічних утворень і здійснювати їх подальшу ідентифікацію.

Комерційні CAD-системи в онкології охоплюють рішення для виявлення та аналізу пухлинних утворень у різних анатомічних локалізаціях, зокрема молочних залозах, легенях та органах шлунково-кишкового тракту. Узагальнену характеристику найбільш відомих комерційних CAD-систем, включно з їх призначенням, типом застосування, орієнтовною вартістю та використовуваними методами наведено в таблиці 1.11.

Аналіз комерційних CAD-систем показує, що переважна більшість сучасних рішень базується на методах глибокого навчання, зокрема нейронних мережах. Класичні методи та алгоритми машинного навчання, як правило, використовуються на етапах попередньої обробки або як допоміжні компоненти, що узгоджується з архітектурами CAD-систем, розглянутими вище.

На основі аналізу таблиці 1.11 виділено недоліки, які обумовлюють розробку нової програмної системи:

1. *Технологічна обмеженість (Transpara, Aidoc)*: Ці системи орієнтовані на радіологічний скринінг (мамографія, КТ). Вони ефективно знаходять аномалії, але не здатні проводити аналіз на клітинному рівні (ІГХ-зображення), що є вирішальним для призначення хіміотерапії.
2. *Проблема «Принципу дії»*: Комерційні системи (особливо Lunit та iCAD) фокусуються на візуалізації (теплові карти). Проте лікарю-патоморфологу потрібні числові дані (відсоток забарвлених клітин), які ці системи не обчислюють.

Таблиця 1.11

Характеристика комерційних CAD-систем, що застосовуються в онкології

Назва	Призначення	Тип застосування	Принцип дії	Основні модулі	Тип аналізу	Вартість	Посилання
Hologic ImageChecker	Виявлення раку грудної залози	Локальна	Класичні та машинне навчання	Детекція мікрокальцинатів	Радіологічний	Висока (Enterprise)	https://www.hologic.com/
iCAD	Виявлення раку грудної залози та легенів	Локальна / хмарна	Глибоке навчання (CNN)	Оцінка щільності, оцінка ризику	Томосинтез, мамографія	Висока (SaaS/Cloud)	https://www.icadmedical.com/
Riverain Technologies	Виявлення раку легенів	Локальна	Класичні методи машинного навчання та глибоке навчання	Покращення візуалізації, детекція вузлів	Рентген, КТ	Середня (Локальна)	https://shorturl.at/Y7694
Zebra Medical Vision	Радіологія та онкологія	Хмарна	Глибоке навчання	Тріаж, класифікація аномалій	Мультиорганний	Середня (Pay-per-case)	https://shorturl.at/nW4VF
Transpara	Виявлення раку грудної залози	Хмарна	Глибоке навчання (CNN)	Ранжування випадків, локалізація	Мамографія	Середня (Cloud)	https://shorturl.at/BWd5N
Lunit Insight	Виявлення раку грудної залози та легенів	Хмарна	Глибоке навчання	Візуалізація ймовірностей	Рентген, мамографія	Середня	https://shorturl.at/RiKdM
Aidoc	Радіологія та онкологія	Хмарна	Глибоке навчання	Детекція гострих станів	Радіологія	Висока (Subscription)	https://shorturl.at/mFlcD

3. *Вузька функціональна спеціалізація та відсутність інструментів генерації даних:* Аналіз систем Riverain Technologies та Hologic свідчить про їх монофункціональність, де фокус спрямований виключно на детекцію конкретних типів утворень. В існуючих комерційних аналогах не реалізовано механізми автоматизованого синтезу біомедичних зображень, що створює проблему «інформаційного голоду» при навчанні моделей для розпізнавання рідкісних випадків патологій. Відсутність модулів синтезу обмежує адаптивність систем до нових клінічних сценаріїв.
4. *Економічна та архітектурна закритість:* Висока вартість ліцензування (характерна для Aidoc та Hologic) у поєднанні з монолітною архітектурою створює суттєві бар'єри для впровадження в умовах обмежених ресурсів. Закритість програмних інтерфейсів унеможлиблює модульне тестування або незалежне оновлення окремих алгоритмів (наприклад, заміну модуля сегментації без перепроєктування всієї системи), що знижує загальну інженерну гнучкість існуючих програмних продуктів.

Хоча ринок комерційних CAD-систем пропонує потужні засоби для радіологічного аналізу, існує значний функціональний розрив у сфері цифрової патоморфології. Відсутність модулів обчислення кількісних характеристик, інтегрованих експертних систем та засобів синтезу даних унеможлиблює повну автоматизацію діагностичного циклу. Це визначає необхідність створення системи, архітектура якої спрямована на вирішення саме цих задач у межах інженерії програмного забезпечення.

Необхідною є розробка гнучкої та масштабованої архітектури. Програмна система має бути реалізована як набір незалежних модулів.

Необхідно розробити програмний модуль-оркестратор, який самостійно буде проводити процес діагностування типів та підтипів раку грудної залози на основі клінічної настанови МОЗ.

Розроблювана програмна система повинна відповідати основним стандартам якості програмного забезпечення, зокрема бути функціонально придатною, супроводжуваною та відмовостійкою.

Таким чином, розробка програмної системи автоматичного діагностування раку грудної залози є не дублюванням існуючих рішень, а створенням нового класу програмного забезпечення – системи патоморфологічного скринінгу та верифікації клінічних рішень. Наукова та практична цінність роботи полягає у створенні гнучкої архітектурної надбудови, яка трансформує класичні «закриті» нейромережеві моделі у прозорий, повністю автоматичний інструмент діагностики.

1.5 Метрики для оцінювання точності класифікації та сегментації зображень

Існують такі метрики для оцінки точності класифікації, серед яких Precision, Recall, F1 та Accuracy [68].

Введемо кілька умовних позначень:

TP – істинно позитивний результат,

TN – істинно негативний,

FN – хибнонегативний,

FP – хибнопозитивний.

Метрика Accuracy – це кількість правильних прогнозів, що складається з правильних позитивних і негативних прогнозів, поділена на загальну кількість прогнозів:

$$Accuracy = \frac{TP+TN}{TP+TN+FN+FP} . \quad (1.1)$$

Precision score – це кількість істинно позитивних результатів, поділена на кількість усіх позитивних результатів. Метрика описується формулою:

$$Precision = \frac{TP}{TP+FP}. \quad (1.2)$$

Метрика Recall – це кількість істинних позитивних результатів, поділена на кількість усіх зразків, які мали б бути визначені як позитивні. Метрика описується формулою:

$$Recall = \frac{TP}{TP+FN}. \quad (1.3)$$

F1 – одна з найпоширеніших оцінок для вимірювання продуктивності в комп'ютерному зорі. Це гармонійне середнє між Precision та Recall, що використовується для оцінки моделей на незбалансованих вибірках. Описується формулою:

$$F1 = 2 \frac{Precision \times Recall}{Precision + Recall}. \quad (1.4)$$

Основним аргументом на користь використання метрики Ассурасу в дисертаційному дослідженні є повна збалансованість класів у датасеті. Крім того, після етапу розширення за допомогою дифузійної моделі також було отримано однакову кількість зображень (див. розділ 2) для кожного з трьох класів (G1, G2, G3). За таких умов математичне значення F1 практично еквівалентне Ассурасу, проте остання є більш інтерпретованою та зрозумілою для кінцевих користувачів системи – лікарів-онкологів.

Щоб унеможливити зміщення моделі в бік одного з класів, в другому розділі було додатково розраховано показники точності для кожного класу окремо за принципом One-vs-Rest. OvR (One-vs-Rest) – це кількість

правильних прогнозів для класу, поділена на загальну кількість прикладів у цьому класі. Вона описується так:

$$OvR = \frac{P_c}{E_c}, \quad (1.5)$$

де P_c – кількість правильних передбачень для класу C ,

E_c – кількість прикладів у цьому класі.

Це дозволяє переконатися, що система однаково ефективно класифікує кожен підтип раку. Також варто підкреслити специфіку вхідних даних: вибірка містить виключно патологічні зображення. Система навчалася не просто розрізняти «хворого» від «здорового», а проводити глибоку диференціальну діагностику між різними ступенями злоякісності (G1, G2, G3). У такому середовищі, де кожен об'єкт апіорі є цільовим класом, Accuracy стає об'єктивним мірилом здатності моделі вловлювати тонкі морфологічні відмінності між підтипами патології. Це підтверджує, що висока точність є результатом розпізнавання складних біологічних ознак, а не просто виявлення наявності аномалії як такої.

Для оцінки точності сегментації використовуються такі метрики: Dice coefficient, Precision (див. формулу 1.2), Recall (див. формулу 1.3), Jaccard index (також відомий, як IoU) та Accuracy (див. формулу 1.1) [69].

Коефіцієнт Dice (DC) обчислюється на основі точності та відтворюваності прогнозу. Потім цей коефіцієнт оцінює збіг між прогнозованою та істинною сегментацією. Коефіцієнт також враховує помилкові спрацьовування, що є поширеним фактором у багато класових незбалансованих наборах даних.

На основі F-score існують дві класичні метрики, що використовуються для сегментації біомедичних зображень: Jaccard index або IoU та Dice.

Jaccard index або IoU – це площа перетину над об'єднанням прогнозованої сегментації та еталонної сегментації. Метрика описується формулою:

$$IoU = \frac{TP}{TP+FP+FN}. \quad (1.6)$$

Dice – це найбільш використовувана метрика в переважній більшості наукових публікацій для оцінки сегментації. Dice – це середнє гармонійне значення точності та відтворення. Ця метрика описується формулою:

$$Dice = \frac{2TP}{2TP+FP+FN}. \quad (1.7)$$

Dice Score та IoU математично пов'язані та корелюють між собою. Проте Dice Score сильніше зважає правильні прогнози (подвійний перетин у чисельнику), що робить його більш репрезентативним для візуальної оцінки лікарем.

Основним аргументом на користь використання метрики Dice у дисертаційному дослідженні є те, що метрика фактично показує наскільки сильно передбачена маска перекривається з еталонною. Для сегментації це природна метрика, бо завдання саме полягає у відтворенні форми об'єкта.

У наступних розділах метрики Accuracy та Dice обрано для оцінювання точності класифікації та сегментації відповідно.

1.6 Постановка завдань дисертаційного дослідження

На основі проведеного аналізу встановлено, що існуючі підходи до автоматичного діагностування раку грудної залози мають суттєві обмеження, пов'язані з їхньою орієнтацією виключно на радіологічний

скринінг та відсутністю засобів глибинного аналізу на клітинному рівні. Виявлено, що наявні програмні продукти (Transpara, Aidoc, Hologic) є інструментами первинної детекції аномалій (візуалізації), а не повноцінного патоморфологічного аналізу, оскільки не забезпечують обчислення критично важливих кількісних біомаркерів.

Проведений критичний аналіз існуючих інструментальних засобів дозволив встановити, що жоден з них не може бути використаний як готове рішення для задач комплексної патоморфологічної діагностики. Незважаючи на високу точність нейромережових моделей у детекції, комерційні пакети займають нішу «чорних скриньок», що видають імовірнісні оцінки без надання верифікованих числових даних, тоді як задача дисертаційного дослідження вимагає створення інструменту для автоматичного обчислення кількісних характеристик та логічного обґрунтування діагнозу.

Необхідність розробки власної системи обумовлена наявністю критичних концептуальних та технологічних розривів, які неможливо подолати шляхом адаптації існуючого ПЗ:

1. Проблема масштабу аналізу та функціональна обмеженість.

Існуючі засоби (Lunit, iCAD) реалізовані як інструменти візуалізації, де фінальний розрахунок кількісних показників покладається на лікаря. Це зумовлює необхідність розробки методу діагностування типів раку, який на рівні програмної логіки інтегрує процеси автоматичної класифікації гістологічних структур.

2. Проблема семантичного розриву в діагностиці. Найбільш

критичним розривом в інженерії медичного ПЗ є відсутність зв'язку між «сирими» результатами сегментації та клінічними правилами прийняття рішень. Це вимагає розробки методу діагностування підтипів раку, що базується на трансформації попиксельних масок

сегментації у семантичні категорії підтипів згідно з протоколами МОЗ.

3. *Архітектурна закритість та каскадний детермінізм.* Більшість існуючих САД використовують жорсткий послідовний підхід до аналізу. Розглянуті аналоги є монолітними закритими системами з високою вартістю ліцензування. Необхідна розробка гнучкої, масштабованої модульної архітектури з чітким розділенням відповідальності на основі модуля-оркестратора. Це дозволить реалізувати паралельний підхід до обробки даних, де результати розроблених методів інтегруються в єдиному діагностичному контурі.

Таким чином, розробка програмної системи BRECCAD є не дублюванням функцій існуючих рішень, а створенням нового класу програмного забезпечення – системи патоморфологічного скринінгу та верифікації клінічних рішень на основі комплексного аналізу біомедичних зображень.

Отже, науково-прикладною задачею є розроблення та вдосконалення методів і програмних засобів на основі технології глибокого навчання для підвищення точності сегментації та класифікації біомедичних зображень, що забезпечує підвищення достовірності постановки діагнозу в онкології.

Для досягнення поставленої задачі необхідно вирішити такі завдання:

– проаналізувати архітектури програмних систем комп'ютерного діагностування в медицині та провести порівняльний аналіз класичних та нейромережових методів сегментації та класифікації біомедичних зображень для вибору базових архітектур моделей;

– розробити метод багатокласової класифікації гістологічних зображень для автоматичного діагностування раку грудної залози за ступенем диференціації на основі оптимізованої архітектури згорткової нейронної мережі;

- вдосконалити архітектуру згорткової нейронної мережі для підвищення точності класифікації гістологічних зображень;
- вдосконалити архітектуру мережі типу U-Net для підвищення точності сегментації мікрооб’єктів імуногістохімічних зображень;
- розробити метод аналізу імуногістохімічних зображень для діагностування підтипів раку грудної залози на основі кількісних характеристик мікрооб’єктів та продукційної моделі діагностичних знань;
- спроектувати архітектуру програмної системи автоматичного діагностування та здійснити програмну реалізацію розроблених методів;
- провести експериментальну перевірку ефективності системи за показниками точності діагностики та якості програмного забезпечення.

Висновки до розділу 1

1. Досліджено особливості гістологічних та імуногістохімічних зображень як джерел неструктурованих даних. Виявлено, що для автоматизації діагностичного циклу необхідна переробка візуальних ознак у вектори кількісних показників, що обумовлює необхідність розробки спеціалізованих модулів екстракції ознак.

2. Обґрунтовано вибір методів глибокого машинного навчання як базового інструментарію для побудови інтелектуального ядра системи. Встановлено, що для забезпечення високої точності в умовах обмежених медичних вибірок критично важливим є використання методів синтетичного розширення даних.

3. Проведено порівняльний аналіз архітектур сучасних САД-систем. Виявлено концептуальний розрив між візуалізацією аномалій (комерційні рішення) та повноцінною постановкою діагнозу на основі клінічних настанов. Встановлено, що існуючі системи мають переважно монолітну структуру, що обмежує їхню інженерну гнучкість та супроводжуваність.

4. На основі проведеного аналізу обґрунтовано необхідність розробки програмної системи з модульною архітектурою та сформульовано завдання дослідження, що полягають у: проведенні порівняльного аналізу архітектур програмних систем автоматичного діагностування в онкології; порівняльному аналізі класичних та нейромережових методів сегментації та класифікації біомедичних зображень; розробці методів багатокласової класифікації раку грудної залози за ступенем диференціації та аналізу імуногістохімічних зображень для діагностування підтипів раку грудної залози; проектуванні архітектури програмної системи автоматичного діагностування раку грудної залози BRECCAD та її програмній реалізації.

РОЗДІЛ 2. МЕТОД БАГАТОКЛАСОВОЇ КЛАСИФІКАЦІЇ ГІСТОЛОГІЧНИХ ЗОБРАЖЕНЬ ДЛЯ ДІАГНОСТУВАННЯ РАКУ ГРУДНОЇ ЗАЛОЗИ ЗА СТУПЕНЕМ ДИФЕРЕНЦІАЦІЇ

У розділі розроблено метод багатокласової класифікації гістологічних зображень для діагностування раку грудної залози за ступенем диференціації на основі CNN. Проведено порівняльні експериментальні дослідження класичних архітектур згорткових нейронних мереж з метою визначення моделі, що забезпечує найвищу точність. Отримані результати слугували основою для розробки та оптимізації власної архітектури нейронної мережі, що орієнтована на підвищення точності класифікації гістологічних зображень.

Результати розділу опубліковано у працях автора [6, 19, 20].

При аналізі гістологічних зображень у діагностиці раку грудної залози застосовують класифікацію ВООЗ, 5-е видання (2019 р.). Значна кількість досліджень присвячена застосуванню глибокого навчання для аналізу таких зображень.

У роботі [70] розглянуто класифікацію доброякісних і злоякісних підтипів раку грудної залози з використанням гібридного підходу CNN-LSTM, тоді як автори [71] пропонують метод раннього мультикласового виявлення раку на основі поєднання ознак Fusion CNN і Handcrafted. У дослідженні [72] розроблено метод підвищення стійкості CNN до варіацій зображень під час сегментації епітелію шийки матки, а в [73] запропоновано новий тип CNN зі статистичним фільтром для класифікації гістологічних тканин. Автори [74] представили мережу дистанційної регресії та класифікації для сегментації ядер, а у [75] описано вдосконалену U-подібну мережу декодування з високою точністю класифікації (0,92). Робота [76] демонструє ефективність CNN у класифікації різних типів захворювань, включно з целіакією та хворобою Крона. У [77] проведено порівняльний

аналіз популярних моделей CNN (VGG-16, AlexNet, ResNet-50) на наборі BreakHis для виявлення раку грудної залози, а в [78] і [79] CNN застосовано відповідно для діагностики плоскоклітинного раку порожнини рота та пухлин товстої кишки. Робота [80] описує поєднання згорткових мереж із алгоритмом ранжування для виявлення колоректального раку, а [81] пропонує FabNet – архітектуру, що поєднує семантичні та просторові ознаки. У [82] використано гібридну оптимізацію DCNN для класифікації підтипів раку грудної залози, тоді як [83] демонструє переваги інтегрованого Swin Transformer. Модель CViTS-Net для класифікації гістологічних зображень, описана в [84], досягає точності понад 96%, а в [85] використано EfficientNetB7 для класифікації раку легенів. Автори [86] вдосконалюють класифікацію шляхом оптимізації гіперпараметрів, тоді як у [87] досліджено можливості CNN і VGG-19. Робота [88] присвячена аналізу зображень нирок за допомогою спеціальної архітектури CNN, а [89] демонструє ефективність DenseNet201 у класифікації підтипів раку грудної залози.

Доцільним є проведення подальших досліджень, присвячених аналізу гістологічних зображень. Це передбачає створення ефективних, адаптивних та обчислювально доступних архітектур CNN, що гарантують високу точність у клінічних умовах.

2.1 Етапи методу багатокласової класифікації для діагностування раку

Математична постановка задачі. Нехай маємо набір даних гістологічних зображень, що складається з N прикладів:

$$D = \{(x_i, y_j)\}_{i=1, j=1}^{N,3}, \quad (2.1)$$

де x_i – i -те гістологічне зображення,

y_j – j -та мітка класу гістологічного зображення,

N – кількість зображень у наборі даних.

Кожне зображення має формат: $x_i \in \mathbb{R}^{H \times W \times C}$, причому $y_i \in Y$, а $Y = \{1, 2, 3\}$, де H – висота в пікселях, W – ширина в пікселях, C – кількість кольорних каналів, Y – набір всіх можливих міток класів.

Потрібно побудувати класифікаційну модель, яку можна описати так: $M: \mathbb{R}^{H \times W \times C} \rightarrow Y$, тобто модель приймає на вхід зображення і повертає мітку класу, до якого це зображення відноситься.

Задачу пошуку архітектури для оптимізації M^* можна вирішити шляхом проведення експериментів на класичних архітектурах ЗНМ: $\{M_1, M_2, \dots, M_p\}$.

Для оцінки точності класифікації використаємо метрику Accuracy (див. формулу 1.1).

Задачу пошуку оптимізованої версії M^+ можна вирішити за два етапи: пошук оптимальної комірки на мікрорівні та побудова макроархітектури.

Структура елементарної комірки ($Cell$) є графом операцій (згортки, пулінги тощо). Цільовою функцією виступає точність на валідаційній вибірці D_{val} :

$$Cell^* = \arg \max_{c \in S_{micro}} Acc(c, D_{val}), \quad (2.2)$$

де c – конкретна конфігурація комірки,

S_{micro} – простір пошуку можливих конфігурацій операцій всередині комірки.

Фінальна архітектура M^+ будується не лише як послідовність однакових комірок, а як гібридна структура, що передбачає чергування базових блоків архітектури M^* та знайдених оптимізованих комірок.

Знайшовши оптимальну комірку $Cell^*$, ми формуємо архітектуру на макрорівні як послідовність блоків. Тобто архітектура визначається як впорядкована послідовність $B = [b_1, b_2, \dots, b_n]$, де b_i – доступний i -тий блок для архітектури нейронної мережі, який може бути стандартним архітектурним блоком, або оптимізованою коміркою $Cell^*$.

Завдання полягає в тому, щоб знайти оптимальну послідовність блоків та їх кількість, яка максимізує точність на наборі даних для валідації. Фінальна оптимізована модель визначається як:

$$M^+ = \arg \max_{B \in S_{macro}} Acc(B(Cell^*), D_{val}), \quad (2.3)$$

де S_{macro} – простір пошуку глибини мережі та послідовності блоків.

Етапи методу багатокласової класифікації гістологічних зображень для діагностування раку приведені на рис. 2.1.

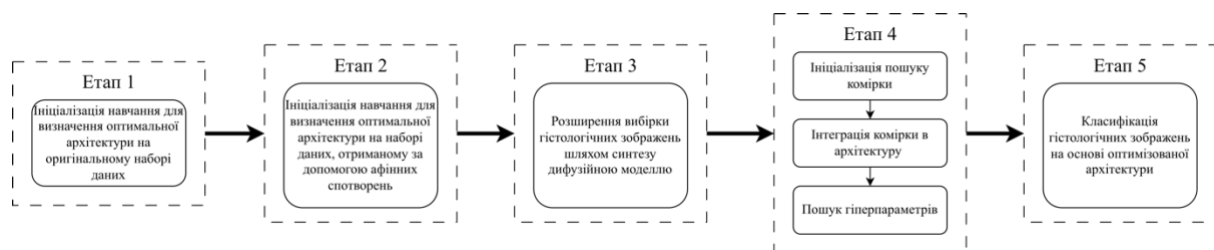


Рис. 2.1. Етапи методу багатокласової класифікації гістологічних зображень для діагностування раку

Детальний опис розроблених етапів представлено у наступних підрозділах другого розділу. Зокрема, *Етап 1* та *Етап 2* розглядаються у підрозділі 2.2. Питання розширення набору даних за допомогою дифузійної моделі (*Етап 3*) висвітлено у підрозділі 2.3. Подальші кроки, що включають

архітектурне проектування нейронної мережі, її оптимізацію та фінальну оцінку точності класифікації гістологічних зображень, послідовно викладені у підрозділах 2.4 та 2.5. Такий підхід дозволяє комплексно розглянути процес побудови достовірної моделі діагностування: від підготовки вхідних даних до верифікації отриманих результатів.

2.2 Точність класифікації класичних архітектур згорткових нейронних мереж

Відповідно до рис. 2.1 на першому етапі здійснюється первинне тестування класичних архітектур нейронних мереж на оригінальному датасеті (див. підрозділ 1.1) гістологічних зображень. Метою цього етапу є попередня оцінка продуктивності моделей без додаткових трансформацій вхідних даних. Це дозволяє визначити базовий рівень точності, з яким можна порівнювати результати наступних стадій.

У рамках другого етапу (див. рис. 2.1) виконуються аналогічні експерименти, однак уже на розширеній афінними спотвореннями (масштабування, повороти, осьова та центральна симетрії і зсув) версії датасету. Такий підхід підвищує варіативність вибірки та дозволяє моделі краще узагальнювати інформацію.

Експериментальні дослідження були реалізовані з використанням мови програмування Python3, що є стандартом у сфері машинного навчання та наукових обчислень. Як основний засіб для побудови, тренування та тестування нейронних мереж було обрано PyTorch – один із найпопулярніших фреймворків з відкритим кодом, який забезпечує гнучкість у проектуванні моделей та зручний інтерфейс для роботи з GPU.

Усі експерименти виконувалися у хмарному середовищі Google Colab, яке дозволяє використовувати обчислювальні ресурси безпосередньо з браузера. Для забезпечення високої продуктивності було використано

графічний процесор NVIDIA A100 з обсягом відеопам'яті 40 GB, а також 83,5 GB RAM, що дало змогу ефективно проводити тренування великих нейронних мереж та здійснювати пошук оптимальних архітектур.

Програмна реалізація, реалізована у скрипті *search.py*, відповідає за автоматичний перебір архітектур у просторі можливих варіантів, їхню генерацію та початкове оцінювання відповідно до заданої метрики.

Структура модулів та логіка побудови експериментів реалізована за допомогою об'єктно-орієнтованого програмування. На рис. 2.2 представлено діаграму класів, яка ілюструє ключові компоненти модуля *search.py*, а також їхні взаємозв'язки.

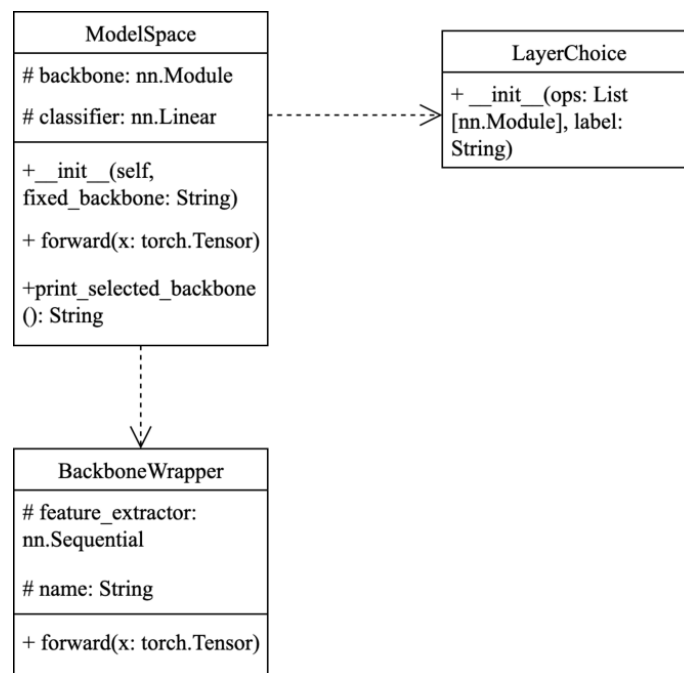


Рис. 2.2. UML-діаграма класів для пошуку оптимальної архітектури

Клас *BackboneWrapper* слугує обгорткою для кожної архітектури, щоб уніфікувати інтерфейс. Він використовується для опису моделей із бібліотеки PyTorch.

Клас *ModelSpace* описує реалізацію моделі, яку обирає *LayerChoice*. Крім того, через параметр *fixed_backbone* йому можна передати архітектуру

із попередньо визначених. Це корисно на етапі, коли потрібно протестувати якусь конкретну модель.

Після проведеного пошуку і отримання архітектури із найвищим показником точності, ми можемо використати цей самий скрипт для проведення експериментів на вибірці даних з афінними спотвореннями. У цьому випадку отримані зображення все ще є реальними і містять корисну інформацію, але набір став більш різноманітним.

Для експерименту були обрані такі класичні архітектури: AlexNet, VGG-16, ResNet, Wide ResNet, ResNeXt, GoogLeNet, Inception V3, EfficientNet, RegNet, MobileNet V2, MobileNet V3, ConvNeXt.

На першому та другому етапах кожна модель навчалася 25 епох, кількість можливих архітектур становила 12. Параметр *batch_size* для кожної архітектури однаковий і становив 64 зображення.

В результаті проведених експериментів на першому етапі, результати яких наведені у таблиці 2.1, найвищу ефективність продемонструвала архітектура RegNet. Усі представлені результати відсортовані за спаданням значень основної метрики точності, що дозволяє чітко визначити найкращі архітектури серед розглянутих моделей.

Таблиця 2.1

Результати експериментів на оригінальному датасеті

№	Назва	Точність, %
1	RegNet	90,7
2	Inception V3	90,2
3	MobileNet V2	90
4	Wide ResNet	88,3
5	ResNeXt	87,7
6	EfficientNet	84,3

7	VGG16	84,2
8	ResNet	84
9	GoogLeNet	82
10	AlexNet	81,9
11	ConvNeXt	80
12	MobileNet V3	36,7

Подальші експерименти, проведені на другому етапі, деталізовані у таблиці 2.2. Аналогічно першому етапу, результати також відсортовані за спаданням для зручності аналізу і порівняння.

Таблиця 2.2

Результати експериментів на розширеному датасеті (афінні спотворення)

№	Назва	Точність, %
1	RegNet	91,1
2	Wide ResNet	90,9
3	ResNeXt	90,84
4	MobileNet V2	90,8
5	Inception V3	90,7
6	EfficientNet	89,6
7	ResNet	89,1
8	GoogLeNet	87,3
9	AlexNet	86
10	ConvNeXt	84
11	VGG16	82,9
12	MobileNet V3	34,4

Аналізуючи результати, представлені у таблицях 2.1 та 2.2, видно, що архітектура RegNet послідовно демонструвала найвищі показники точності класифікації на кожному з досліджуваних датасетів. Відповідно до цього, RegNet була обрана в якості базової моделі для подальшої роботи з оптимізації та вдосконалення архітектури.

Загальна архітектура RegNet показана на рис. 2.3, а її детальна структура наведена в таблиці 2.3.

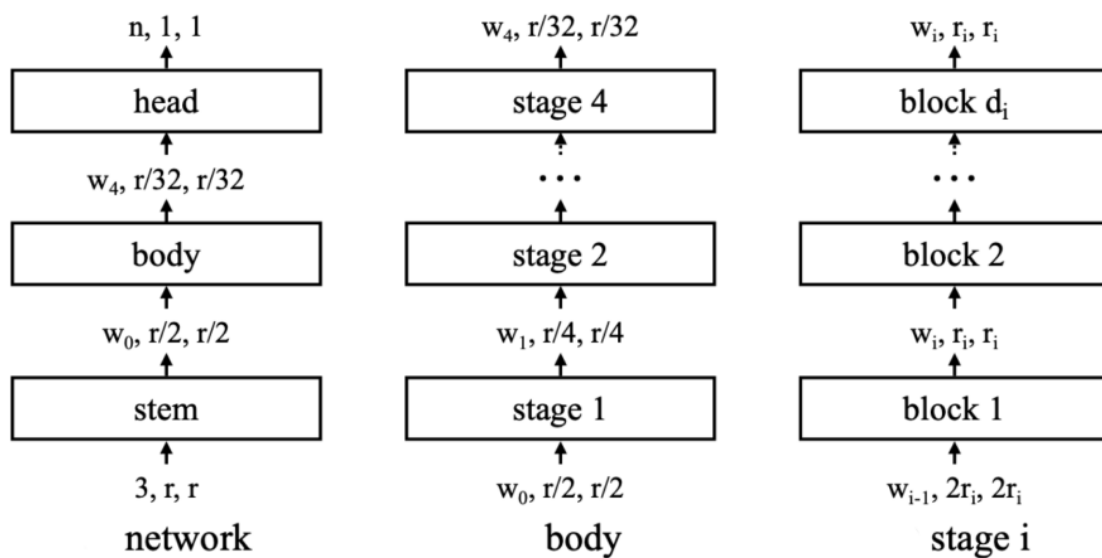


Рис. 2.3. Загальна архітектура RegNet

Кожна мережа складається із вхідного каскаду (згортка 3×3 із кроком рівним двом та кількістю вихідних каналів з $w_0 = 32$), за яким слідує основна частина мережі, що виконує переважну частину обчислень, та вихідний каскад (шар усередненого об'єднання з наступним повнозв'язним шаром), що прогнозує n вихідних класів. Основна частина мережі складається з послідовності етапів, які працюють з поступово зменшуваною роздільною здатністю.

Кожен етап складається з послідовності ідентичних блоків, за винятком першого блоку, який використовує згортку із кроком рівним двом.

Незважаючи на простоту загальної архітектури, кількість можливих конфігурацій мережі є надзвичайно великою [90].

Таблиця 2.3

Детальна структура ResNet

Назва шару	Тип шару	Параметри	Вихідна форма
Stem	Stride-two 3×3 conv	Kernel = 3, stride = 2	32×112×112
Stage 1	Sequence of X Blocks	Stride = 2 (for the first block)	24×56×56
Stage 2	Sequence of X Blocks	Stride = 2 (for the first block)	56×28×28
Stage 3	Sequence of X Blocks	Stride = 2 (for the first block)	152×14×14
Stage 4	Sequence of X Blocks	Stride = 2 (for the first block)	368×7×7
Head	AvgPool + Fully Connected Layer		3
Block structure			

У результаті порівняльного аналізу класичних архітектур на оригінальній та афінно розширеній вибірках було визначено оптимальну модель, яка продемонструвала найкращі показники якості та стабільності навчання. Отримані результати підтверджують доцільність використання обраної архітектури для подальших досліджень.

Водночас, навіть за умови застосування класичних методів аугментації, обмежений обсяг вихідних даних залишається суттєвим фактором, що може

негативно впливати на узагальнювальну здатність моделі. У зв'язку з цим наступним етапом роботи є розширення навчальної вибірки шляхом синтезу зображень із використанням дифузійної моделі, що дозволяє підвищити різноманітність даних та покращити якість навчання моделі та її точність.

2.3 Алгоритм генеративного розширення вибірки даних на основі дифузійної моделі

Відповідно до етапів методу діагностування типів раку (див. рис. 2.1) на третьому етапі відбувається розширення вибірки гістологічних даних на основі дифузійної моделі.

Раніше для синтезу біомедичних зображень активно застосовувалися GAN мережі. У роботі [2] було розроблено архітектуру такої мережі, що складається із дискримінатора та генератора. Крім того, було розроблено базу даних передракових і ракових станів молочної залози «ВРСІ2100». У роботі [3] було проведено аналіз метрик для оцінки зображень, синтезованих за допомогою GAN. Однак, дифузійні моделі, на відміну від класичних генеративних змагальних мереж, демонструють кращу здатність відтворювати реалістичні структури тканин, що робить їх перспективним інструментом для побудови навчальних вибірок у випадках, коли кількість вихідних даних обмежена [20].

Основна ідея дифузійних моделей полягає у побудові марковського процесу, який поступово трансформує складний розподіл реальних даних у простий гаусівський розподіл, а потім навчається відтворювати зворотний процес. Таким чином, генерація зображень відбувається ітеративно: на кожному кроці модель поступово зменшує рівень шуму та відновлює структурні та текстурні ознаки, характерні для навчальних даних.

Навчання моделі спрямоване на формування здатності прогнозувати та усувати доданий шум, що в підсумку дозволяє відтворювати зразки, статистично подібні до реальних даних.

Нехай $x_0 \sim q(x_0)$ – вибірка з розподілу реальних даних. Прямий дифузійний процес визначається як марковський ланцюг, у якому на кожному кроці до зображення додається гаусівський шум [91]:

$$q(x_t | x_{t-1}) = \mathcal{N}(x_t; \sqrt{1 - \beta_t} x_{t-1}, \beta_t I), \quad (2.4)$$

де $\beta_t \in (0,1)$ – коефіцієнт шуму на кроці t .

Завдяки властивостям гаусівського розподілу, можна отримати аналітичний вираз для залежності x_t безпосередньо від початкового зображення x_0 :

$$q(x_t | x_0) = \mathcal{N}(x_t; \sqrt{\bar{\alpha}_t} x_0, (1 - \bar{\alpha}_t) I), \quad (2.5)$$

де $\alpha_t = 1 - \beta_t$, $\bar{\alpha}_t = \prod_{s=1}^t \alpha_s$.

Метою навчання є апроксимація зворотного розподілу $p_\theta(x_{t-1} | x_t)$, який параметризується U-Net та описує процес поступового видалення шуму. На практиці модель навчається передбачати шум ϵ , доданий до початкового зображення:

$$x_t = \sqrt{\bar{\alpha}_t} x_0 + \sqrt{1 - \bar{\alpha}_t} \epsilon, \epsilon \sim \mathcal{N}(0, I). \quad (2.6)$$

Функція втрат визначається як середньоквадратична помилка між істинним та передбаченим шумом:

$$\mathcal{L}_{\text{diff}} = \mathbb{E}_{t, x_0, \epsilon} [\| \epsilon - \epsilon_\theta(x_t, t) \|^2]. \quad (2.7)$$

Структурна схема алгоритму синтезу зображень із використанням дифузійної моделі наведено на рис. 2.4.

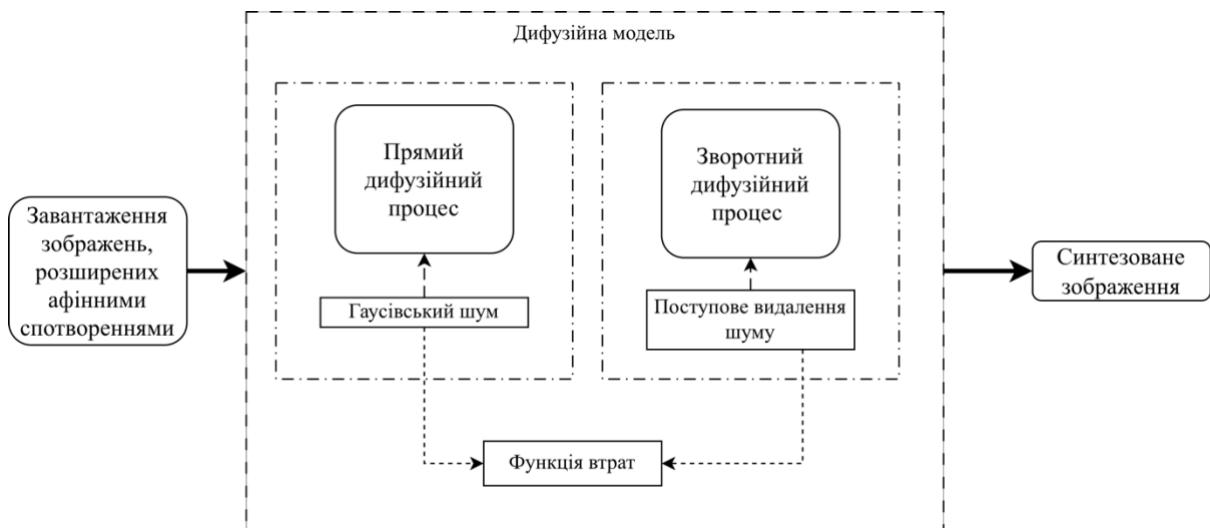


Рис. 2.4. Структурна схема алгоритму синтезу зображень із використанням дифузійної моделі

Дифузійна модель навчалася на зображеннях, розширених шляхом застосування афінних спотворень, у кількості 300 зразків для кожного класу з розміром 512×512 пікселів. Сформований у результаті синтезу датасет також включає зображення, отримані за допомогою афінних перетворень. Усі синтезовані зображення мають однаковий просторовий розмір, що забезпечує їхню сумісність із вхідним форматом моделі.

Для проведення комп'ютерних експериментів із генерування зображень було використано Stable Diffusion Web UI від Jarvis Labs із графічним процесором A6000 Ampere (CUDA 12.3) з обсягом відеопам'яті 48 GB, 32 GB RAM та 7 CPU.

Для навчання і генерації було використано модель v1-5-pruned-emaonly.safetensors.

Дифузійна модель навчалася 33 епохи 10000 ітерацій. Загальний час навчання склав 45 хвилин. На один крок було витрачено 0.27 секунд, а на одну епоху – 81 секунду (таблиця 2.4).

Зображення генерувалися на 5 відбитках, збережених на кроках 2000, 4000, 6000, 8000 та 10000. На кожному відбитку було згенеровано по 1000 зображень, загальна кількість згенерованих зображень стала 15000. Час генерування склав 2 год 37 хв 41 сек для G1, 2 год 19 хв 58 сек для G2 та 2 год 38 хв 12 сек для G3 (таблиця 2.5).

Таблиця 2.4

Інформація про навчання дифузійної моделі

Клас	К-кість зображень до розширення	К-кість зображень після розширення	К-кість ітерацій	К-кість епох	Загальний час навчання, хв	Час на крок, сек	Час на епоху, сек
G1	100	300	10 000	33	45	0,27	81
G2	100	300	10 000	33	45	0,27	81
G3	100	300	10 000	33	45	0,27	81

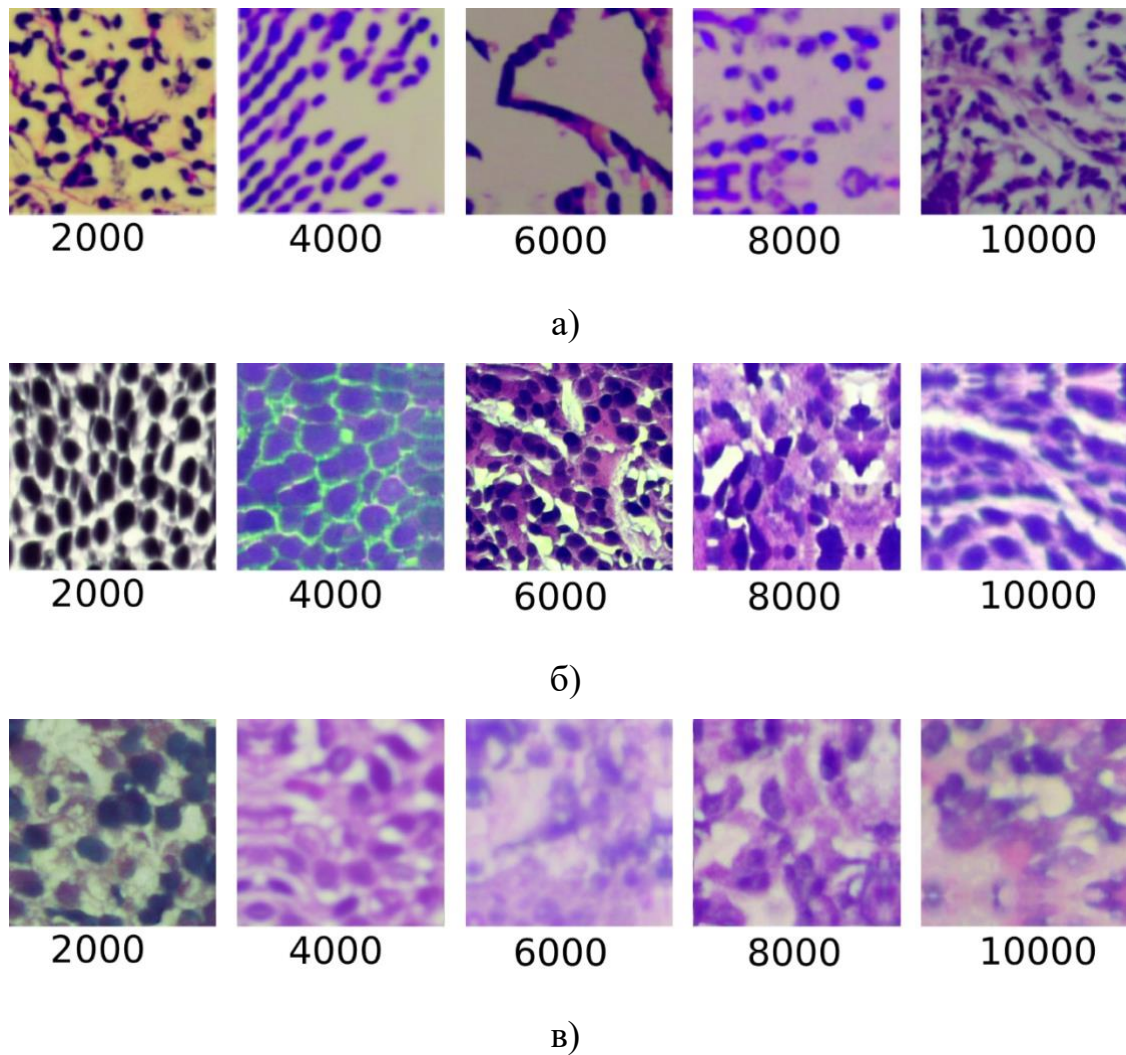
Таблиця 2.5

Інформація про синтез зображень

Клас	К-кість відбитків	К-кість генерації зображень на відбитках	Сума всіх згенерованих зображень	Загальний час синтезу
G1	5	1000	5 000	2 год 37 хв 41сек

G2	5	1000	5 000	2 год 19 хв 58 сек
G3	5	1000	5 000	2 год 38 хв 12 сек

Рисунок 2.5 демонструє приклади синтезованих зображень, які були згенеровані дифузійними моделями.



а) для класу G1; б) для класу G2; в) для класу G3.

Рис. 2.5. Приклад синтезованих гістологічних зображень

Для оцінки якості синтезованих зображень використаємо метрики FID та IS. Обчислення відстані між реальними і згенерованими зображеннями проходить згідно виразу:

$$FID = \|\mu_r - \mu_G\|^2 + T_r \left(\Sigma_r + \Sigma_G - 2(\Sigma_r \Sigma_G)^{\frac{1}{2}} \right), \quad (2.8)$$

де μ_r, μ_G – середні вектори ознак для реальних і згенерованих зображень відповідно,

Σ_r, Σ_G – коваріаційні матриці для реальних і згенерованих зображень,

T_r – слід матриці.

Метрика IS визначається згідно формули:

$$IS = \exp \left(E_x (D_{KL}(p(x|y) || p(y))) \right), \quad (2.9)$$

де $p(x|y)$ – розподіл імовірностей класу y для зображення x , отриманий на основі моделі Inception V3,

$p(y)$ – середній розподіл імовірностей класів для всіх згенерованих зображень,

D_{KL} – дивергенція Кульбака-Лейблера.

Дивергенція D_{KL} в свою чергу обчислюється так:

$$D_{KL}(p(x|y) || p(y)) = \sum_y p(x|y) \log \frac{p(x|y)}{p(y)}. \quad (2.10)$$

Метрики FID та IS мають різний діапазон і різну інтерпретацію. Наприклад, чим менше значення FID, тим згенероване зображення подібніше до реального, а для метрики IS чим більше значення, тим краще згенеровані зображення представлені різними класами.

Отримані значення метрик дозволяють зробити висновок про високу подібність синтезованих зображень до реальних зразків, а також про їхню міжкласову та внутрішньокласову різноманітність.

2.4 Синтез та оптимізація архітектури нейронної мережі для класифікації гістологічних зображень

Як показано на рис. 2.1, четвертий етап зосереджує увагу на пошуку та оптимізації архітектури. Спочатку виконується пошук нейронної архітектури для знаходження оптимальної структури обчислювальної комірки (для цього був застосований метод розроблений авторами у праці [92]), яка потім інтегрується у загальну модель як будівельний блок. Після цього проводиться гіперпараметрична оптимізація оновленої архітектури, що дозволяє досягти максимальної точності класифікації за рахунок налаштування параметрів. Таким чином, оптимізаційна задача вирішується у два етапи. Основним критерієм зупинки була задана кількість поколінь генетичного алгоритму. Оскільки пошук архітектури нейромереж (NAS) є надзвичайно ресурсомістким процесом, кількість ітерацій була обмежена збалансованим показником у 50 поколінь, який дозволяв охопити достатній простір пошуку без критичних витрат часу.

У роботі [9] було проведено аналіз трьох підходів для оптимізації гіперпараметрів, включаючи Grid Search, Random Search та Genetic Algorithm. Відповідно до висновків роботи [9], генетичний алгоритм є корисним, коли простір пошуку є великим. Тобто, якщо для оптимізації є багато параметрів, то генетичний (еволюційний) алгоритм працює швидше за інші. Тому для пошуку оптимальної архітектури мережі був використаний алгоритм регуляризованої еволюції – це варіант еволюційного алгоритму, який застосовується для пошуку найкращої архітектури нейромережі в просторі моделей. Цей алгоритм, який був представлений у роботі [35], має такі особливості:

- 1) популяція – зберігається фіксована кількість архітектур;

2) вибір батьків – з випадкової підмножини популяції обирається найкраща архітектура на основі продуктивності;

3) мутація – до вибраної архітектури застосовується випадкова зміна (наприклад, зміна шару, кількості фільтрів тощо);

4) заміщення – нова архітектура додається до популяції, а найстаріша архітектура видаляється (цей крок називається регуляризацією, оскільки обмежує накопичення старих рішень).

Еволюційний пошук із регуляризацією є ефективним метод NAS, який балансує між експлуатацією найкращих архітектур та дослідженням нових варіантів. Псевдокод алгоритму приведений нижче.

```
archive ← ∅ // Зберігає всі оцінені архітектури
queue ← empty FIFO structure // Поточна популяція моделей

// Початкова генерація випадкової популяції
while |queue| < MAX_POPULATION do
    individual.arch ← CREATE_RANDOM_ARCH()
    individual.score ← TRAIN_AND_ASSESS(individual.arch)
    add individual to end of queue
    add individual to archive
end while

// Цикл еволюційного пошуку
while |archive| < MAX_EVALUATIONS do
    pool ← ∅ // Кандидати для вибору батьківських моделей

    // Випадковий вибір кандидатів у батьки
    while |pool| < POOL_SIZE do
        candidate ← random element from queue
        add candidate to pool
    end while

    // Вибір найкращого з кандидатів (турнірний відбір)
    parent ← element in pool with highest score

    // Генерація та оцінка мутованого нащадка
    offspring.arch ← MUTATE_ARCHITECTURE(parent.arch)
    offspring.score ← TRAIN_AND_ASSESS(offspring.arch)

    // Додавання нащадка до популяції та архіву
    add offspring to end of queue
```

```
add offspring to archive

// Видалення найстарішої особини з популяції (Aging Evolution)
remove first element from queue
end while

// Повернення найкращої знайденої архітектури
return element in archive with highest score
```

Для пошуку оптимальної комірки наперед визначено кілька доступних операцій (рис. 2.6), які випадковим чином та в певній послідовності обираються поки не буде досягнуто найвищої точності.

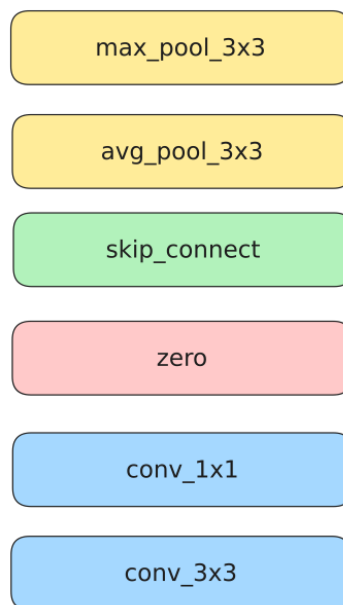


Рис. 2.6. Вибірка доступних операцій

Розглянемо детальніше кожну з них [93].

1) Pooling. Шар пулінгу використовується для зменшення просторових розмірів вхідних даних. Зазвичай він застосовується після згорткових шарів для зменшення розміру карт ознак. Найпоширенішими різновидами є середній, максимальний та глобальний пулінг. У даній комірці використовуються лише два типи: середній із вікном 3×3 та максимальний також із ядром 3×3 .

2) Skip connection. У цій операції вхідні дані передаються на вихід без жодних змін. Фактично це тотожне відображення, яке забезпечує пряме з'єднання між вузлами. Такий підхід допомагає покращити проходження градієнта під час навчання та зменшує ризик його затухання.

3) Zero. Операція zero формує на виході матрицю, заповнену нулями. Вона може використовуватися для виключення певного вузла з архітектури, тим самим спрощуючи її. Якщо така операція застосована між двома вузлами, це означає відсутність зв'язку між ними.

4) Convolution. У цій операції вхідні дані обробляються за допомогою згорткового ядра: виконується поелементне множення з подальшим підсумовуванням результатів. На виході формується нова карта ознак. Це базова операція згорткових нейронних мереж.

Архітектура комірки кодується за прикладом показаним на рис. 2.7. Літера X представляє цифру від 0 до 5, тобто $o = \{0, 1, 2, 3, 4, 5\}$. Дані цифри відповідають індексам елементів у множині доступних операцій (див. рис. 2.6). Перші три цифри у коді представляють операції, які з'єднують вузол input з вузлами 1, 2, 3, output відповідно (o1, o2, o3, o4). Наступними трьома цифрами закодовано операції між вузлами 1, 2, 3 (o5, o6) та output (o7). Далі двома цифрами кодуються операції між вузлами 2, 3, output (o8, o9). Остання цифра кодує операцію між вузлами 3 та output (o10).

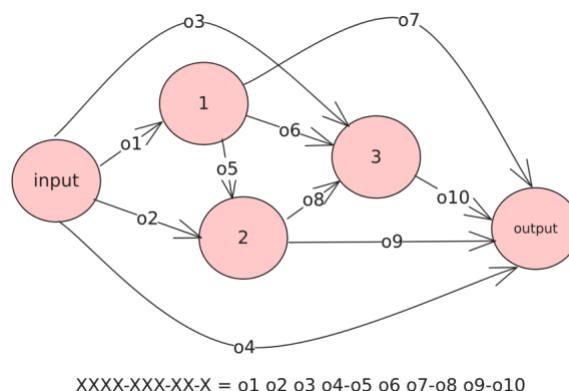


Рис. 2.7. Приклад кодування комірки

Для пошуку оптимальної архітектури мережі вибір відбувається з-поміж доступних блоків, серед яких і знайдена оптимальна комірка.

Еволюційний алгоритм шукає послідовність із найвищою точністю.

Для реалізації автоматичного пошуку архітектур нейронних мереж було використано фреймворк NNI, який надає потужні засоби для експериментального дослідження нейроархітектур, зокрема підтримує класичні методи NAS.

Для четвертого етапу (див. рис. 2.1) кількість циклів оптимізації становила 20, розмір популяції 30 та кількість епох 25.

Архітектура знайденої комірки (CustomCell), представлена на рис. 2.8, складається із шести вузлів, які взаємопов'язані складною мережею ребер. Кожне ребро відповідає певній операції, яка трансформує вхідні ознаки, та вибирається із набору базових операцій, що включає: *avg_pool_3x3*, *skip_connect*, *zero*, *conv_1x1*, *conv_3x3*, *max_pool_3x3* у різній послідовності.

Структура комірки організована таким чином, що кожен вузол агрегує інформацію від кількох попередніх вузлів за допомогою обраних операцій, що забезпечує гнучкість та багаторівневу інтеграцію ознак. Завдяки такій топології комірка може балансувати між збереженням вихідної інформації через пропускні шляхи та її поступовою трансформацією через згортки та пулінг.

В результаті отримана комірка має індивідуальний склад операцій і зв'язків, що максимально адаптований для розв'язання конкретної задачі класифікації гістологічних зображень.

Архітектура комірки закодована так: 23141–3232–334–21–2 (рис. 2.8).

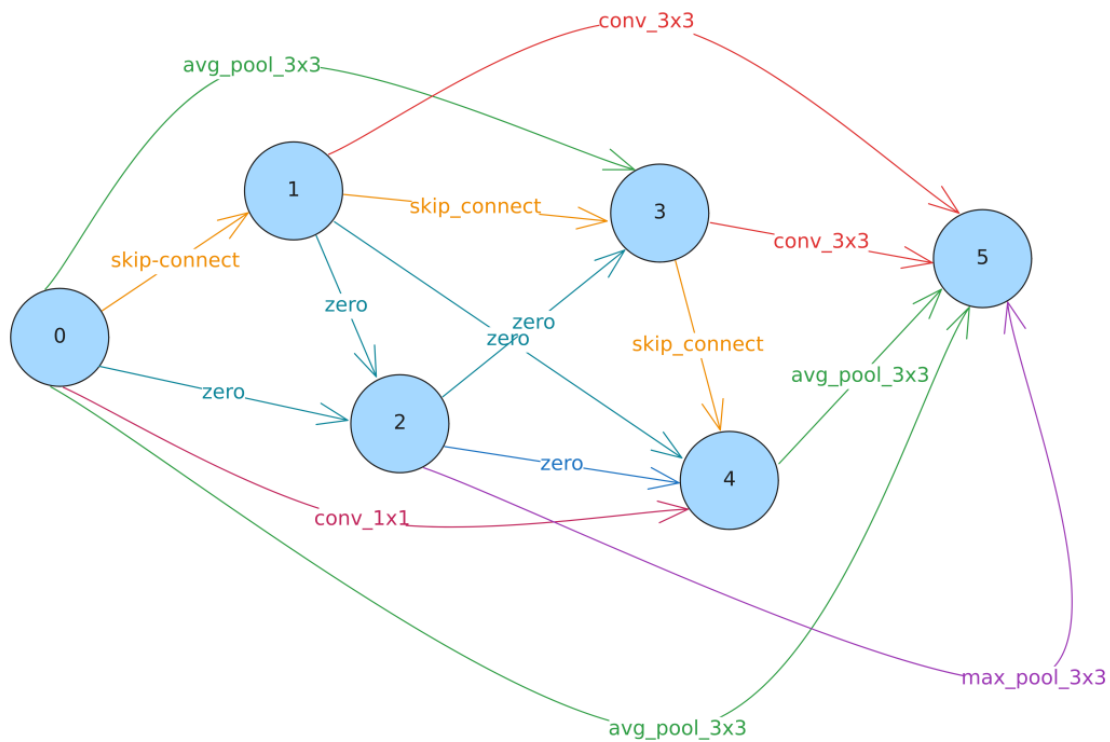


Рис. 2.8. Архітектура знайденої комірки

Архітектура оптимізованої нейронної мережі BREC-Net приведена на рис. 2.9 і складається із 6 шарів.

Структура BREC-Net приведена у таблиці 2.6.

Нейронна мережа BREC-Net має просту й ефективну структуру з початковим згортковим шаром, серією оптимізованих комірок (CustomCell), операціями згортки та пулінгу, а також фінальним класифікатором.

Мережа має 16 каналів по всій глибині. Основною обчислювальною одиницею є оптимізована комірка CustomCell.

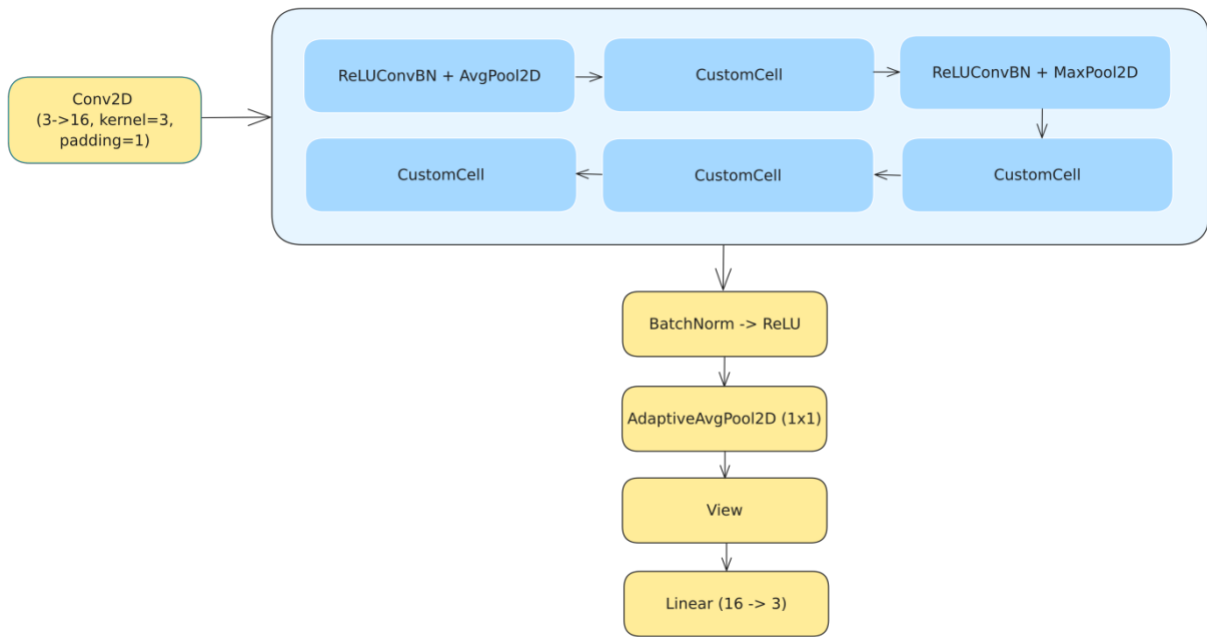


Рис. 2.9. Архітектура BREC-Net

Таблиця 2.6

Структура BREC-Net

Назва шару	Тип шару	Параметри	Вихідна форма
Stem	Conv2D	Kernel = 3, stride = 1, padding = 1	16×512×512
Layer 0	ReLUConvBN + AvgPool2D	Kernel = 3, stride = 1, padding = 1	16×512×512
Layer 1	CustomCell	Kernel = 3, stride = 1, padding = 1, Nodes = 6	16×512×512
Layer 2	ReLUConvBN + MaxPool2D	Kernel = 3, stride = 2, padding = 1	16×256×256
Layer 3	CustomCell	Kernel = 3, stride = 1, padding = 1, Nodes = 6	16×256×256

Layer 4	CustomCell	Kernel = 3, stride = 1, padding = 1, Nodes = 6	16×256×256
Layer 5	CustomCell	Kernel = 3, stride = 1, padding = 1, Nodes = 6	16×256×256
Last act	BatchNorm + ReLU		16×256×256
Global pooling	AdaptiveAvgPool2d		16×1×1
Flatten	View		16
Classifier	Linear		3

На відміну від традиційної архітектури RegNet, оптимізована модель BREC-Net, деталі якої наведені на рис. 2.9 та в таблиці 2.6, характеризується підвищеною гнучкістю, що досягається за рахунок динамічного вибору типів операцій, налаштування глибини мережі та варіації її топології. Такий підхід дозволяє адаптувати модель під специфіку конкретного датасету, що дозволяє підвищити точність класифікації на кожному з розглянутих наборів даних (див. підрозділ 2.5).

Крім того, оптимізована архітектура BREC-Net характеризується меншою обчислювальною складністю та зниженими вимогами до обсягу пам'яті, оскільки є компактнішою та легшою за оригінальний RegNet. Важливо відзначити, що ця модель ефективніше зберігає просторову інформацію в проміжних шарах, що є критично важливим для задач класифікації гістологічних зображень, де патерни клітин та тканинних структур мають високу значущість.

2.5 Експериментальне дослідження розробленого методу

Відповідно до рис. 2.1, п'ятий етап зосереджується на класифікації гістологічних зображень із використанням оптимізованої архітектури.

Рисунок 2.10 відображає загальний процес автоматичної класифікації зображень [6].

Нейронна мережа навчається на зображеннях, після цього зберігається її модель. В результаті навчання модель набуває здатності класифікувати зображення. Для цього на вхід ми подаємо тестове зображення та застосовуємо вже навчену модель для класифікації, після чого отримуємо результат – мітку класу, до якого це зображення відноситься.

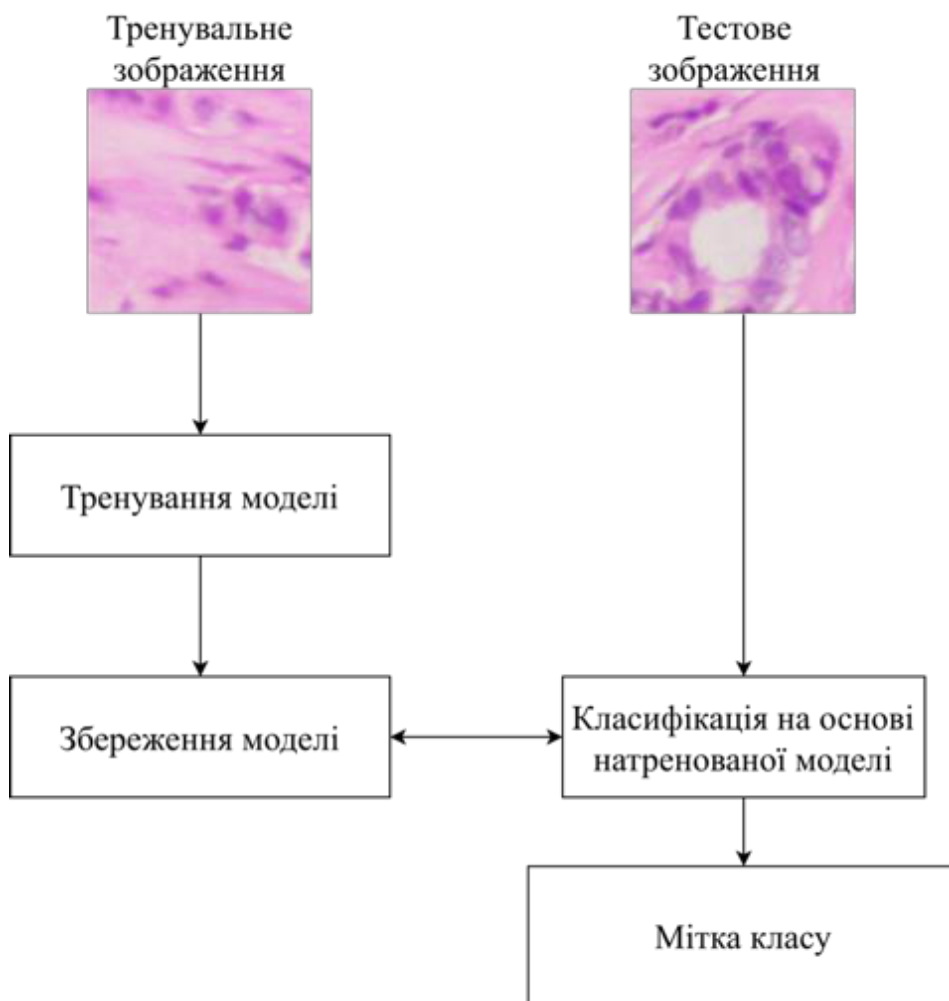


Рис. 2.10. Загальна схема процесу автоматичної класифікації зображень

У таблиці 2.7 наведено порівняльні результати точності класифікації, отримані для початкової архітектури RegNet та оптимізованої BREC-Net, що була розроблена в рамках дисертаційного дослідження. Результати представлені для різних типів датасетів, що дозволяє оцінити універсальність і адаптивність оптимізованої моделі. Зокрема, оптимізована архітектура демонструє покращення ключових метрик якості, що свідчить про успішність застосованих методів вдосконалення. Це підкреслює ефективність обраного підходу до оптимізації, який дозволяє підвищити продуктивність моделі без суттєвого збільшення її складності.

Кожен набір даних був розділений у пропорції 80/20 (тренування/валідація).

Таблиця 2.7

Порівняння оригінальної RegNet та оптимізованої BREC-Net

Назва	Набір даних	Точність, %
RegNet	Оригінальний	90,7
BREC-Net		94,9
RegNet	Афінні спотворення	91,1
BREC-Net		96,1
RegNet	Синтезований	95, 6
BREC-Net		99, 8

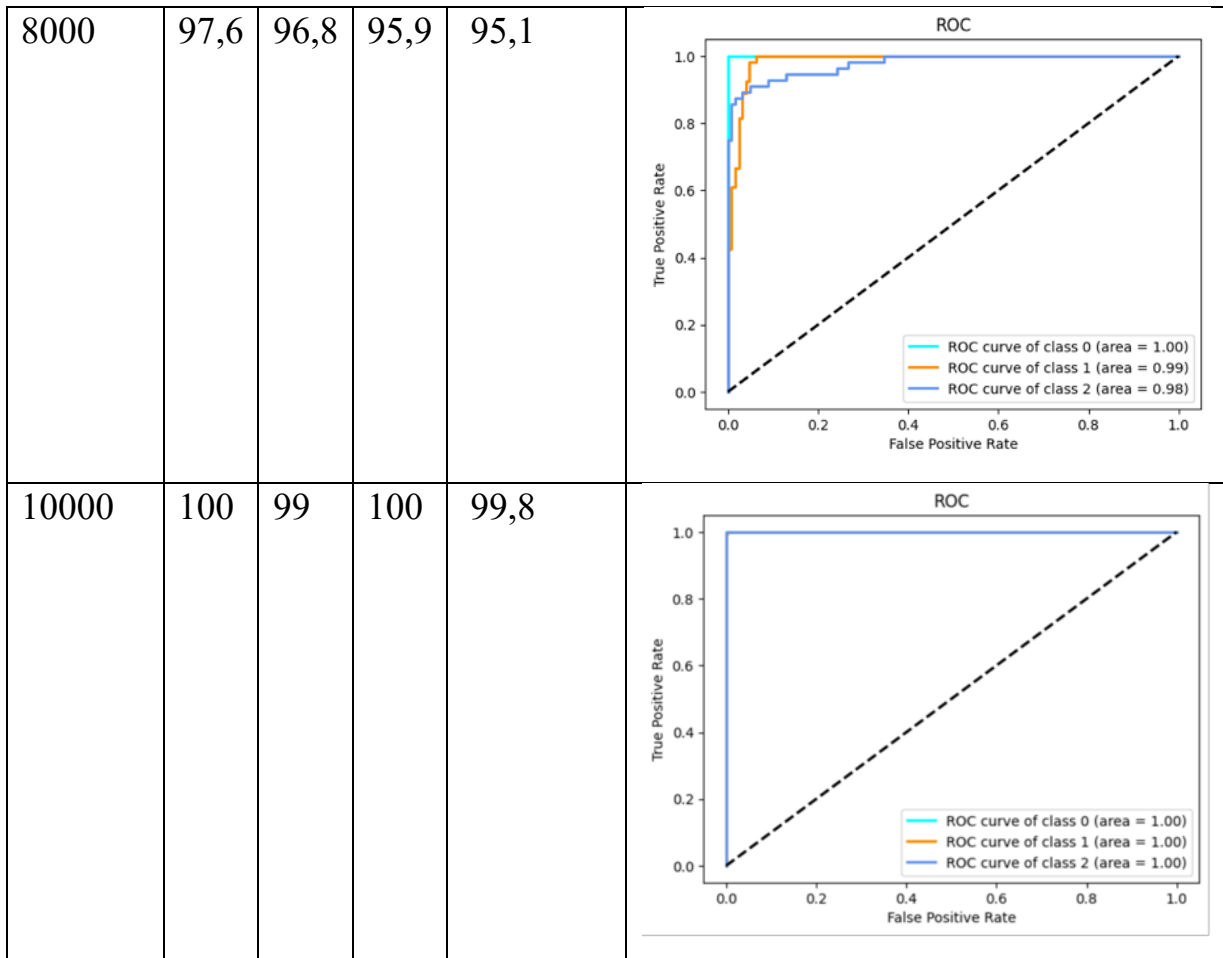
Для оцінки якості впливу синтезованих зображень на точність класифікації потрібно провести експерименти із використанням оптимізованої архітектури CNN для кожної кількості ітерацій, на якій генерувалися зображення (див. підрозділ 2.3): 2000, 4000, 6000, 8000 та 10000 [20].

Результати порівняння наведено у таблиці 2.8.

Таблиця 2.8

Порівняння точності на різних етапах дифузійної моделі

К-кість ітерацій	Точність OvR, %			Точність, %	ROC
	G1	G2	G3		
2000	86,8	83,2	87,6	78,8	
4000	87,4	85,8	90,8	81,9	
6000	93,3	89,9	92,6	87,8	



Графік залежності точності від кількості ітерацій дифузійної моделі показано на рис. 2.11.

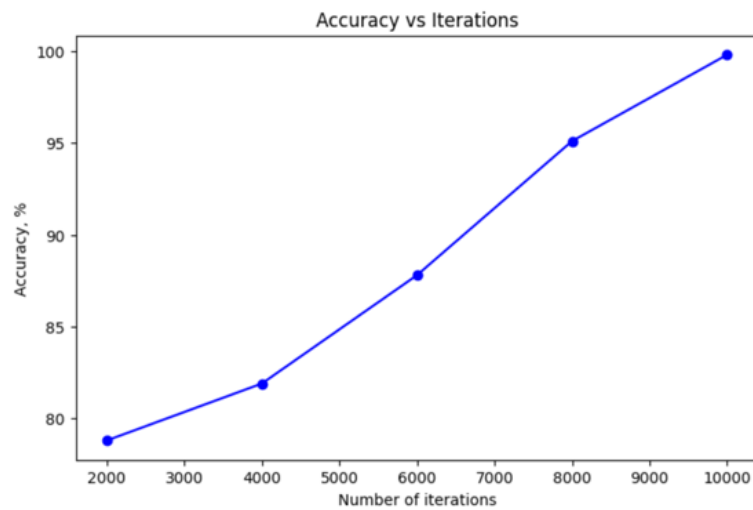


Рис. 2.11. Залежність точності від кількості ітерацій дифузійної моделі

В результаті проведеного дослідження розроблено оптимізовану архітектуру для класифікації гістологічних зображень, що демонструє покращені характеристики порівняно з класичними підходами.

Результати експериментів демонструють тісний зв'язок між етапом навчання генеративної моделі та ефективністю класифікації. Як видно з таблиці 2.8, використання зображень, синтезованих на ранніх етапах, призвело до зниження точності порівняно з даними, отриманими після 8000-10000 ітерацій. Це свідчить про те, що поступове покращення структури та морфологічної деталізації синтезованих зразків безпосередньо впливає на здатність класифікатора до узагальнення інформації, що є найбільш переконливим аргументом на користь того, що 10000 ітерацій є оптимальною кількістю.

Загальна точність класифікації показала критичне зростання: з 78,8% на 2000 ітерацій до 95,1% на 8000 ітерацій. Якби модель збіглася або наситилася на 8000 ітераціях, то приріст точності в наступному інтервалі був би мінімальним (наприклад, менше 0,5%). Однак аналіз показує, що між 8000 і 10000 ітераціями відбувся значний стрибок: точність зросла з 95,1% до 99,8% – збільшення на 4,7%. Таке значне зростання вказує на те, що останні 2000 ітерацій були абсолютно необхідними для навчання генеративної моделі відтворювати тонкі, високочастотні морфологічні ознаки, які є критично важливими для точного розрізнення ступенів диференціації пухлин за Ноттінгемським гістологічним критерієм оцінки. Таким чином, 10000 – це не просто поріг насичення, а оптимальна точка збіжності, необхідна для досягнення клінічно значущої точності класифікації (99,8%) [20].

Як видно з рис. 2.18, динаміка збіжності не показує насичення при 8000 ітераціях. Хоча приріст між 8000 і 10000 ітераціями (4,7%) є меншим за максимальний приріст у попередньому інтервалі (7,3%), він є критичним для перетину порогу клінічної надійності. Таким чином, 10000 є

оптимальною точкою, а не просто пороговим значенням, оскільки вона забезпечує максимальну клінічно необхідну точність. Подальший аналіз підтвердив, що остаточні ітерації були критичними з точки зору споживання ресурсів (див. табл. 2.4, табл. 2.5). Навчання та генерація виконувалися на високопродуктивному графічному процесорі NVIDIA A6000, а загальна тривалість сеансу становила 9 годин 45 хвилин. Хоча найвища окупність інвестицій з точки зору приросту точності за годину спостерігалася в діапазоні 6000-8000 ітерацій (приріст 7,3%), останні 8000-10000 ітерацій, незважаючи на менший приріст у 4,7%, виявилися вирішальними. Вони дозволили підвищити точність з високого (95,1%) до майже ідеального результату (99,8%), що підходить для використання в клінічних умовах.

Варто зауважити, що у рамках даного дослідження експерименти не були проведені з зображеннями високої роздільної здатності через обмеження апаратних ресурсів та значний час тренування, який би знадобився. Максимальний розмір зображень, що використовувався, становив 512×512 пікселів. Для роботи з більш високою роздільною здатністю необхідно збільшити обсяг доступної пам'яті GPU, що є перспективним напрямком для майбутніх досліджень. Також слід зазначити, що експериментальна база обмежувалася гістологічними зображеннями раку грудної залози. Відповідно, одним з ключових напрямків подальших робіт є розширення області застосування моделі шляхом її адаптації до класифікації гістологічних зображень інших органів та робота з даними більшої роздільної здатності. Це відкриває додаткові можливості для впровадження розробленої архітектури у клінічну практику та наукові дослідження.

Висновки до розділу 2

У другому розділі розроблено метод багатокласової класифікації гістологічних зображень, що став алгоритмічною основою для проектування модуля ідентифікації раку за ступенем диференціації в системі BRECCAD. Основні результати розділу такі:

1. Розроблено метод багатокласової класифікації гістологічних зображень для діагностування раку грудної залози за ступенем диференціації, який, на відміну від стандартних підходів, інтегрує процеси автоматизованого пошуку нейромережових архітектур (NAS) та генеративного розширення даних, що дозволило досягти стабільно високих показників точності (99,8%).
2. Обґрунтовано та реалізовано алгоритм синтезу зображень на основі дифузійної моделі. Встановлено, що синтетичні дані, отримані після 10 000 ітерацій навчання, мають високу морфологічну подібність до реальних патоморфологічних структур, що дозволило розширити навчальну вибірку до 15 000 екземплярів і подолати проблему «інформаційного голоду».
3. Синтезовано та оптимізовано архітектуру BREC-Net шляхом інтеграції еволюційно знайдених обчислювальних комірок у базову модель RegNet. Використання регуляризованої еволюції дозволило отримати модель з високою здатністю до класифікації патернів тканинних структур при збереженні обчислювальної ефективності.
4. Проведено порівняльний аналіз 12-ти класичних архітектур нейронних мереж на різних наборах даних. Виявлено, що стандартні моделі без модифікації та синтетичного розширення даних мають обмежену точність (в середньому 90,7%), що підтверджує доцільність впровадження розробленого комбінованого методу.

РОЗДІЛ 3. МЕТОД АНАЛІЗУ ІМУНОГІСТОХІМІЧНИХ ЗОБРАЖЕНЬ ДЛЯ ДІАГНОСТУВАННЯ ПІДТИПІВ РАКУ ГРУДНОЇ ЗАЛОЗИ

У розділі розроблено метод аналізу імуногістохімічних зображень для діагностування підтипів раку грудної залози на основі сегментації зображень з використанням U-Net мережі, обчислення кількісних характеристик мікрооб'єктів та продукційної моделі діагностичних знань. Вдосконалено архітектуру U-Net для сегментації імуногістохімічних зображень.

Результати розділу опубліковано у працях автора [5, 7, 18].

3.1. Етапи методу аналізу імуногістохімічних зображень для діагностування підтипів раку

Незважаючи на значний прогрес, існуючі діагностичні методи стикаються із певними труднощами. По-перше, суб'єктивна оцінка ІГХ-зображень клініцистами часто призводить до значної варіабельності показників, особливо для індексу проліферації Кі67. Дослідження підтверджують, що міжлабораторна відтворюваність Кі67 є лише помірною, з коефіцієнтом внутрішньокласової кореляції, що коливається в діапазоні від 0,59 до 0,71. Середнє геометричне значення Кі67 для кожної лабораторії у 100 випадках коливалося від 7,1% до 23,9% при центральному забарвленні та від 6,1% до 30,1% при локальному забарвленні [94]. По-друге, аналіз великих вибірок зображень є ресурсомістким і вимагає тривалого часу. Інфраструктурні обмеження, висока вартість WSI-сканерів створюють бар'єри для їх широкого впровадження та алгоритмів ШІ у клінічну практику [95]. Ці обмеження обумовлюють необхідність розробки автоматизованих рішень, що здатні забезпечити як високу точність

сегментації (на малих, обчислювально ефективних фрагментах) так і автоматично перетворювати ці сегментаційні результати на стандартизовані кількісні оцінки біомаркерів, необхідні для точного молекулярного підтипування.

Етапи методу аналізу імуногістохімічних зображень для діагностування підтипів раку приведені на рис. 3.1.



Рис. 3.1. Етапи методу аналізу імуногістохімічних зображень для діагностування підтипів раку

Детальний опис розроблених етапів представлено у наступних підрозділах третього розділу. Зокрема, ініціалізація навчання класичних архітектур (*Етап 1*) розглядається у підрозділі 3.3. Кроки, що включають вдосконалення та оптимізацію архітектури нейронної мережі для сегментації, а також фінальну оцінку точності аналізу імуногістохімічних зображень (*Етап 2*), викладені у підрозділі 3.4. Алгоритми обчислення кількісних характеристик мікрооб'єктів, що відповідають *Етапу 3*, детально розглядаються в підрозділі 3.5. Питання формування продукційних правил для інтелектуальної обробки отриманих ознак (*Етап 4*) та розробка узагальненого алгоритму визначення підтипів раку грудної залози (*Етап 5*) висвітлені у підрозділі 3.6. Такий ієрархічний підхід дозволяє комплексно розглянути процес побудови достовірної моделі діагностування: від автоматизованої сегментації структур до верифікації клінічних результатів.

3.2 Архітектура U-Net для сегментації мікрооб'єктів

Метод сегментації мікрооб'єктів на основі U-Net є одним із найбільш ефективних підходів у медичній обробці зображень, особливо для аналізу гістологічних та імуногістохімічних зображень.

У сучасних дослідженнях сегментації особливу увагу приділено архітектурі U-Net [36], яка завдяки своїй структурі забезпечує високу точність навіть на невеликих вибірках. У [96] здійснено аналіз різних модифікацій U-Net, а роботи [97, 98] демонструють її застосування для 3D-сегментації пухлин мозку. Автори [99] пропонують вдосконалену U-Net, спрямовану на підвищення точності, тоді як у [100] виконано порівняння ручної та автоматичної сегментації на прикладі біомаркера Ki67. У [101] і [102] запропоновано методи автоматичного підрахунку клітинних ядер, що базуються на каскадних моделях і суперпіксельній сегментації. Праця [103] розв'язує проблему суб'єктивності діагностики на ІГХ-зображеннях, а [104] описує напівавтоматичний аналіз клітин аденокарциноми. У [105] і [106] запропоновано методи машинного навчання для діагностики лімфом та виявлення гангліозних клітин, тоді як [107] розробляє ефективний алгоритм для автоматичної сегментації клітин карциноми. У роботі [108] порівнюються моделі FCN, SegNet та U-Net для аналізу білка HER2, а [109] представляє рекурентну залишкову R2U-Net для сегментації ядер. Модель Attention-Enhanced and Residual U-Net, описана в [110], дозволяє точніше сегментувати білково-експресовані ядра. Дослідження [111] оцінює ефективність кількох глибоких моделей для різних типів тканин, а [112] порівнює U-Net, Mask R-CNN, Cellpose та інші методи. У [113-115] розглядаються алгоритми сегментації та класифікації ІГХ-зображень раку грудної залози, які забезпечують високу точність і кількісну оцінку ядер, а [116] аналізує архітектури U-Net, R-CNN та GB U-Net. Робота [117] пропонує універсальну структуру GeNSeg-Net для сегментації ядер у різних

типах тканин, тоді як [118] – модифіковану U-Net для біомедичних зображень. У [119] використано 3D U-Net для сегментації та прогнозування підтипів раку грудної залози, а [120] описує підхід до класифікації статусу рецептора HER2 і біомаркерів на рівні пікселів. Модифікована архітектура LadderNet, представлена в [121], використовується для автоматизованого діагностування ІГХ-зображень. У працях [122, 123] розроблено систему Pathologist-Tree Network, яка забезпечує високоточний автоматизований аналіз ІГХ-зображень, підвищуючи ефективність клінічної діагностики.

Мережа U-Net (рис. 3.2), є різновидом згорткової нейронної мережі, спеціально розробленої для задач сегментації зображень. Її ключовою перевагою є здатність ефективно обробляти зображення різних розмірів та деталей, виділяючи об'єкти з високою точністю.

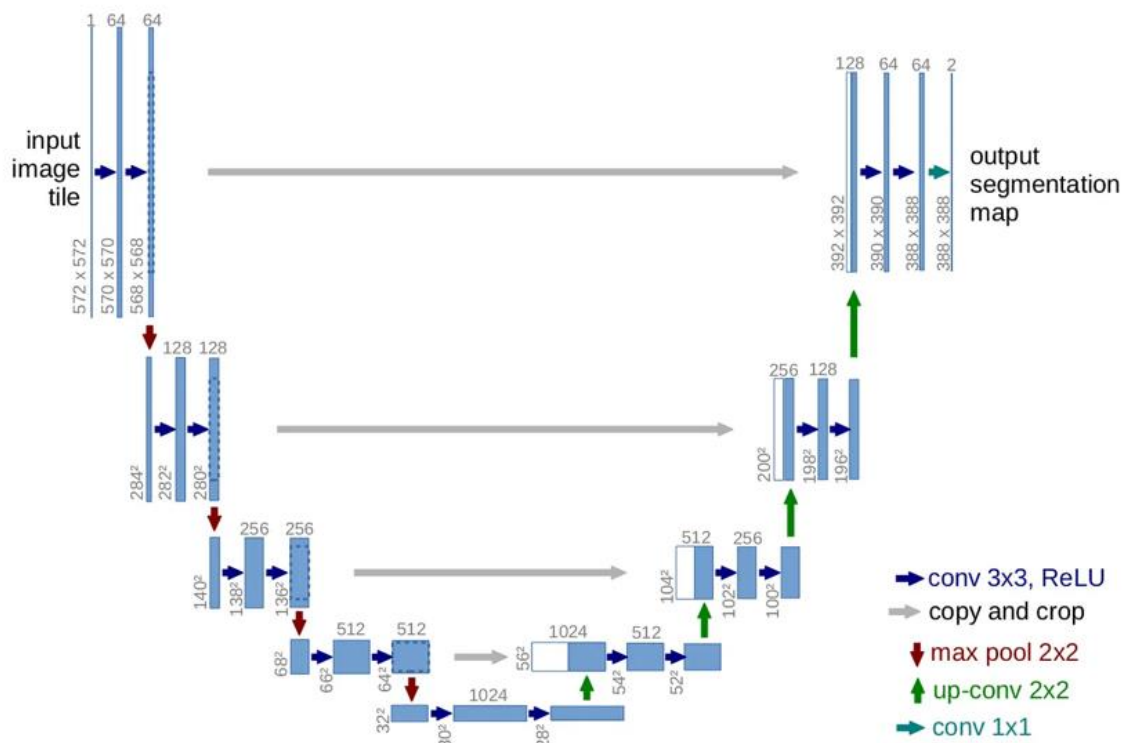


Рис. 3.2. Архітектура U-Net мережі

Архітектура моделі така: кодер (для низхідної дискретизації) і декодер (для висхідної дискретизації) з прямими з'єднаннями. Як видно з рис. 3.1, вона нагадує літеру U, звідси і назва U-Net.

Архітектура складається зі шляху, що стискається (ліворуч), та шляху, що розширюється (праворуч). Шлях звуження відповідає типовій архітектурі згорткової мережі. Він складається з повторного застосування двох згорток 3×3 (згортки без додавання), за кожною з яких слідує випрямлена лінійна одиниця (ReLU) та операція об'єднання 2×2 max з кроком 2 для пониження вибірки. На кожному кроці дискретизації ми подвоюємо кількість каналів ознак. Кожен крок у розширювальному шляху складається з підвищеної вибірки карти ознак, за якою слідує згортка 2×2 («підвищувальна згортка»), яка зменшує кількість каналів ознак вдвічі, об'єднання з відповідно обрізаною картою ознак зі звужувального шляху та дві згортки 3×3 , за кожною з яких слідує ReLU. Обрізання необхідне через втрату граничних пікселів у кожній згортці. Згортка 1×1 використовується на останньому шарі для відображення кожного 64-компонентного вектора ознак на потрібну кількість класів. В загальному, мережа має 23 згорткових шари [36].

Енергетична функція обчислюється за допомогою попіксельного софт-максимуму над остаточною картою ознак у поєднанні з функцією перехресних втрат ентропії [36]. Софт-максимум визначається як $p_k(x) = \exp(a_k(x)) / (\sum_{k'=1}^K \exp(a_{k'}(x)))$, де $a_k(x)$ позначає активацію в каналі ознак k в позиції пікселя $x \in \Omega$ з $\Omega \subset \mathbb{Z}^2$. K – кількість класів, а $p_k(x)$ – наближена функція максимуму. Тобто $p_k(x) \approx 1$ для k , що має максимальну активацію $a_k(x)$, і $p_k(x) \approx 0$ для всіх інших k [36]. Потім перехресна ентропія штрафує в кожній позиції за відхилення $p_{\ell(x)}(x)$ від 1 за допомогою формули (3.1) [36].

$$E = \sum_{x \in \Omega} \omega(x) \log(p_{\ell(x)}(x)), \quad (3.1)$$

де $\ell: \Omega \rightarrow \{1, \dots, K\}$ – істинна мітка кожного пікселя,

$\omega: \Omega \rightarrow \mathbb{R}$ – вагова карта, щоб надати деяким пікселям більшої важливості в навчанні.

Межа поділу обчислюється за допомогою морфологічних операцій. Вагова карта потім обчислюється за формулою (3.2) [36].

$$\omega(x) = \omega_c(x) + \omega_0 \times \exp\left(-\frac{(d_1(x)+d_2(x))^2}{2\sigma^2}\right), \quad (3.2)$$

де $\omega_c: \Omega \rightarrow \mathbb{R}$ – вагова карта для балансування частот класів,

$d_1: \Omega \rightarrow \mathbb{R}$ – відстань до межі найближчої комірки,

$d_2: \Omega \rightarrow \mathbb{R}$ – відстань до межі другої найближчої комірки.

У глибоких мережах з багатьма згортковими шарами і різними шляхами через мережу, хороша ініціалізація ваг є надзвичайно важливою. В іншому випадку частини мережі можуть давати надмірні активації, тоді як інші частини не даватимуть жодного внеску. В ідеалі початкові ваги мають бути адаптовані таким чином, щоб кожна карта ознак у мережі мала приблизно одиничну дисперсію.

Для U-Net мережі з архітектурою приведеною на рисунку 3.1 (чергування шарів згортки та ReLU) цього можна досягти, взявши початкові ваги з гаусівського розподілу зі стандартним відхиленням $\sqrt{2/N}$, де N позначає кількість вхідних вузлів одного нейрона [36]. Наприклад, для згортки 3×3 і 64 каналів ознак у попередньому шарі $N = 9 \times 64 = 576$.

Для навчання сегментатора на вхід потрібно подавати оригінальне зображення (input image) та його маску (ground truth mask), на виході мережа поверне сегментоване зображення (predicted mask).

3.3 Точність сегментації класичних архітектур згорткових нейронних мереж

Відповідно до рис. 3.1 на першому етапі здійснюється первинне тестування класичних архітектур нейронних мереж на оригінальному датасеті (див. підрозділ 1.1) імуногістохімічних зображень. Метою цього етапу є попередня оцінка продуктивності моделей.

Для експериментів із визначення архітектури із найвищим показником точності було обрано 13 архітектур глибоких нейронних мереж: Base U-Net, ResNet, WideResNet, ResNeXt, RegNet, AlexNet, VGG-16, DenseNet, Attention U-Net, GoogLeNet, Inception V3, EfficientNet, EfficientNetV2.

Такий вибір обумовлений необхідністю проведення комплексної оцінки різних архітектурних підходів з метою оцінки їх впливу на точність сегментації ІГХ-зображень. За основу була взята оригінальна архітектура U-Net. Всі інші архітектури використовувались, як backbone, тобто як базові нейронні моделі, що відповідають за виділення ознак із вхідних зображень і слугують основою для побудови та порівняння модифікованих архітектур.

Таблиця 3.1 демонструє максимальні результати метрик для кожної мережі. За основу вибрано метрику Dice (див. формулу 1.7). Результати відсортовані за спаданням.

Таблиця 3.1

Порівняння точності класичних архітектур

Назва	Dice	IoU	Accuracy	Precision	Recall
Attention U-Net	0,728995	0,60248	0,941858	0,955794	0,790606
Base U-Net	0,726499	0,5965	0,941439	0,9998	0,9997
VGG-16	0,708442	0,575997	0,940182	0,958385	0,895585
DenseNet	0,707411	0,566541	0,938797	0,934624	0,849893

ResNet	0,681889	0,552199	0,932116	0,972939	0,853237
WideResNet	0,678025	0,543014	0,933921	0,981421	0,886418
RegNet	0,586989	0,419881	0,911491	0,783565	0,564647
ResNeXt	0,571013	0,408371	0,91245	0,794248	0,536481
GoogLeNet	0,526026	0,361661	0,90075	0,833287	0,540659
EfficientNetV2	0,511565	0,34633	0,899231	0,677133	0,466727
EfficientNet	0,39894	0,241527	0,88585	0,595445	0,332688
AlexNet	0,234396	0,138411	0,878506	0,519243	0,233029
InceptionV3	0,166613	0,096877	0,878474	0,386335	0,163947

Як видно з таблиці 3.1, найкращі результати за показником Dice має архітектура Attention U-Net, тому вона була обрана для подальшої оптимізації генетичним алгоритмом.

3.4. Вдосконалення архітектури U-Net для аналізу імуногістохімічних зображень

Відповідно до етапів методу діагностування підтипів раку (див. рис. 3.1) наступним етапом є вдосконалення архітектури нейронної мережі, отриманої експериментальним шляхом на *Emami 1*.

Процедуру пошуку архітектури приведено на рис. 3.3. Нижче деталізовано п'ять послідовних кроків, які реалізують еволюційний пошук оптимальної конфігурації гіперпараметрів [7].

1. Ініціалізація. На цьому кроці задаються базові параметри моделі, такі як розмір початкового фільтра, кількість шарів та швидкість навчання.

2. Пошук гіперпараметрів. Цей етап включає автоматичне тестування різних варіантів гіперпараметрів засобами NNI для знаходження найкращої конфігурації.

3. Тренування. Модель тренується із заданими параметрами. При цьому, на кожному кроці коригуються ваги за допомогою алгоритму зворотного поширення помилки.

4. Оцінка. На цьому етапі після кожної епохи обчислюються метрики, що дає змогу визначити ефективність моделі на валідаційних даних.

5. Оптимізація. Цей етап є завершальним. NNI обирає найкращі параметри на основі заданих метрик (в рамках дослідження – Dice). Після цього все починається з кроку 2. Це дозволяє покращити ефективність моделі на наступних етапах. Так триває доти, поки не буде знайдено задану точність чи не вичерпаються ресурси для пошуку оптимальної архітектури.

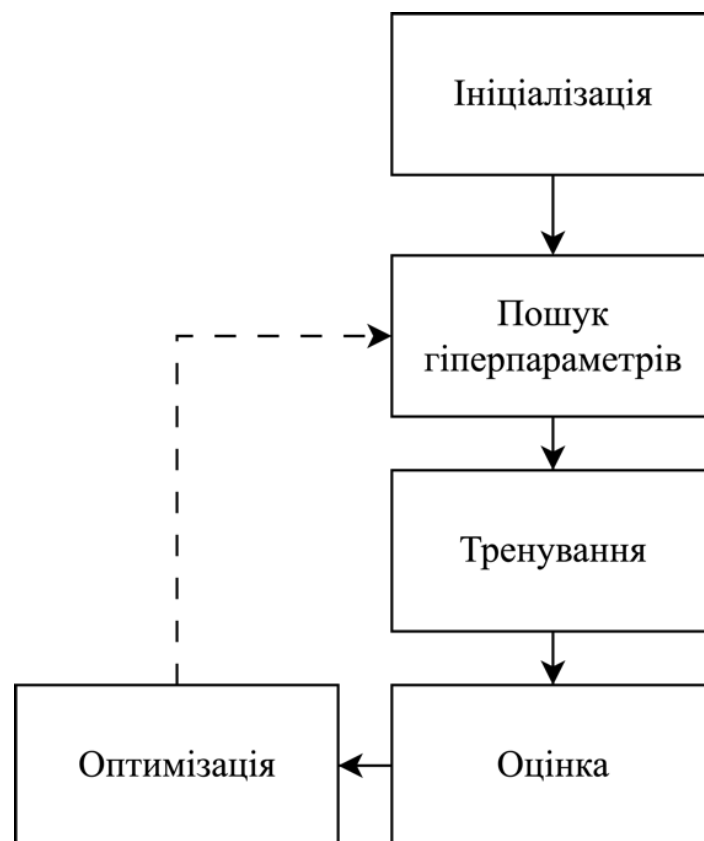


Рис. 3.3. Процедура пошуку архітектури

Нейронна мережа навчається на тестових зображеннях, після цього зберігається модель цієї мережі. У випадку U-Net на вхід потрібно подавати оригінальне зображення та його маску сегментації. Після навчання мережа

набуває здатності до сегментації зображень певного типу. На вхід ми подаємо тестове зображення та застосовуємо вже навчену модель для сегментації. Результатом цього процесу є сегментоване зображення.

Для кількості шарів діапазон пошуку був від 3 до 8, а для розміру фільтра – від 16 до 256 пікселів із кратністю 2 (16, 32, 64 і т.д.).

Дослідження проводилося на приватному наборі, наданому кафедрою патологічної анатомії з секційним курсом та судовою медициною Тернопільського національного медичного університету [56] (див. підрозділ 1.1). 20% від тренувальної вибірки було відведено для валідації.

Якість зображень залежить від стандарту фарбування та особливостей мікроскопа чи сенсора (наприклад, нерівномірність освітлення та хроматичні аберації). Можливий вплив барвників також розглядався як фактор варіабельності кольору між серіями. Вплив міжлабораторних відмінностей частково мінімізувався за допомогою колориметричних аугментацій (зміна яскравості, контрасту, колірної зсуву) та нормалізації інтенсивності перед начанням. До зображень не було застосовано геометричних аугментацій [7].

Приклад чотирьох ІГХ-зображень приведено у підрозділі 1.1 (див. рис. 1.2).

Оптимізація проводилась з використанням засобів NNI. Було проведено 50 спроб, кожна тривалістю в 150 епох. Змінювалися такі параметри мережі, як кількість шарів (впливають на її глибину), розмір базового фільтра (впливає на аналіз ознак) та швидкість навчання, яка в певних спробах, обраних випадковим чином, поступово зменшувалася в 10 разів через кожних 50 епох. Це дало змогу стабілізувати навчання на кінцевих епохах.

NAS-комірки в архітектурі U-Net є складними через симетричну структуру мережі та наявність прямих зв'язків між кодером і декодером. Модифікація внутрішніх примітивів може призводити до порушення

відповідності розмірів тензорів між цими частинами мережі. Повноцінний пошук архітектури, аналогічний застосованому для задачі класифікації (див. розділ 2), у цьому випадку є обчислювально затратним і потенційно нестабільним. Тому в межах даної роботи оптимізувалися лише структурні гіперпараметри – глибина мережі, розмір базового фільтра та швидкість навчання, що забезпечує компроміс між продуктивністю моделі та обчислювальними витратами.

Результати показника Dice приведені у таблиці 3.2 та відсортовані за спаданням.

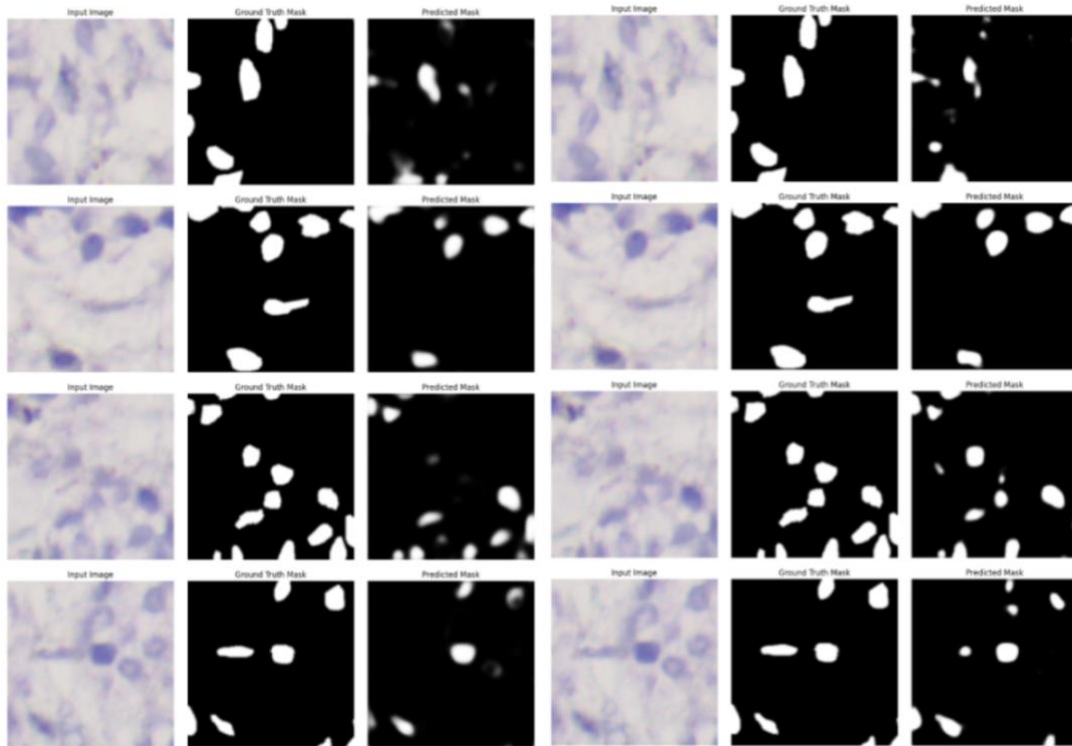
Таблиця 3.2

Результати Dice для архітектур типу U-Net

Назва	Розмір фільтра	Кількість шарів	Точність Dice	Швидкість навчання
Optimized Attention U-Net v1	32	6	0,7400	1e-3
Optimized Attention U-Net v2	32	6	0,7346	Поступове зменшення, досягнуте на етапі 1e-4
Optimized Attention U-Net v3	16	5	0,7324	1e-3
Optimized Attention U-Net v4	16	6	0,7310	Поступове зменшення, досягнуте на етапі 1e-4
Base Attention U- Net	64	4	0,7289	1e-3

Base U-Net	64	4	0,7264	1e-3
Optimized Attention U-Net v5	32	4	0,7260	1e-3
Optimized Attention U-Net v6	64	3	0,7230	1e-3
VGG-16	64	16	0,708442	1e-3
DenseNet	64	121	0,707411	1e-3
ResNet	64	50	0,681889	1e-3
WideResNet	64	50	0,678025	1e-3
RegNet	32	79	0,586989	1e-3
ResNeXt	64	5	0,571013	1e-3
GoogLeNet	64	22	0,526026	1e-3
EfficientNetV2	32	50	0,511565	1e-3
EfficientNet	32	18	0,39894	1e-3
AlexNet	11	8	0,234396	1e-3
InceptionV3	32	48	0,166613	1e-3

На рис. 3.4 приведені результати сегментації з використанням Attention U-Net.



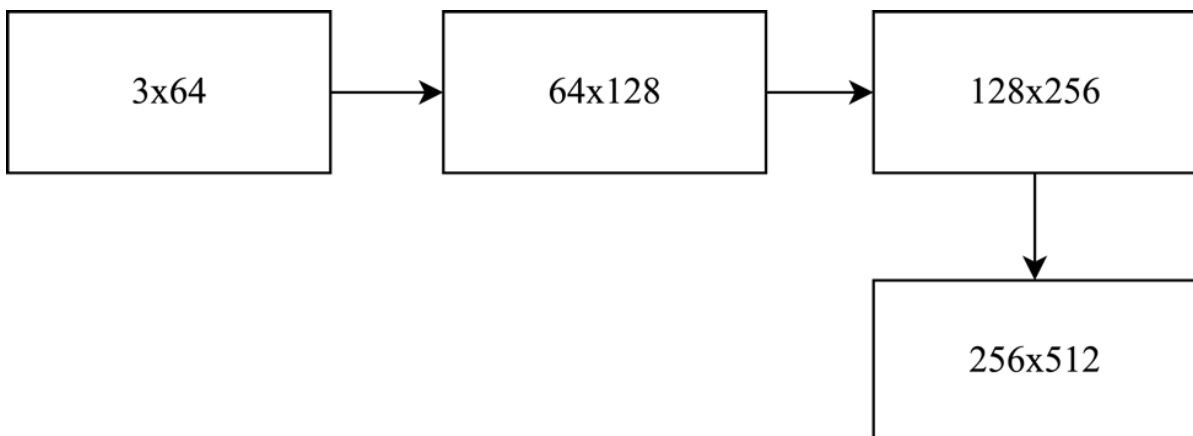
а)

б)

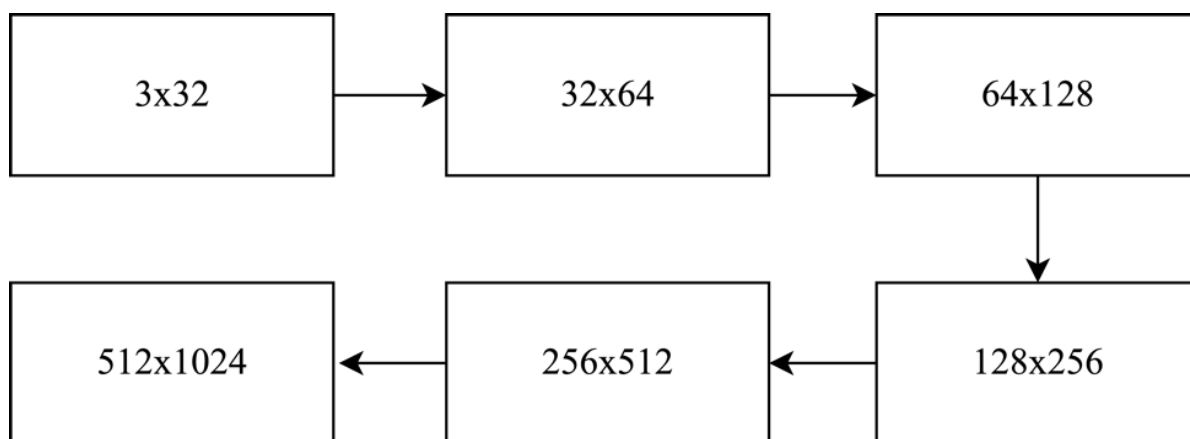
а) базова архітектура Base Attention U-Net; б) її оптимізована версія Attention U-Net v1.

Рис. 3.4. Результати сегментації на основі Attention U-Net

На рис. 3.5 представлено структуру енкодера архітектури Attention U-Net. Кожен блок відповідає згортці розмірністю 3×3 із певною кількістю каналів.



а)



б)

а) базова архітектура Attention U-Net; б) її оптимізована версія Attention U-Net v1.

Рис. 3.5. Структура енкодера

Як видно з таблиці 3.2, оптимальна кількість шарів у мережі знаходиться в діапазоні від 4 до 6. Найвищий показник Dice досягнуто при 6 шарах (0,7400 та 0,7346), що свідчить про здатність моделі ефективно витягати корисні ознаки без перенавчання. П'ятишарова архітектура також демонструє високий рівень точності (Dice=0,7324), що підтверджує гіпотезу про ефективність U-Net архітектур середньої глибини.

Найкращі результати сегментації були отримані при базовому розмірі фільтрів 32 та 16 та кількості шарів 6 та 5 відповідно. У свою чергу, моделі з більшим розміром фільтрів (наприклад, 64) та меншою глибиною показали гірші результати, що свідчить про те, що збільшення розміру фільтрів не завжди є виправданим: воно може спричинити перенавчання або ж призводити до надмірної кількості параметрів без суттєвого покращення якості сегментації. Параметр швидкості навчання $1e-3$ показав стабільну ефективність для більшості архітектур.

З рис. 3.5 видно, що оптимізована архітектура має більшу глибину та кращу здатність до аналізу ознак, що загалом покращує точність сегментації. У порівнянні з базовим варіантом Attention U-Net, який досяг

максимальної точності 0,728995, оптимізована архітектура виявилась ефективнішою. Це стало можливим завдяки використанню генетичного алгоритму, що забезпечив систематичний пошук між глибиною мережі та розміром базового фільтра. Глибина у 6 шарів покращила здатність моделі до витягування складніших ознак. Зменшення розміру початкового фільтра до 32 підвищило локалізаційну точність і чутливість до дрібних деталей, що є критичним для сегментації ядер, що перекриваються чи мають нечіткі межі.

Перевага розробленого у дослідженні підходу полягає у комплексному аналізі архітектурних змін з експериментальним підтвердженням оптимальних конфігурацій (див. табл. 3.1, табл. 3.2, рис. 3.5), що забезпечило підвищення точності сегментації порівняно з базовою моделлю Attention U-Net (Dice=0,74 проти 0,7289).

Розроблений підхід дозволяє не лише підвищити точність сегментації, а й забезпечує адаптивний підбір параметрів мережі з урахуванням специфіки вхідних даних. Також він дозволяє точніше і повніше охарактеризувати морфологічні та молекулярні особливості пухлинної тканини, підвищуючи загальну ефективність діагностики.

Таким чином, розроблений підхід вирішує такі задачі:

- забезпечує стійку точність сегментації при роботі з різними типами біомаркерів та гістологічними структурами завдяки адаптивному налаштуванню параметрів моделі;
- дозволяє точніше сегментувати клітинні ядра з перекриттям або нечіткими межами завдяки покращеній архітектурі, яка враховує морфологічну складність;
- покращує ідентифікацію тонких клітинних структур шляхом оптимізації глибини та варіативності фільтрів, на відміну від класичних U-Net з фіксованим масштабом;

– є обчислювально доступним рішенням, придатним для клінічного використання у середовищах з обмеженими ресурсами.

Разом з тим, є такі обмеження:

– ефективність обраної архітектури знижується при збільшенні розміру вхідного зображення понад 512 пікселів;

– при високій роздільній здатності зображень можуть виникати проблеми з нестачею відеопам'яті;

– результати сегментації залежать від якості анотацій у навчальній вибірці.

Недоліками проведеного дослідження із вдосконалення архітектури для сегментації є відсутність тестування на мультикласових задачах та обмеження по кількості експериментальних конфігурацій через доступні ресурси.

3.5 Алгоритми обчислення кількісних характеристик мікрооб'єктів

Алгоритми обчислення кількісних характеристик мікрооб'єктів є важливим етапом аналізу біомедичних зображень, що слідує після сегментації. На цьому етапі абстрактні бінарні маски або багатоканальні карти сегментації, отримані за допомогою U-Net, трансформуються у конкретні числові показники, що описують форму, розмір, текстуру та інтенсивність забарвлення мікрооб'єктів, таких як ядра клітин або цілі клітинні структури. Отримані характеристики використовуються для діагностики, класифікації патологій та оцінки стану зразків.

Процес переходу від піксельної маски до кількісних характеристик передбачає використання спеціалізованих бібліотек, таких як OpenCV, scikit-image та NumPy. Основними інструментами тут виступають

алгоритми аналізу контурів, обчислення геометричних моментів та фотометричне маскування.

Знаходження контурів є першочерговим завданням у морфометричному аналізі, оскільки воно дозволяє виділити межі макрооб'єктів та представити їх у вигляді векторних структур. Основним алгоритмом, реалізованим у бібліотеці OpenCV, є алгоритм Сузукі-Абе [124]. Нижче наведено його формалізований опис.

Нехай маємо бінарне зображення $I \in \{0,1\}^{H \times W}$, де H – висота зображення у пікселях, W – ширина зображення у пікселях. Множину всіх пікселів об'єкта визначимо як: $\Omega = \{(x, y) \mid I(x, y) = 1\}$.

Зовнішній контур визначається як множина пікселів, для яких існує перехід із фону в об'єкт:

$$C_{\text{ext}} = \{(x, y) \in \Omega \mid \exists (x', y') \in \mathcal{N}(x, y): I(x', y') = 0\}, \quad (3.3)$$

де $\mathcal{N}(x, y)$ – 4- або 8-зв'язне оточення пікселя.

Контур отвору визначається як межа фонові області, повністю оточеної об'єктом:

$$C_{\text{int}} = \{(x, y) \notin \Omega \mid \exists (x', y') \in \mathcal{N}(x, y): I(x', y') = 1\}. \quad (3.4)$$

Загальна множина контурів матиме вигляд $C = C_{\text{ext}} \cup C_{\text{int}}$.

Алгоритм виконує послідовне сканування зображення: $\forall y \in [1, H], \forall x \in [1, W]$, та ініціює трасування контуру при зміні стану пікселя: $I(x-1, y) = 0 \wedge I(x, y) = 1 \Rightarrow$ початок зовнішнього контуру, $I(x-1, y) = 1 \wedge I(x, y) = 0 \Rightarrow$ початок контуру отвору.

Важливою особливістю реалізації в OpenCV є можливість вибору режимів ідентифікації контурів, що визначає, які саме структури будуть враховані в аналізі (таблиця 3.3).

Таблиця 3.3

Режими вилучення контурів

Режим ідентифікації	Опис	Застосування в біомедицині
RETR_EXTERNAL	Вилучає лише найбільш зовнішні контури, ігноруючи будь-яку вкладеність.	Підрахунок кількості окремих клітин або ядер, де внутрішні структури не мають значення.
RETR_LIST	Вилучає всі контури без створення ієрархічних зв'язків.	Швидка екстракція ознак, коли взаємне розташування об'єктів не є критичним.
RETR_CCOMP	Створює дворівневу ієрархію: зовнішні межі та межі внутрішніх отворів.	Аналіз клітин з великими вакуолями або включеннями, які сприймаються як «отвори».
RETR_TREE	Повністю реконструює дерево вкладеності всіх контурів.	Комплексний аналіз тканин, де важливо розуміти, які структури знаходяться всередині інших.

Для гістопатологічного аналізу раку грудної залози найчастіше використовується режим RETR_EXTERNAL, оскільки він дозволяє ідентифікувати кожне ядро клітини як окремий макрооб'єкт аналізу, не перевантажуючи обчислювальну систему аналізом внутрішньоядерних текстурних елементів, які можуть бути сегментовані як окремі дрібні контури.

Ще одним аспектом є метод апроксимації контурів. Використання CHAIN_APPROX_NONE зберігає всі точки контуру, що забезпечує максимальну точність для подальшого аналізу форми, але вимагає значних обсягів пам'яті. Метод CHAIN_APPROX_SIMPLE стискає горизонтальні, вертикальні та діагональні сегменти, залишаючи лише їхні кінцеві точки. Це значно економить пам'ять без втрати геометричної інформації про прямолінійні або плавні ділянки кордонів.

Середня інтенсивність клітин є ключовим показником для визначення позитивності зразка при ІГХ-дослідженні. У цифрових зображеннях інтенсивність зазвичай представлена в діапазоні від 0 (чорний колір) до 255 (білий колір) для кожного каналу. Нижче наведено формалізований опис.

Нехай задано цифрове зображення $I \in \mathbb{R}^{H \times W}$, де H – висота зображення у пікселях, W – ширина зображення у пікселях, $I(x, y)$ – інтенсивність пікселя в точці з координатами (x, y) .

Для виділення області інтересу використовується бінарна маска

$$M \in \{0,1\}^{H \times W}, \quad (3.5)$$

де H – висота зображення у пікселях,

W – ширина зображення у пікселях.

Середня інтенсивність пікселів усередині об'єкта визначається як:

$$\bar{I} = \frac{\sum_{x=1}^W \sum_{y=1}^H I(x,y) \cdot M(x,y)}{\sum_{x=1}^W \sum_{y=1}^H M(x,y)}, \quad (3.6)$$

де \bar{I} – середня інтенсивність пікселів об'єкта,

$I(x, y)$ – значення інтенсивності зображення в точці (x, y) ,

$M(x, y)$ – бінарна маска, що визначає належність пікселя до об'єкта,

$\sum I(x, y) \cdot M(x, y)$ – сумарна інтенсивність пікселів, що входять до області об'єкта,

$\sum M(x, y)$ – кількість пікселів, що належать об'єкту.

Середня інтенсивність окремої клітини. Нехай після сегментації отримано множину окремих клітин:

$$C = \{C_1, C_2, \dots, C_N\}, \quad (3.7)$$

де N – кількість сегментованих клітин, а кожна клітина C_i описується власною бінарною маскою:

$$M_i(x, y) \in \{0,1\}. \quad (3.8)$$

Середня інтенсивність забарвлення i -тої клітини визначається як:

$$\bar{I}_i = \frac{\sum_{x=1}^W \sum_{y=1}^H I(x,y) \cdot M_i(x,y)}{\sum_{x=1}^W \sum_{y=1}^H M_i(x,y)}, \quad (3.9)$$

де $I(x, y)$ – інтенсивність пікселя оригінального зображення у відтінках сірого,

$M_i(x, y)$ – бінарна маска i -тої клітини.

Визначення позитивності клітини. Для класифікації клітини як позитивної або негативної вводиться порогове значення інтенсивності T_p .

Клітина вважається позитивною, якщо $\bar{I}_i < T_p$, оскільки в цифрових гістологічних зображеннях менші значення інтенсивності відповідають темнішому, більш вираженому забарвленню.

Базуючись на медичних публікаціях [125], де «сильне» забарвлення відповідає інтенсивності 0-60, а «помірне» – 61-120, був встановлений поріг $T_p = 140$, що дозволяє відфільтрувати клітини зі слабким або відсутнім забарвленням.

Обчислення середньої інтенсивності позитивних клітин. Нехай множина позитивних клітин має вигляд: $C^+ = \{C_i \in C \mid \bar{I}_i < T_p\}$, а її потужність дорівнює N^+ .

Середня інтенсивність позитивних клітин визначається як: $Y = \frac{1}{N^+} \sum_{C_i \in C^+} \bar{I}_i$.

Визначення коефіцієнта інтенсивності. Згідно з підходом, описаним у роботі [126], коефіцієнт інтенсивності KI визначається на основі значення Y :

$$KI = \begin{cases} 3, & 0 \leq Y \leq 15, \\ 2, & 16 \leq Y \leq 30, \\ 1, & Y > 30. \end{cases} \quad (3.10)$$

Таким чином, поріг T_p визначає факт наявності забарвлення, тоді як коефіцієнт KI кількісно характеризує ступінь його вираженості.

Відсоток позитивних клітин. Відсоток позитивних клітин визначається як:

$$P = \frac{N^+}{N} \cdot 100\%. \quad (3.11)$$

Отримане значення P разом із коефіцієнтом інтенсивності KI використовується для формування фінального діагностичного висновку відповідно до критеріїв настанов МОЗ України [55].

3.6 Алгоритм автоматичного діагностування підтипів раку на основі продукційної моделі знань

Відповідно до рис. 3.1, фінальними етапами є формування продукційних правил, проєктування фрагменту експертної системи та алгоритму автоматичного діагностування підтипів раку.

Алгоритм автоматичного діагностування базується на послідовному виконанні кроків, кожен з яких додає рівень абстракції до даних. Діаграма діяльності розробленого алгоритму наведена на рис. 3.6 та включає шість основних кроків [7]:

- 1) Завантаження зображень (оригінал та маска). На цьому етапі завантажується оригінальне кольорове зображення та відповідна бінарна маска сегментації, отримана за допомогою U-Net.
- 2) Знаходження контурів. Використовується алгоритм Сузукі-Абе (`cv.findContours`) з режимом `RETR_EXTERNAL` та метод апроксимації `cv.CHAIN_APPROX_SIMPLE`. Це дозволяє отримати список усіх окремих мікрооб'єктів, представлених на зображенні, як незалежних одиниць аналізу.
- 3) Візуалізація контурів. Накладання знайдених контурів на оригінальне зображення дозволяє досліднику візуально оцінити якість сегментації та локалізації об'єктів перед проведенням розрахунків.
- 4) Обчислення середньої інтенсивності. Для кожного контуру індивідуально розраховується середня інтенсивність пікселів за описаним вище методом маскування. Це дозволяє отримати

розподіл рівнів експресії білка (наприклад, HER2 або рецепторів естрогену) по всій популяції клітин.

- 5) Обчислення відсотку позитивних клітин. На основі отриманих значень інтенсивності застосовується порогова фільтрація. Клітини, інтенсивність яких перевищує встановлений діагностичний поріг, класифікуються як позитивні.
- 6) Визначення діагнозу. Визначення діагнозу відбувається на основі правил та характеристик із клінічної настанови МОЗ України [55].

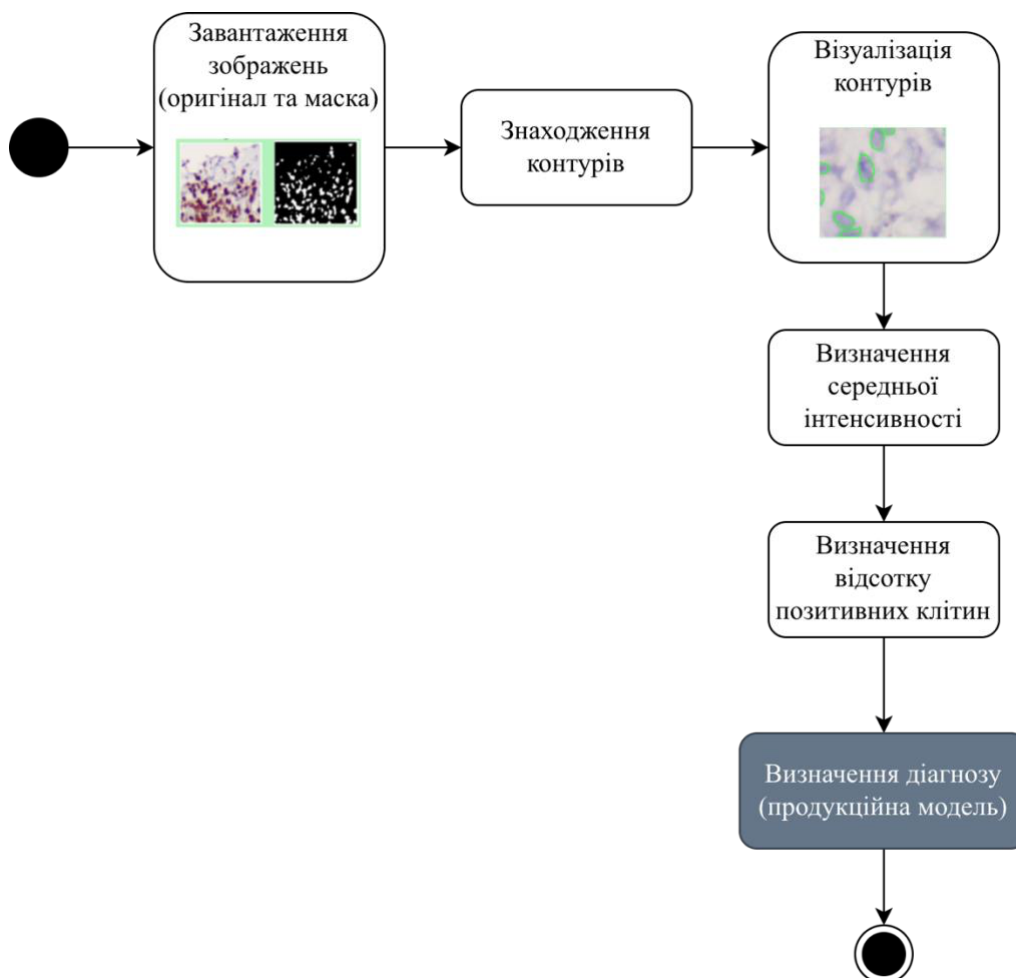


Рис. 3.6. Діаграма діяльності алгоритму автоматичного діагностування на основі кількісних характеристик та продукційної моделі знань

Клініко-патологічну сурогатну класифікацію підтипу раку грудної залози визначають на основі результатів імуногістохімічного дослідження для чотирьох основних біомаркерів: ER (естроген), PgR (прогестерон), HER2 (онкопротеїн), Ki67 (індекс проліферації).

Формалізована база продукційних правил, на основі якої ставиться діагноз, приведена у таблиці 3.4.

Варто зазначити, що для підвищення значущості результатів у міжнародному контексті, формалізована база продукційних правил також ґрунтується і на міжнародних рекомендаціях, зокрема Консенсусі Європейського товариства медичної онкології (ESMO) [127].

Таблиця 3.4

Формалізована база продукційних правил

Правило	ЯКЦО	ТО
ПРАВИЛО -01	ER позитивний ($\geq 1\%$) І HER2 негативний ($\leq 10\%$ фарбування) І PgR високій ($\geq 20\%$) І Ki67 низький ($< 10\%$)	Люмінальний А-подібний
ПРАВИЛО -02	ER позитивний ($\geq 1\%$) І HER2 негативний ($\leq 10\%$ фарбування) І (PgR низький ($< 20\%$) АБО Ki67 високий ($\geq 30\%$))	Люмінальний В-подібний (HER2–негативний)
ПРАВИЛО -03	ER позитивний ($\geq 1\%$) І HER2 позитивний ($> 10\%$ фарбування)	Люмінальний В-подібний (HER2–позитивний)
ПРАВИЛО -04	HER2 позитивний ($> 10\%$ фарбування) І ER негативний ($< 1\%$) І PgR негативний ($< 1\%$)	HER2–позитивний (нелюмінальний)
ПРАВИЛО -05	ER негативний ($< 1\%$) І PgR негативний ($< 1\%$) І HER2 негативний ($\leq 10\%$ фарбування)	Базальноподібний (тричі негативний)

Логіка функціонування компонентів експертної системи для задачі визначення підтипу раку грудної залози відбувається за циклічним процесом «зіставлення зразків». На початку, початкові клінічні дані пацієнта (статус ER, PgR, HER2 та Ki67) завантажуються в робочу пам'ять. Далі, інтерпретатор системи починає свій цикл:

1. Вибір образу: інтерпретатор фокусується на даних, що знаходяться в робочій пам'яті.
2. Зіставлення: він переглядає всю базу правил (ПРАВИЛО-01...ПРАВИЛО-05) і зіставляє передумови кожного правила з даними в робочій пам'яті. Це призводить до формування так званої «множини конфлікту» – списку всіх правил, чії передумови задоволені поточними даними.
3. Вирішення конфлікту: з урахуванням ієрархічної природи класифікації, цей крок є критично важливим. Наприклад, для пухлини з позитивними ER та HER2 можуть одночасно спрацювати два правила: одне, що шукає лише позитивний HER2 (і могло б призвести до HER2-позитивний (нелюмінальний)), та інше, що шукає позитивні ER і HER2 (що призведе до Люмінальний В-подібний). Щоб уникнути помилкової класифікації, механізм виведення повинен мати чітку стратегію. Найбільш логічною є стратегія «найдовшого збігу», яка пріоритезує правила з найбільшою кількістю задоволених умов. Це гарантує, що система обере найбільш специфічне та точне правило, яке відповідає логіці діаграми.
4. Виконання правила: після вирішення конфлікту, система виконує обране правило, що призводить до додавання нового факту – визначеного підтипу раку – до робочої пам'яті. Якщо знайдено лише один відповідний підтип, процес завершується.

Цей механізм забезпечує послідовне та логічно коректне виведення, дозволяючи системі пройти шлях від сирих клінічних даних до остаточного діагностичного висновку.

Структура фрагменту експертної системи на основі продукційної моделі відображена на рис. 3.7.

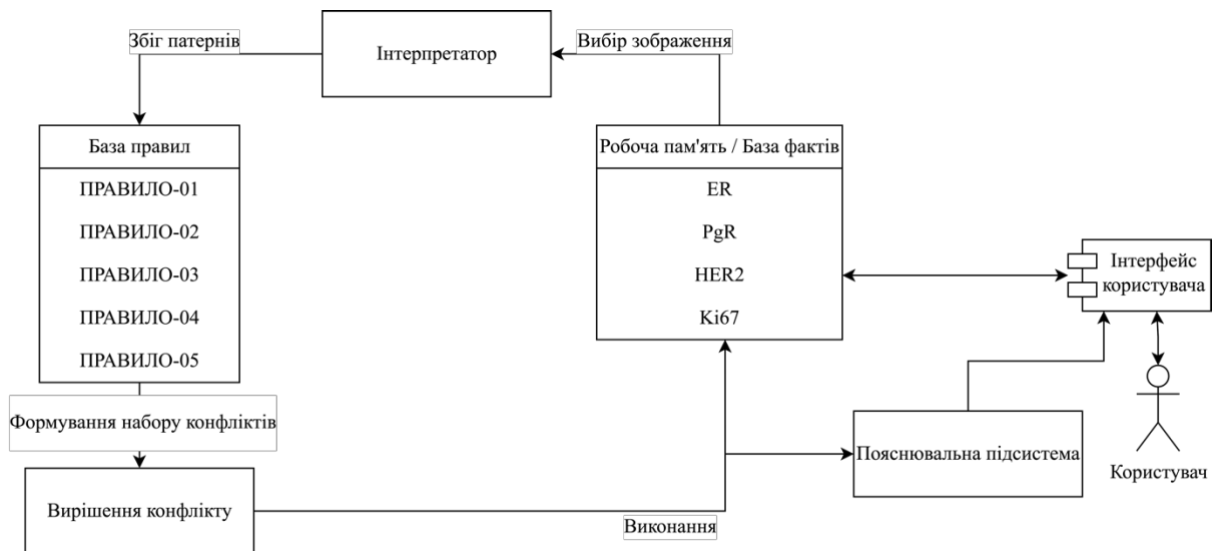


Рис. 3.7. Структура фрагменту експертної системи

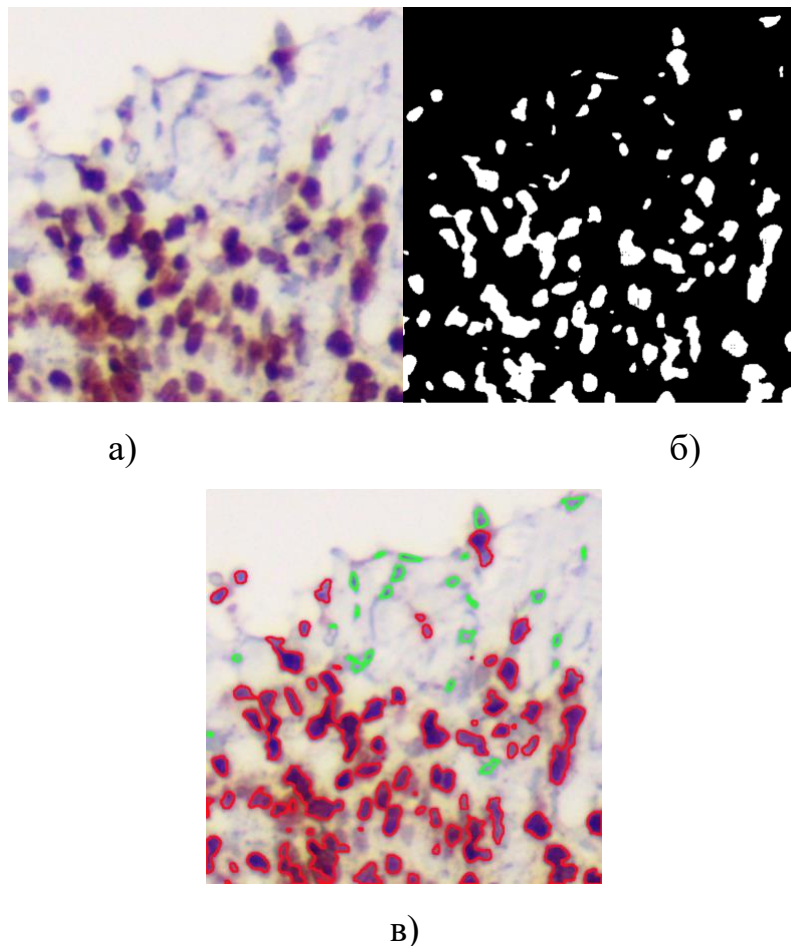
У клінічній настанові [55] сказано, що показники Ki67 слід інтерпретувати в розрізі місцевих лабораторних значень: наприклад, якщо лабораторія має середній бал Ki67 при рецепторно-позитивному захворюванні 20%, значення 30% або вище можна вважати явно високими; 10% або менше явно низькими.

Між «тричі негативним» і внутрішнім «базальним» підтипами існує приблизно 80% співпадіння, але «тричі негативний» також включає деякі спеціальні гістологічні типи, такі як карцинома з багатою лімфоцитарною стромою (попередня назва медулярна), аденоїднокістозна карцинома секреторна карцинома та метастатична карцинома із низьким ступенем злоякісності та [55].

Одному гістопатологічному зображенню відповідають чотири імуногістохімічних. Тому, потрібно проаналізувати чотири зображення – по одному на кожен біомаркер для визначення підтипу раку грудної залози.

Для кожного зображення розраховуються два ключові показники: середня інтенсивність кожної клітини (див. формулу 3.7) та відсоток позитивних клітин (див. формулу 3.11).

Приклад одного проаналізованого зображення приведено на рис. 3.8. На основі визначення середньої інтенсивності забарвлення червоним кольором обведені позитивні клітини, а зеленим – негативні.



а) оригінальне; б) сегментована маска; в) візуалізація контурів, накладених на оригінальне зображення.

Рис. 3.8. Приклад проаналізованого зображення

Фрагмент UML-діаграми класів для аналізу біомедичних зображень раку грудної залози наведено на рис. 3.9.

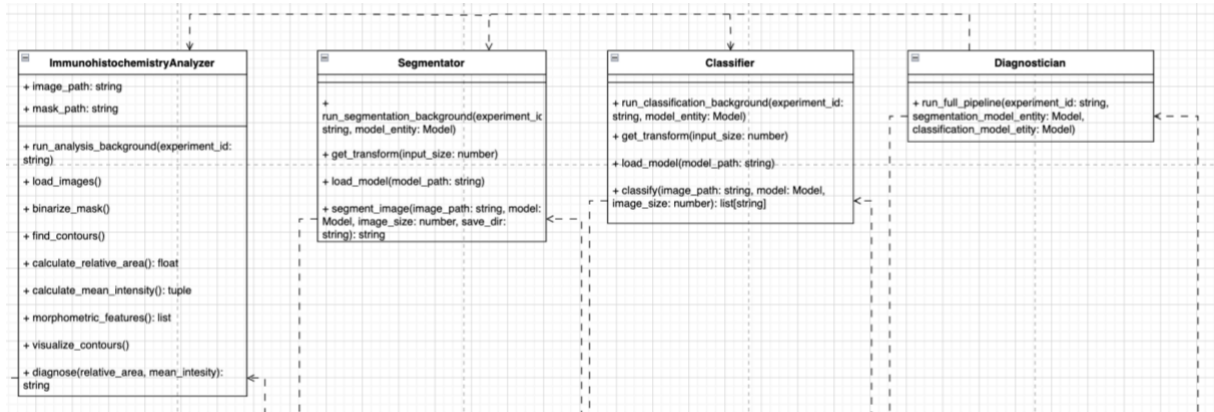


Рис. 3.9. Фрагмент UML-діаграми класів для аналізу біомедичних зображень раку грудної залози

Цілісний варіант UML-діаграми представлено у додатку Б.

Висновки до розділу 3

У третьому розділі проведено розробку та дослідження методу аналізу імуногістохімічних зображень, що став алгоритмічною основою для проектування модуля ідентифікації підтипів раку в системі BRECCAD. Основні результати розділу такі:

1. Розроблено метод аналізу імуногістохімічних зображень для діагностування підтипів раку, який базується на вдосконаленій архітектурі Attention U-Net та продукційної моделі знань. Це дозволило автоматизувати складний процес інтерпретації ІГХ-зображень, забезпечивши точну локалізацію клітинних структур та їх діагностичну оцінку.
2. Удосконалено архітектуру нейронної мережі U-Net шляхом модифікації її структури через збільшення глибини мережі та

зменшення розміру базового фільтра. Застосування еволюційного підходу (генетичного алгоритму) до оптимізації топології мережі дозволило підвищити точність сегментації (показник Dice Coefficient) до 0,74, що є критичним для коректного обчислення біомаркерів.

3. Спроековано та реалізовано продукційну модель знань, яка формалізує настанови МОЗ України у вигляді продукційних правил. Це дозволило автоматизувати постановку фінального діагнозу та забезпечити високу інтерпретованість рішень системи, де кожен висновок прямо корелює з діючими клінічними протоколами.

РОЗДІЛ 4. ПРОЄКТУВАННЯ ТА РЕАЛІЗАЦІЯ ПРОГРАМНОЇ СИСТЕМИ АВТОМАТИЧНОГО ДІАГНОСТУВАННЯ РАКУ ГРУДНОЇ ЗАЛОЗИ

У розділі розроблено архітектуру системи автоматичного діагностування, проведено опис її модулів та бази даних біомедичних зображень. Проведено тестування системи автоматичного діагностування.

Результати розділу опубліковано у працях автора [4, 7, 8, 17, 21]. Авторське право на твір приведено в роботі [22].

Як показує детальний аналіз досліджень [128, 129], САD-системи демонструють широкий спектр можливостей: від комп'ютерної діагностики та індивідуального прогнозу до функціональної оцінки та сегментації радіологічних структур. Приклади їх успішного застосування включають оцінку кількісного вмісту колагену та щільності кровоносних судин [130], виявлення вузликів у легенях [60], а також диференціацію атероматозних бляшок сонних артерій та діагностику вогнищевих уражень печінки [131]. Деякі системи вже довели свою здатність покращувати чутливість виявлення раку, як у випадку ImageChecker для мамографії [132].

Особлива увага приділяється застосуванню САD у діагностиці раку грудної залози. Пропонуються рішення на основі мереж глибоких переконань для автоматичного розпізнавання нормальних, доброякісних або злоякісних ділянок [133], а також інтегровані медичні системи візуалізації та аналізу з використанням цифрової обробки зображень та методів штучного інтелекту [134]. Важливо, що новітні розробки, такі як ті, що використовують методи глибокого навчання та ХАІ для аналізу ультразвукових зображень [62], свідчать про постійний прогрес у цій галузі.

Незважаючи на значні досягнення, деякі дослідження, зокрема щодо комерційних САD для оцінки скринінгової мамографії [135], вказують на необхідність подальшого вдосконалення архітектур для зменшення хибних

оцінок. Це підкреслює важливість безперервних досліджень і розробок.

З огляду на клінічні аспекти раку грудної залози, фактори ризику, аномалії [136], а також наявні проблеми із застосуванням згорткових нейронних мереж для медичних зображень, стає очевидним, що розробка комплексної системи автоматичного діагностування раку грудної залози є надзвичайно актуальним завданням. Така система має потенціал значно покращити раннє виявлення, підвищити точність діагнозу та, як наслідок, сприяти більш ефективному лікуванню та кращим результатам для пацієнтів.

4.1 Архітектура системи автоматичного діагностування

За Робертом Мартіном [137], архітектура програмної системи – це форма, яку надають цій системі ті, хто її створює. Ця форма полягає в поділі системи на компоненти, розташуванні цих компонентів і способах, якими ці компоненти взаємодіють один з одним. Мета цієї форми – полегшити розробку, розгортання, експлуатацію та підтримку програмної системи, що міститься в ній.

Основна мета архітектури – підтримувати життєвий цикл системи.

Збалансована архітектура робить систему легкою для розуміння, легкою в розробці, легкою в обслуговуванні та легкою в розгортанні. Кінцева мета – мінімізувати вартість життєвого циклу системи та максимізувати продуктивність програміста.

Архітектура розробленої програмної системи базується на основі клієнт-серверної технології, що відображена на рис. 4.1.

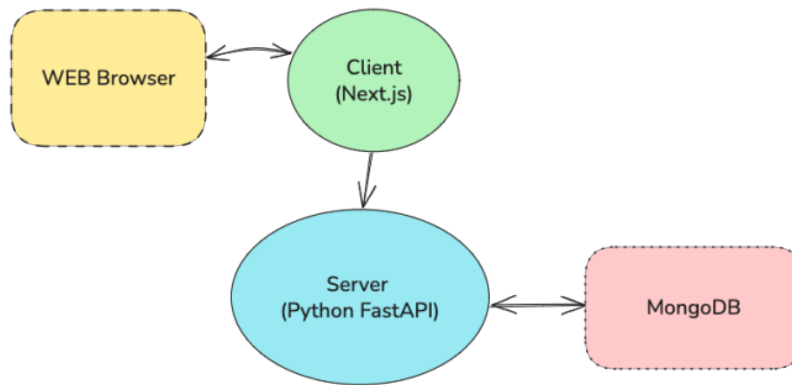


Рис. 4.1. Клієнт-серверна архітектура системи

- WEB Browser (браузер) являє собою користувача, який взаємодіє із системою через вебінтерфейс. Браузер надсилає запити до та отримує відповіді від клієнтської частини системи.

- Client – це інтерфейс, з яким взаємодіє користувач системи через браузер. Він приймає вхідні дані від користувача та відправляє запити до серверної частини системи. Отримані відповіді транслює назад до користувача через браузер.

- Server являє собою інтерфейс, який обробляє запити надіслані з клієнтської частини, виконує всю бізнес-логіку системи, взаємодіє із базою даних і відправляє відповіді клієнту.

- MongoDB – це документно-орієнтована система управління базами даних, що зберігає всі дані програмної системи. Ця СУБД не потребує опису схеми таблиць та підтримує зберігання документів у JSON-подібному форматі. СУБД оптимізована для великої кількості операцій читання та запису.

Деталізована архітектура наведена на рис. 4.2.

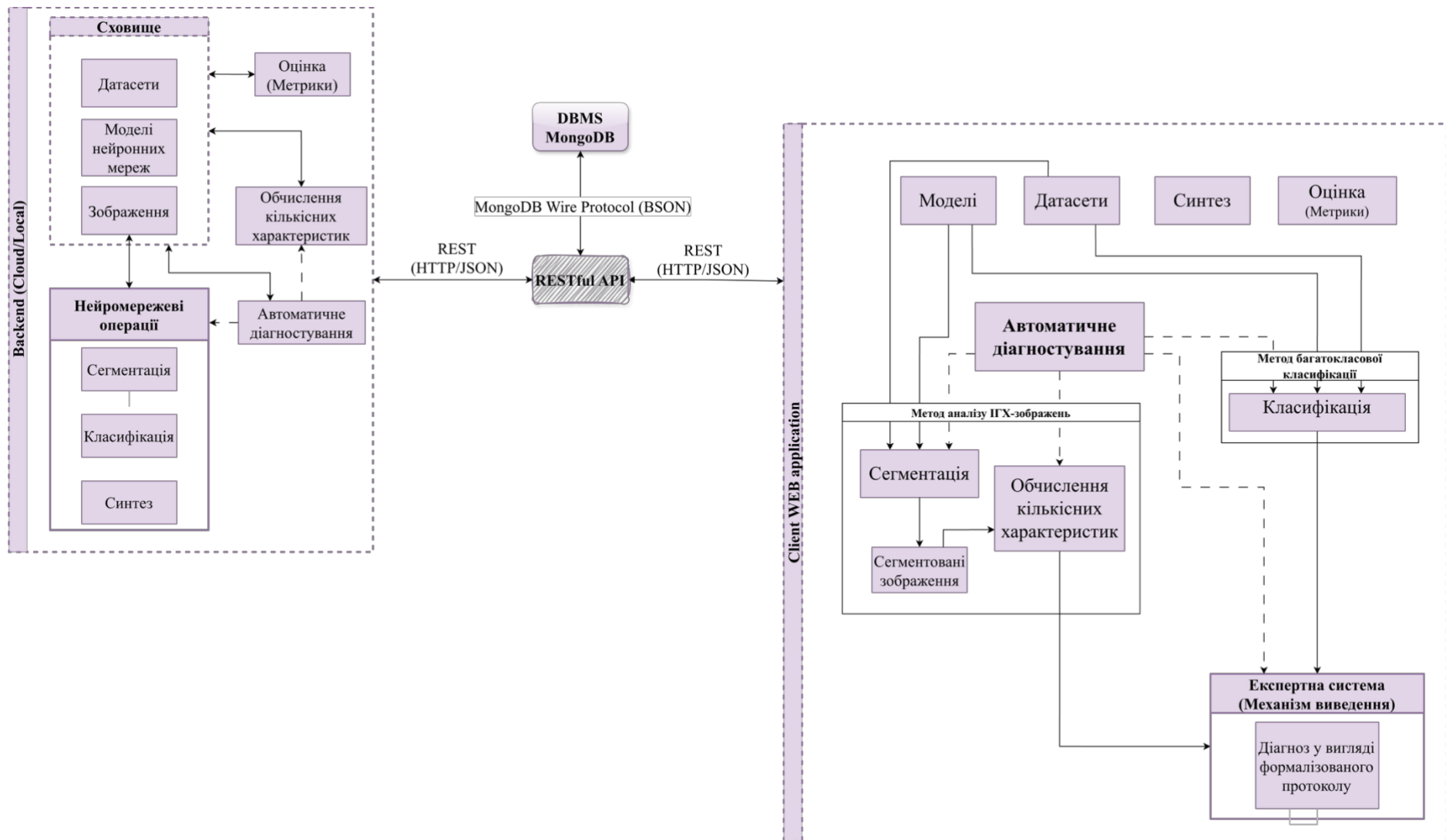


Рис. 4.2. Деталізована архітектура системи

Всі важкі операції, що потребують використання нейронних мереж, винесені у хмарну інфраструктуру, оскільки там є можливість балансування апаратних ресурсів відповідно до навантаження. Крім того, хмарна інфраструктура містить сховище, де зберігаються створені користувачем набори даних, моделі нейронних мереж та результуючі зображення досліджень. Запропонована архітектура програмної системи також дозволяє розгортати її у локальному середовищі.

Система побудована на основі принципу єдиної відповідальності (SRP), що є першим із принципів SOLID [138] та орієнтована на ефективну взаємодію з користувачем у реальному часі.

Згідно із SRP, модуль повинен відповідати за одного і тільки за одного актора. Актором є група, яка складається з однієї чи кількох осіб, які зацікавлені у змінах модуля.

Найпростіше визначення модуля говорить нам, що це файл з вихідним кодом. У більшості випадків це визначення можна прийняти. Однак деякі мови середовища розробки не використовують вихідні файли для зберігання коду. У таких випадках модуль – це просто зв'язний набір функцій і структур даних. Під поняттям «зв'язний» мається на увазі принцип єдиної відповідальності. Зв'язність – це сила, яка пов'язує код, відповідальний за єдиного актора.

Проектування архітектури системи базується на принципах модульності та чіткого розподілу відповідальності. Взаємодія між сервером та клієнтським додатком реалізована через REST API з використанням формату JSON.

Особливістю реалізації є використання MongoDB як документоорієнтованої СУБД, де обмін даними відбувається за протоколом BSON, що забезпечує високу продуктивність при роботі з комплексними структурами діагностичних даних.

Центральний вузол – Автоматичне діагностування (оркестратор) та

Експертна система (Механізм виведення) – інтегрує результати модуля класифікації, сегментації та обчислення кількісних характеристик, виконуючи логічне виведення згідно з формалізованими клінічними правилами (див. табл. 3.4).

Розроблена архітектура програмної системи автоматичного діагностування раку грудної залози вирізняється розподілом обчислювального та інтерактивного доменів, що забезпечує незалежне масштабування ресурсомістких нейромережових операцій та бізнес-логіки користувацької взаємодії. Система реалізує єдиний API, який абстрагує місце виконання обчислень і дозволяє однаково запускати модулі як у локальному середовищі, так і в хмарній інфраструктурі без зміни клієнтської логіки. Побудовано централізоване сховище, що об'єднує набори даних, моделі, вхідні та результуючі зображення, що формує цілісний життєвий цикл медичних даних і підтримує відтворюваність обчислювальних процесів. Архітектура системи базується на асинхронному виконанні діагностичних процедур, у межах якого сегментація із обчисленням характеристичних значень та класифікація можуть комбінуватися у довільні обчислювальні конвеєри. Сукупність зазначених рішень забезпечує гнучкість, масштабованість та практичну придатність системи для реального клінічного застосування та впровадження в середовищі програмних компаній.

На відміну від комерційних систем з жорстко детермінованою монолітною структурою, розроблена система BRECCAD базується на принципах модульного моноліту. Це архітектурне рішення дозволяє поєднати високу продуктивність (за рахунок відсутності мережових затримок між модулями) із гнучкістю розробки. Кожен функціональний блок (сегментація, класифікація, оркестрація) спроектований як ізольований програмний компонент із чітко визначеним інтерфейсом. Це усуває бар'єри для модульного тестування та дозволяє здійснювати незалежне оновлення

алгоритмів, що вирішує проблему низької інженерної гнучкості, притаманну існуючим закритим CAD-рішенням.

4.1.1 Проєктування та реалізація бази даних

Для реалізації та проєктування бази даних було обрано СУБД MongoDB, що належить до класу нереляційних документно-орієнтованих СУБД (NoSQL). MongoDB забезпечує високу масштабованість і продуктивність при роботі з великими обсягами даних, зберігаючи інформацію у форматі, сумісному із JSON. Ця СУБД підтримує гнучку мову формування запитів, створення індексів для оптимізації доступу до атрибутів, а також механізми реплікації, шардінгу та побудови відмовостійких конфігурацій. Застосування MongoDB дає змогу реалізувати розподілене зберігання даних і забезпечити високу доступність системи, що відповідає вимогам до надійності та масштабованості сучасних програмних систем.

ER-діаграма, що відображає модель предметної області та взаємозв'язки між основними сутностями системи, наведена на рис 4.3.

Кожна сутність містить посилання на користувача-створювача через атрибут *created_by* та на організацію, з якою цей користувач асоційований, через атрибут *organization*. Така модель забезпечує узгодженість даних між модулями системи та підтримує концепцію мультиорганізаційності програмного рішення.

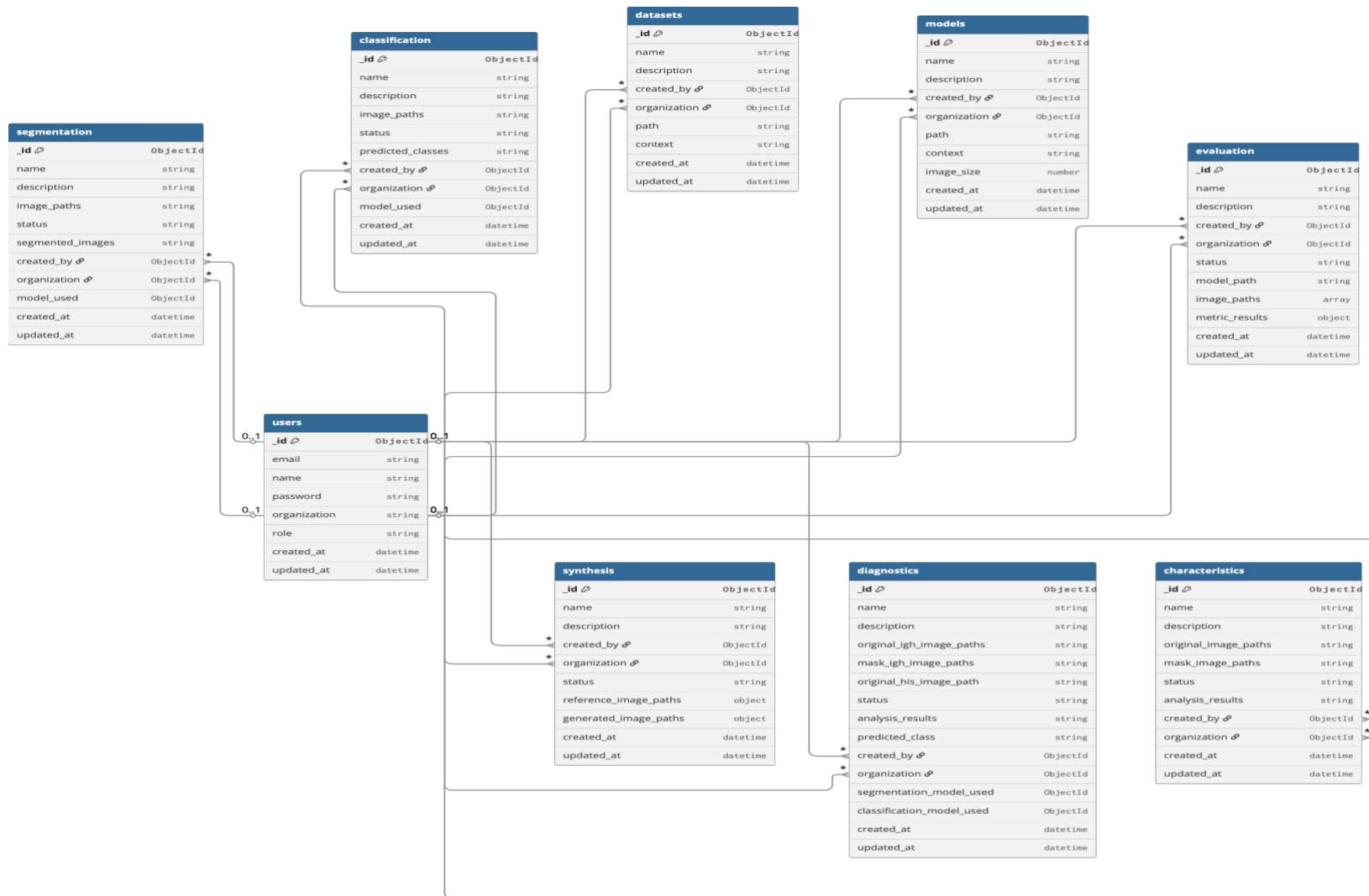


Рис. 4.3. ER-діаграма бази даних

4.1.2 Архітектурна реалізація та механізм логічного виведення модуля автоматичного діагностування

Узагальнена архітектура модуля автоматичного діагностування наведена на рис. 4.4. Ключовою особливістю архітектури є впровадження централізованого модуля-оркестратора, який реалізує управління наскрізним процесом обробки даних (Pipeline) та забезпечує принцип слабкої зв'язності між компонентами системи.

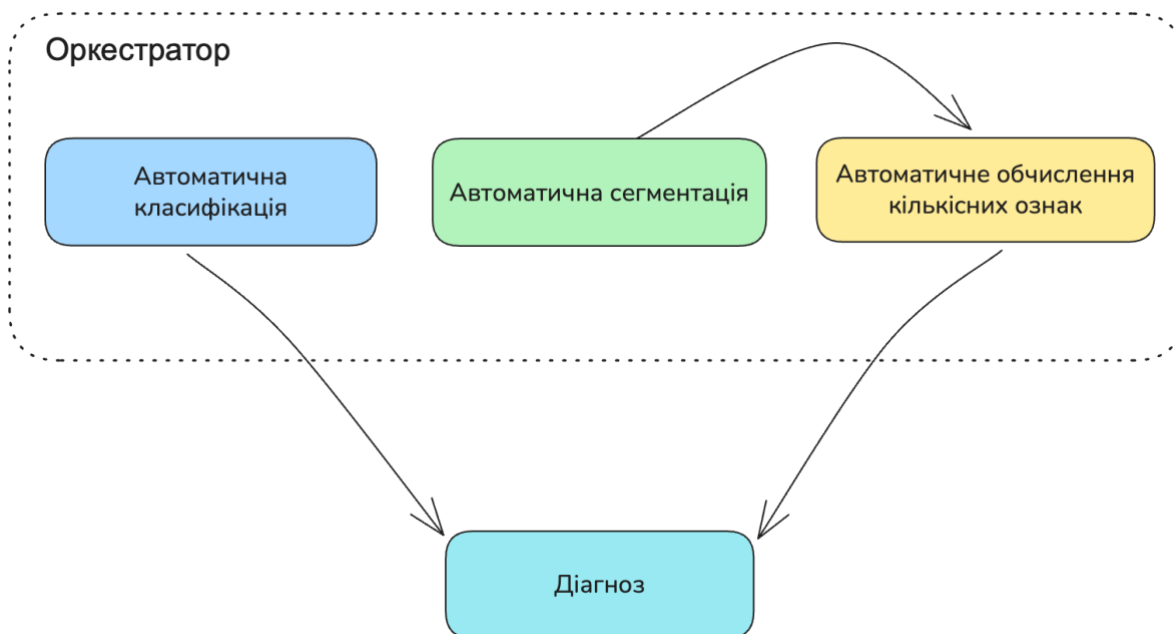


Рис. 4.4. Узагальнена архітектура модуля автоматичного діагностування раку грудної залози

Функціонування модуля базується на виконанні етапів:

1. *Диспетчеризація та формування Pipeline*: Модуль-оркестратор приймає вхідні цифрові дані (гістологічні та ІГХ зображення) та ініціює відповідні обчислювальні маршрути. На цьому етапі оркестратор виконує попередню валідацію даних, що закладає основу для відмовостійкого проектування.

2. *Паралельний аналіз*: Під управлінням оркестратора виконується паралельна обробка даних двома незалежними гілками:

- *Гілка сегментації (ІГХ-зображення)*: Застосування архітектури U-Net для локалізації ядер клітин та зон експресії. Отримані маски сегментації використовуються для алгоритмічної екстракції кількісних характеристик.
- *Гілка класифікації (Гістологічні зображення)*: Використання CNN для ідентифікації морфологічного типу пухлини (результати розділу 2).

3. *Логічний висновок та верифікація*: Оркестратор агрегує результати обох гілок та передає результати до модуля обчислення кількісних характеристик. Тут, на основі продукційної моделі знань, сформованої згідно з настановами МОЗ України, виконується фінальна інтерпретація та генерація формалізованого звіту.

На відміну від класичних САД-систем, у яких архітектура є похідною від окремих алгоритмічних компонентів, у розробленій програмній системі імплементовано централізований автоматичний модуль-оркестратор, архітектура якого визначає логіку прийняття клінічного рішення, а не лише порядок виконання обчислювальних процедур.

1. *Централізований діагностичний оркестратор*. Центральний модуль автоматичного діагностування виступає архітектурним оркестратором, що координує виконання модулів сегментації, обчислення кількісних характеристик та класифікації, а також відповідає за агрегацію результатів у єдиному робочому просторі. Таким чином, архітектура системи формує цілісну логіку діагностування, забезпечуючи узгодженість результатів різних методів аналізу.

2. *Архітектурна підтримка невизначених станів*. Розроблена архітектура передбачає явну обробку межових та невизначених станів, пов'язаних із результатами обчислення кількісних характеристик на основі

сегментованих зображень. У разі виявлення недостатньої впевненості або суперечливості даних система переходить у безпечний стан з присвоєнням статусу «Невизначено», що підвищує надійність програмного забезпечення та відповідає вимогам до критично важливих для безпеки медичних систем.

3. *Відокремлення клінічних знань від обчислювального ядра.* Формалізовані клінічні правила МОЗ України реалізовані у вигляді незалежної бази знань, що не пов'язана жорстко з реалізацією нейромережевих моделей. Таке архітектурне рішення забезпечує супроводжуваність системи та можливість оновлення діагностичних правил без модифікації обчислювальних компонентів.

4. *Багаторівнева модульна діагностика.* Архітектура реалізує багаторівневий підхід до автоматичного діагностування, який охоплює піксельний, об'єктний, зображувальний та клінічний рівні інтерпретації. Кожен рівень формує окремий рівень прийняття рішення, що дозволяє поєднати низькорівневі візуальні ознаки з високорівневою клінічною інтерпретацією результатів.

Діаграма послідовності процесу автоматичного діагностування в архітектурі модуля-оркестратора наведена на рис. 4.5

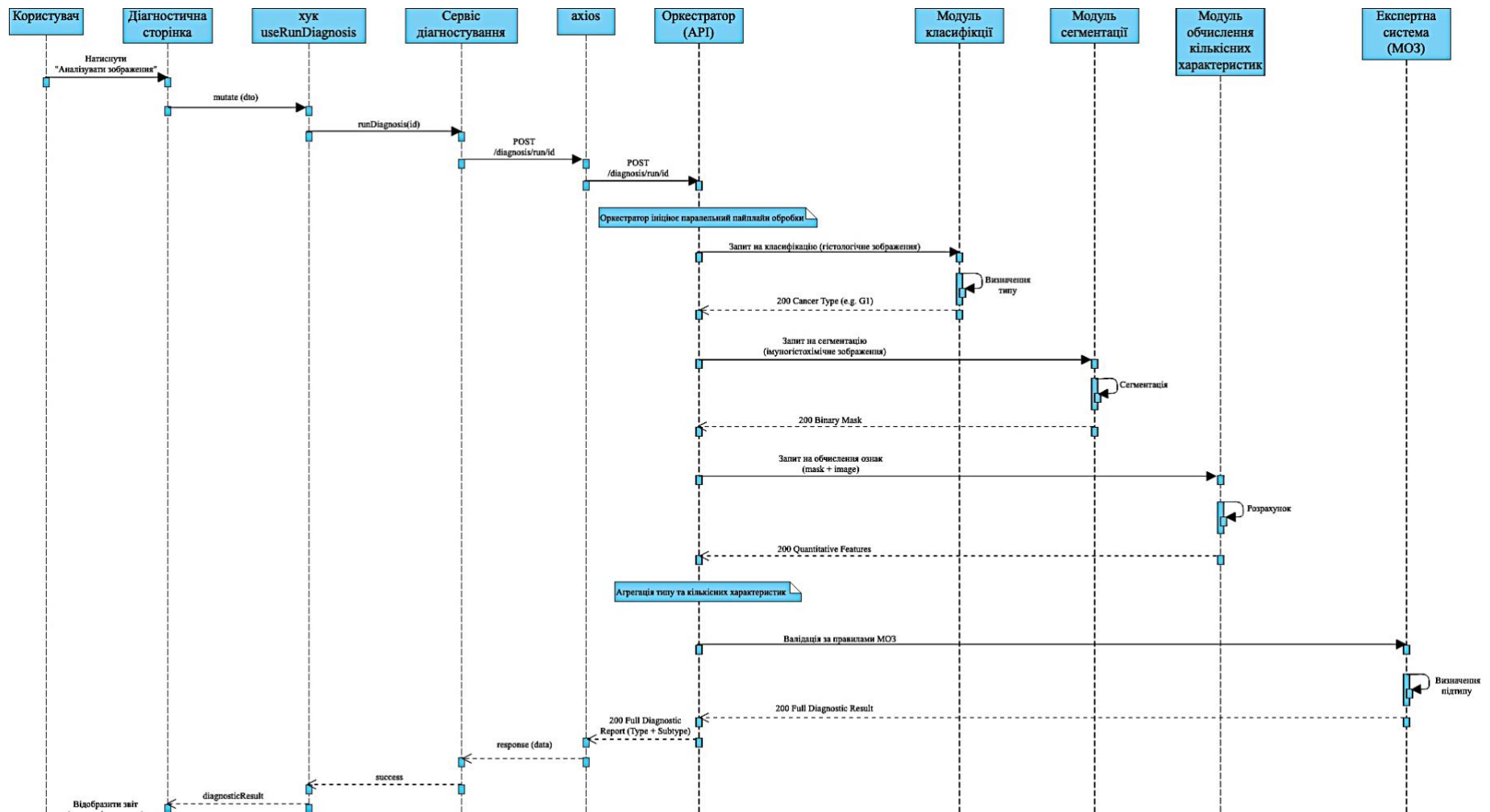


Рис. 4.5. Діаграма послідовності модуля автоматичного діагностування (модуля-оркестратора)

Як видно з наведеної діаграми (рис. 4.5), модуль-оркестратор виконує роль сполучної ланки, що агрегує виходи нейромережових моделей та передає їх до фрагменту експертної системи. Це підтверджує можливість незалежного масштабування обчислювальних модулів та гнучкого оновлення діагностичних правил без зміни загальної структури програмного комплексу.

Наукова новизна такого підходу полягає у синергії глибокого навчання та продукційної моделі діагностичних знань. Завдяки відокремленню бази клінічних знань від обчислювального ядра (нейронних мереж), система отримує можливість незалежного оновлення діагностичних правил без перепроєктування або перенавчання всієї моделі.

Використання модуля-оркестратора дозволяє ефективно обробляти невизначені стани та забезпечує високу адаптивність САД-системи до змін у медичних протоколах. Це трансформує систему з «чорної скриньки» у прозорий інструмент з високим рівнем інтерпретованості результатів, що є критичним для сертифікації медичного програмного забезпечення.

4.2 Програмна реалізація системи автоматичного діагностування

Відповідно до спроектованої архітектури програмної системи (див. рис. 4.2) її реалізовано у вигляді набору функціонально ізольованих модулів. Кожен модуль виконує свою функцію, що відповідає принципу єдиної відповідальності, який є складовою SOLID-принципів. Таке рішення забезпечує високу модульність, тестованість та масштабованість програмного продукту.

Реалізація системи передбачає поділ на клієнтську та серверну частини, які взаємодіють через стандартизований інтерфейс прикладного програмування (REST API). Такий підхід сприяє чіткому розмежуванню відповідальностей між рівнями представлення, бізнес-логіки та доступу до

даних, що відповідає багаторівневій архітектурній моделі.

Розглянемо детальніше клієнтську та серверну частини.

Client. Ця частина відповідає за інтерактивну взаємодію користувача із програмною системою автоматичного діагностування. Вона реалізує інтерфейс користувача (UI), який забезпечує зручну роботу із CRUD функціями: створення, отримання, редагування та видалення сутностей у відповідності до визначених функціональних вимог.

Для авторизованого користувача передбачено доступ до персоналізованого інтерфейсу, що відображає поточні дані та дозволяє виконувати операції відповідно до ролі й рівня доступу.

Приклад головної сторінки для авторизованого користувача наведено на рис. 4.6.



Рис. 4.6. Головна сторінка авторизованого користувача

Для реалізації клієнтської частини програмної системи використано мову програмування TypeScript в поєднанні із фреймворком Next.js, який забезпечує серверний рендеринг, маршрутизацію та оптимізацію продуктивності вебдодатків. Такий вибір технологій обумовлений їхньою підтримкою компонентно-орієнтованої архітектури та уніфікованого підходу до розроблення UI-рішень, що підвищує масштабованість і підтримуваність коду.

Для створення інтерфейсу користувача застосовано бібліотеку Mantine UI, яка надає набір готових, адаптивних та стилізованих компонентів, розроблених згідно з принципами дизайн-системи. Це дало змогу забезпечити єдину візуальну ідентичність інтерфейсу та скоротити витрати часу на розроблення графічних елементів.

Взаємодію між клієнтською та серверною частинами реалізовано за допомогою бібліотеки Axios, що підтримує асинхронну обробку HTTP-запитів, обробку помилок і централізоване керування токенами автентифікації. Такий підхід забезпечує інкапсуляцію мережевої логіки й підвищує надійність клієнт-серверної комунікації.

Server. Серверну частину реалізовано на базі фреймворку FastAPI. FastAPI – це сучасний, швидкий та високопродуктивний вебфреймворк для створення API за допомогою Python.

Основними перевагами FastAPI є висока швидкодія, асинхронна архітектура та автоматична генерація документації API на основі специфікації OpenAPI.

FastAPI базується на стандартних анотаціях типів Python та використовує бібліотеки Starlette (для веброботи) та Pydantic (для валідації даних). Це дозволяє йому досягати дуже високої продуктивності, порівняно з NodeJS та Go, і робить його одним із найшвидших Python-фреймворків.

Фрагмент структури директорій серверної частини програми наведено на рис. 4.7. Цілісний варіант структури директорій представлено у додатку А.

Вхідною точкою в програму є файл *main.py*. Він описує конфігурацію та ініціалізацію вебсервера FastAPI. У цьому модулі реалізовано логіку запуску додатку, підключення маршрутизаторів, налаштування проміжних обробників (middleware) та конфігураційних параметрів. Таким чином, *main.py* виконує роль центрального компонента керування життєвим

циклом серверного застосунку.

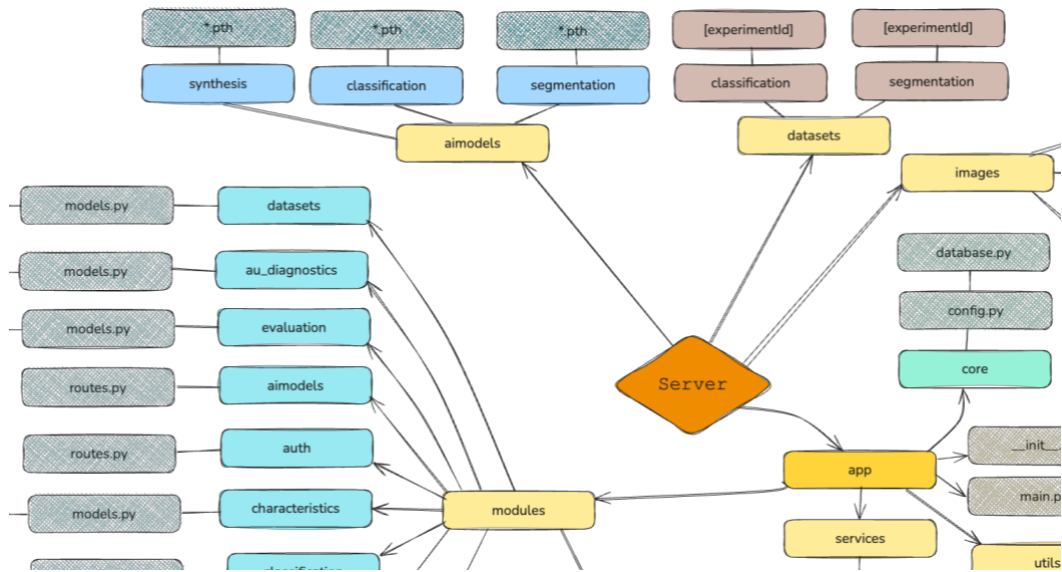


Рис. 4.7. Фрагмент структури директорій серверної частини програми

Серверна частина програмної системи організована за модульним принципом і містить такі основні директорії:

- *aimodels* – каталог, що містить підкаталоги із файлами збережених моделей глибокого навчання, які використовуються для автоматизованої класифікації та діагностики зображень. Кожна підпапка відповідає окремій архітектурі або версії моделі.

- *datasets* – директорія для збереження навчальних і тестових даних. Всередині містяться підкаталоги з ідентифікаторами досліджень, кожен із яких включає розпаковані архіви зображень, що використовуються для обробки та аналізу.

- *images* – каталог, що зберігає зображення, пов'язані з проведеними дослідженнями. Структура аналогічна до *datasets/*: кожна підпапка відповідає конкретному ідентифікатору експерименту та містить набір пов'язаних файлів.

- *app* – основна директорія, яка містить бізнес-логіку системи,

включаючи обробники запитів, сервіси, моделі даних, схеми валідації, маршрути та утилітарні функції. Саме ця частина реалізує ядро прикладної логіки програмного забезпечення.

У межах каталогу *app* знаходиться підпапка *modules*, що містить функціональні модулі системи, кожен із яких реалізує окрему підсистему або доменну область. Наприклад, модуль *characteristics* відповідає за визначення кількісних характеристик імуногістохімічних зображень.

У файлі *models.py* цього модуля описано структуру моделі бази даних, зокрема схеми зберігання параметрів дослідження, результатів обчислень і зв'язків між сутностями. Такий підхід відповідає принципам чистої архітектури, забезпечуючи розділення рівнів даних, логіки та представлення, а також спрощуючи масштабування та супровід системи.

Взаємодія між модулями системи та базою даних реалізована на основі контрактної моделі даних. Використання бібліотеки *Rydantic* дозволяє формалізувати структури даних у вигляді схем (DTO). Це гарантує, що на кожному етапі (від завантаження зображення до збереження результатів експертної системи) дані проходять автоматичну валідацію на відповідність типам та структурі.

Файл *routes.py* реалізує механізм маршрутизації HTTP-запитів, отриманих від клієнтської частини системи. У цьому файлі визначено кінцеві точки, що відповідають конкретним URL-адресам, а також обробники запитів для кожної з них. Завдяки такій структурі забезпечується чітке розмежування логіки обробки запитів відповідно до принципів REST-архітектури. Варто відзначити, що *FastAPI* автоматично генерує *OpenAPI* документацію для всіх описаних маршрутів у файлах *routes.py*.

Файл *utils.py* містить асинхронні утилітарні функції, призначені для виконання ресурсоємних операцій, пов'язаних, зокрема, з обробкою зображень або викликом нейронних мереж. Такі функції виконуються у фоновому режимі за допомогою черги завдань, що дозволяє не блокувати

головний потік виконання програми. Це забезпечує можливість користувача продовжувати взаємодію із системою, не очікуючи завершення процесів класифікації чи сегментації.

Крім того, реалізована паралельна обробка завдань у декількох потоках, що забезпечує підвищення продуктивності та швидкості обчислень. Такий підхід відповідає принципам асинхронного програмування та паралельної обробки даних, рекомендованих для високонавантажених обчислювальних систем.

Каталог *services* містить сервісні модулі, кожен із яких реалізує логіку роботи з окремою сутністю бази даних. У цих файлах описано функціонал для створення, оновлення, видалення та вибірки записів, що формує рівень бізнес-логіки у структурі серверного застосунку.

Папка *utils* містить допоміжні інструменти, що використовуються у різних модулях системи, зокрема функції для авторизації користувачів, верифікації даних та взаємодії з базою даних. Наявність спільного шару утиліт сприяє повторному використанню коду та забезпечує єдність обробки типових операцій.

Папка *core* містить базові компоненти інфраструктури додатка, необхідні для його коректного функціонування. Зокрема:

- файл *config.py* відповідає за завантаження та зберігання змінних середовища, включаючи конфігураційні параметри сервера, підключення до бази даних та API-ключі;

- файл *database.py* реалізує механізми ініціалізації та перевірки з'єднання з базою даних, гарантуючи стабільність і надійність взаємодії між додатком і СУБД.

Розроблена структура директорій забезпечує високий рівень модульності, повторного використання коду та відповідність принципам архітектурної інженерії програмного забезпечення.

UML-діаграма класів серверної частини для аналізу зображень

приведена у додатку Б.

Класи маршрутів відповідають за обробку HTTP-запитів, які надходять від клієнтської частини через визначені API-ендпоїнти. Класи сервісів містять методи бізнес-логіки, безпосередньо відповідальні за взаємодію з базою даних, включаючи створення, оновлення, вибірку та видалення сутностей. Класи верхнього рівня забезпечують взаємодію із згортковими нейронними мережами для виконання задач класифікації та сегментації біомедичних зображень.

4.3 Інтерфейс користувача системи

Система автоматичного діагностування раку грудної залози BRECCAD складається із таких функціональних модулів: *користувачів, датасетів, сегментації та класифікації, обчислення кількісних характеристик, автоматичного діагностування (модуль-оркестратор), моделей, оцінки подібності зображень (метрики) та синтезу зображень*. Користувач отримує доступ до системи після успішної авторизації та автентифікації. Кожен із зазначених модулів реалізує базові операції створення, отримання, оновлення та видалення сутностей (CRUD), що забезпечує зручне керування даними та розширюваність системи. Такий підхід відповідає принципам програмної інженерії та дозволяє підтримувати високу гнучкість і масштабованість програмного засобу.

Деталізуємо три основні модулі: класифікації, сегментації та обчислення кількісних характеристик. Модуль «Автоматичне діагностування» детально описаний у підрозділі 4.1.2.

Модуль «Класифікація» призначений для автоматичної класифікації гістологічних зображень із використанням глибоких нейронних мереж (готових чи власних). Основними вимогами до модуля є:

- створення та видалення нового дослідження;

- вибір моделі нейронної мережі для класифікації зображень;
- асинхронний аналіз зображень;
- зберігання результатів дослідження;
- обмеження доступу для звичайних користувачів, які можуть отримувати лише дані, створені ними самими в межах їхньої організації;
- доступ адміністратора до всіх даних у межах організації;
- підтвердження видалення даних, що запобігає випадковій втраті інформації.

Вікно модуля «Класифікація» наведено на рис. 4.8. Модуль використовує попередньо навчені моделі глибоких нейронних мереж. Користувач має змогу вибрати одну із доступних безпосередньо перед початком аналізу. Кожна модель містить метадані, серед яких розмір зображень, з якими вона працює. Тому досліджувані зображення будуть приведені до цього розміру під час аналізу.

Назва +	Статус +	Створено користувачем	В межах організації	Створено +	Оновлено +
g1, g2, g3	Завантажено	John Doe	WUNU	13.07.2025 09:32	13.07.2025 09:32
G1 orig	Завантажено	John Doe	WUNU	13.07.2025 09:06	13.07.2025 09:06
G2 Affines	Завантажено	John Doe	WUNU	14.06.2025 08:04	13.07.2025 09:02
G3 synthesized	Завантажено	John Doe	WUNU	05.06.2025 06:03	13.07.2025 09:17

Рис. 4.8. Вікно модуль «Класифікація»

Вікно створення нового дослідження приведено на рис. 4.9.

Рис. 4.9. Вікно створення нового дослідження

Користувач повинен вказати назву дослідження та короткий опис. Також треба завантажити зображення для класифікації або обрати раніше завантажений датасет. Після створення дослідження буде відображено у таблиці.

Сторінка дослідження приведена на рис. 4.10.

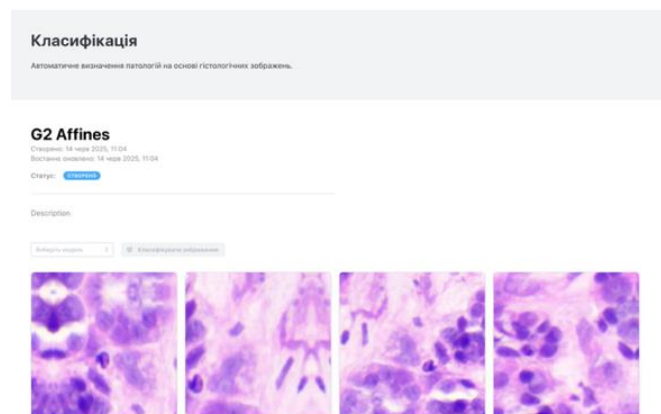


Рис. 4.10. Сторінка дослідження

Користувачу потрібно обрати попередньо навчену модель для класифікації із доступних і натиснути кнопку «Класифікувати зображення». Після завершення сторінка дослідження матиме вигляд, як показано на рис. 4.11.

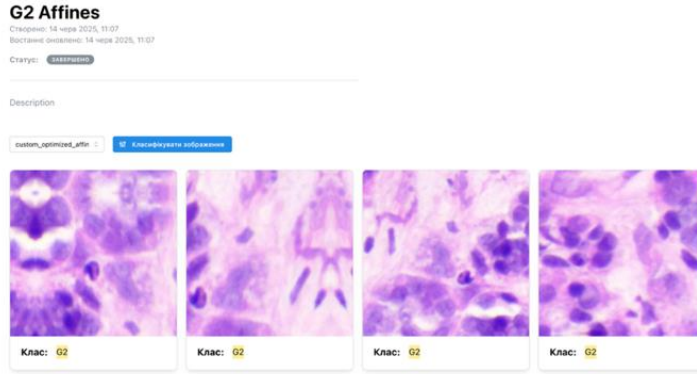


Рис. 4.11. Сторінка дослідження після завершення класифікації

Фрагмент діаграми послідовності модуля «Класифікація» наведено на рис. 4.12. Цілісний варіант діаграми представлено у додатку Б.

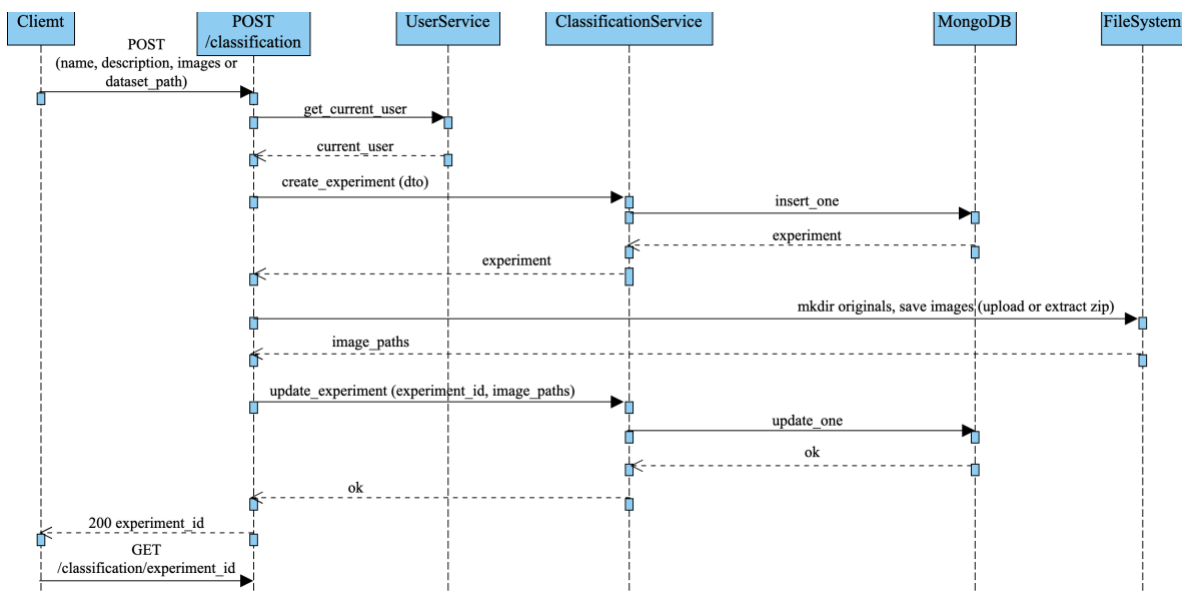


Рис. 4.12. Фрагмент діаграми послідовності модуля «Класифікація»

Модуль спроектовано таким чином, щоб забезпечити гнучку роботу з широким спектром типів зображень і не обмежуватися лише гістологічними зразками грудної залози. Така універсальність досягається завдяки можливості підключення зовнішніх, попередньо навчених моделей глибокого навчання. Користувач може імпортувати будь-яку сумісну модель через спеціалізований інтерфейс завантаження, після чого модуль

автоматично адаптує обробку даних під вимоги цієї моделі. Це дозволяє застосовувати систему для класифікації тих типів зображень, для аналізу яких модель була первинно розроблена й навчена.

Модуль «Сегментація» призначений для автоматичного сегментування імуногістохімічних зображень із використанням глибоких нейронних мереж (готових чи власних). Основними вимогами до модуля є:

- створення та видалення нового дослідження;
- вибір моделі нейронної мережі для сегментації зображень;
- асинхронний аналіз зображень;
- зберігання результатів дослідження;
- обмеження доступу для звичайних користувачів, які можуть отримувати лише дані, створені ними самими в межах їхньої організації;
- доступ адміністратора до всіх даних у межах організації;
- підтвердження видалення даних, що запобігає випадковій втраті інформації.

Вікно модуля «Сегментація» є ідентичним до модуля «Класифікація» (див. рис. 4.8).

Вікно створення нового дослідження є таким самим, як у модулі «Класифікація» (див. рис. 4.9). Користувач може завантажити оригінальні зображення чи обрати попередньо завантажений в систему через модуль «Датасети» набір даних.

Сторінка дослідження відображена на рис. 4.13.

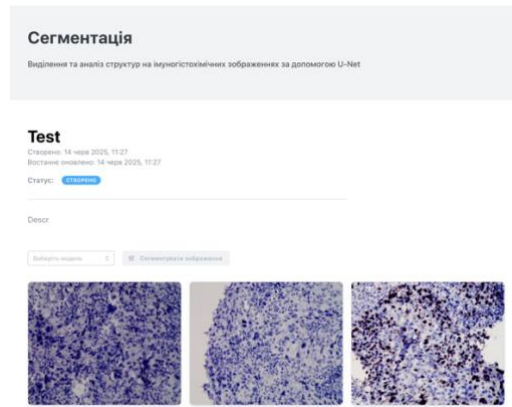


Рис. 4.13. Сторінка дослідження

Функціонал є ідентичним до модуля «Класифікація» – користувачу потрібно вибрати модель нейронної мережі та натиснути кнопку «Сегментувати зображення».

Після завершення, під оригінальними зображеннями будуть відображені сегментовані.

За аналогією з модулем «Класифікація», модуль «Сегментація» також реалізовано як універсальний компонент, здатний працювати з різними типами зображень, а не лише з даними грудної залози. Гнучкість забезпечується підтримкою підключення попередньо натренованих сегментаційних моделей, які користувач може імпортувати через відповідний інтерфейс. Після завантаження модель інтегрується в пайплайн обробки, а модуль автоматично підлаштовує процедуру передобробки, масштабування та постобробки зображень відповідно до вимог конкретної архітектури. Таким чином, система може виконувати сегментацію саме тих структур, для аналізу яких модель була первинно спроектована й навчена, забезпечуючи відтворюваність і коректність результатів у різних сценаріях застосування.

Модуль «Обчислення кількісних характеристик» призначений для визначення кількісних характеристик і постановки діагнозу на основі правил і характеристик [55].

Основними вимогами до модуля є:

- створення та видалення нового дослідження;
- імпорт зображень для аналізу: 4 оригінали та 4 сегментованих по одному на кожен із біомаркерів (Er, PgR, HER2, Ki67);
- асинхронний аналіз зображень;
- зберігання результатів дослідження;
- обмеження доступу для звичайних користувачів, які можуть отримувати лише дані, створені ними самими в межах їхньої організації;
- доступ адміністратора до всіх даних у межах організації;
- підтвердження видалення даних, що запобігає випадковій втраті інформації.

Вікно модуля «Обчислення кількісних характеристик» наведено у додатку Е на рис. Е.1.

Користувач повинен вказати назву дослідження та короткий опис. Крім того, потрібно завантажити 8 зображень: 4 оригінальних та 4 сегментованих для кожного біомаркера.

Після заповнення всіх полів вікно матиме вигляд, як показано у додатку Е на рис. Е.2.

Передбачено валідацію полів.

Після створення, дослідження буде відображено у таблиці із статусом «створено». Завершені дослідження мають статус «завершено».

Щоб перейти на сторінку дослідження потрібно натиснути на нього у таблиці.

Сторінка дослідження виглядає так, як показано у додатку Е на рис. Е.3.

Щоб почати аналіз зображень, необхідно натиснути кнопку «Аналізувати зображення». Процес запуститься у фоновому режимі, при цьому статус дослідження зміниться на «в процесі».

Після завершення аналізу знизу з'явиться кнопка «Показати результати», кнопка «Аналізувати зображення» стане неактивною. Після натискання на «Показати результати» сторінка матиме вигляд, як показано у додатку Е на рис. Е.4. Результати відображають заключний діагноз на основі аналізу всіх зображень та інформацію по кожному з них.

4.4 Апробація та оцінка ефективності роботи програмної системи

Метою апробації розробленого програмного забезпечення є перевірка працездатності розроблених методів, зокрема сегментації, класифікації, обчислення кількісних характеристик та автоматичного діагностування в інтегрованому середовищі, а також оцінка інженерних характеристик системи як програмного продукту.

4.4.1 Експериментальна валідація функціональних модулів

Експериментальне дослідження проводилось на синтезованих наборах гістологічних зображень класів G1, G2, G3, що відповідають різним ступеням диференціації пухлини та оригінальному верифікованому наборі імуногістохімічних зображень [56]. Процес апробації охоплював повний цикл автоматичного діагностування: від завантаження сирих даних до формування діагностичного звіту.

1. *Модуль «Класифікація».* Для тестування використано реалізовану модель нейронної мережі, яка згідно з попередніми дослідженнями [6] демонструє точність за метрикою Accuracy 99,8%. У ході апробації встановлено, що програмна реалізація моделі у складі розробленої системи зберігає цільові показники точності при роботі з ідентичними форматами даних. На рис. 4.14 продемонстровано коректність класифікації для кожного з трьох ступенів патології.

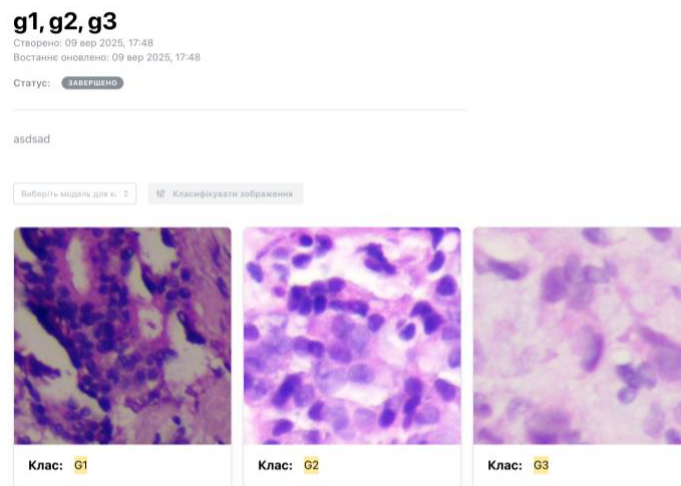


Рис. 4.14. Результат класифікації

2. Модуль «Сегментація». Валідація модуля сегментації ІГХ-зображень (рис. 4.15) підтвердила здатність системи виділяти біологічно значущі структури. Для тестування використано реалізовану модель нейронної мережі. Якість сегментації оцінювалась за метрикою Dice (див. формулу 1.7), максимальне значення якого склало 74% [7].

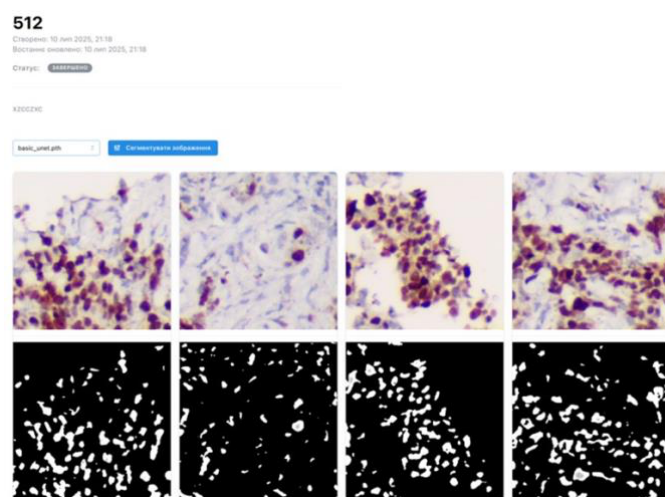


Рис. 4.15. Сторінка експерименту після завершення сегментації

3. Модуль «Обчислення кількісних характеристик». Валідація даного модуля була спрямована на перевірку точності програмної реалізації

клінічних настанов МОЗ України [55] щодо інтерпретації ІГХ-зображень. Алгоритм модуля в автоматичному режимі здійснює аналіз сегментованих масок для визначення двох ключових параметрів:

- Середня інтенсивність забарвлення: програмно розраховується як середнє значення яскравості пікселів у межах сегментованих об'єктів.
- Відсоток позитивних клітин: відношення кількості позитивних клітин до загальної кількості сегментованих клітин.

В ході експерименту було встановлено, що програмне обчислення дозволяє усунути проблему суб'єктивності візуальної оцінки лікарем-патоморфологом («окомірне» визначення відсотків), забезпечуючи 100% відтворюваність результатів на ідентичних вхідних даних. На основі отриманих кількісних значень система автоматично формує діагностичне рішення. Сторінка з результатом обчислення наведена у додатку Ж.

4. *Модуль «Автоматичне діагностування».* Даний модуль є центральним компонентом системи (оркестратором), що забезпечує наскрізний процес обробки даних – від завантаження біомедичного зображення до формування підсумкового діагностичного висновку. Ключовою особливістю модуля є інтеграція всіх автономних підсистем у єдиному робочому просторі.

Програмна логіка модуля реалізує детерміновану послідовність наступних етапів (Pipeline):

- 1) *Контроль цілісності даних:* Модуль перевіряє вхідні зображення на відповідність вимогам нейромережових моделей.
- 2) *Агрегація результатів обробки:* Модуль автоматично запускає та координує роботу модулів сегментації (виділення об'єктів), обчислення кількісних характеристик та класифікації (визначення ступеня диференціації G1-G3).

3) *Прийняття рішень на основі бази знань*: Отримані кількісні характеристики та результати нейромережевої класифікації передаються до фрагменту вбудованої експертної системи (див. рис. 3.7). Механізм логічного виведення зіставляє ці дані з формалізованими правилами клінічної настанови МОЗ (див. табл. 3.4), забезпечуючи прозорість та верифікованість кінцевого діагнозу.

Перевагами комплексного підходу є:

- *Централізація логіки*: Все управління діагностичним процесом зосереджено в одному модулі, що спрощує моніторинг стану системи та обробку помилок.
- *Обробка невизначеності («сірі зони»)*: На відміну від жорстких алгоритмів, модуль-оркестратор аналізує узгодженість результатів. Якщо обчислені кількісні ознаки на основі сегментованого зображення потрапляють у межові значення, система автоматично присвоює статус «Невизначено». Це критично важливо для надійності (Reliability) медичного ПЗ, оскільки запобігає видачі помилкового автоматичного діагнозу та вимагає верифікації спеціалістом (Додаток І).
- *Висока абстракція для користувача*: Лікар взаємодіє лише з інтерфейсом автоматичного діагностування, тоді як складні обчислення в різних сервісах відбуваються приховано та асинхронно.

4.4.2 Оцінка інженерної якості програмного забезпечення

Використання підходу експертної системи в модулях «Обчислення кількісних характеристик» та «Автоматичне діагностування» дозволяє обґрунтувати високі показники якості розробленого програмного забезпечення згідно зі стандартом ISO/IEC 25010 [138].

Зокрема:

- у розрізі характеристики «Функціональна придатність» забезпечується суворі відповідність алгоритмів клінічним настановам МОЗ;
- характеристика «Супроводжуваність» досягається за рахунок відокремлення бази знань від обчислювального ядра, що дозволяє модифікувати діагностичні правила без перепроєктування всієї системи;
- особлива увага приділена підхарактеристиці «Відмовостійкість»: програмна логіка передбачає ідентифікацію межових станів («сірих зон») із присвоєнням статусу «Невизначено», що мінімізує ризики невірної автоматичної інтерпретації медичних даних».

Для комплексної оцінки розробленого програмного засобу інтегральний показник якості CAD-системи розраховується так:

$$Q = \omega_1 \cdot K_{acc} + \omega_2 \cdot K_{seg} + \omega_3 \cdot K_{main}, \quad (4.1)$$

де ω_1 – вага класифікації,

ω_2 – вага сегментації,

ω_3 – вага архітектурної якості,

K_{acc} – показник точності класифікації,

K_{seg} – показник точності сегментації,

K_{main} – показник супроводжуваності.

Запропонований інтегральний показник якості базується на принципах багатокритеріальної оцінки програмних систем та відповідає підходам, прийнятим у стандартах ISO/IEC 25010.

При розрахунку інтегрального показника якості Q , вагові коефіцієнти були розподілені з пріоритетом на діагностичну достовірність. Основну вагу ($\omega_2 = 0,5$) було присвоєно модулю сегментації. Це обумовлено тим, що у

розробленій архітектурі результати сегментації є первинними даними для модуля обчислення кількісних характеристик та фрагменту експертної системи автоматичного діагностування. Отже, точність сегментації виступає лімітуючим фактором для загальної надійності програмного засобу. Показникам точності класифікації та архітектурної супроводжуваності присвоєно вагові коефіцієнти 0,3 та 0,2 відповідно.

На основі проведених оптимізацій нейронних мереж, описаних у попередніх розділах, результати точності класифікації та сегментації становлять $K_{acc} = 0,998$ та $K_{seg} = 0,74$ відповідно.

Для об'єктивного аналізу архітектурної якості було застосовано метрику Maintainability Index (індекс супроводжуваності) за допомогою інструменту Radon (рис. 4.16).

```
app/modules/classification/models.py - A
app/modules/classification/utils.py - A
app/modules/classification/routes.py - A
app/modules/auth/routes.py - A
app/modules/images/routes.py - A
app/modules/segmentation/models.py - A
app/modules/segmentation/utils.py - A
app/modules/segmentation/routes.py - A
app/modules/datasets/models.py - A
app/modules/datasets/routes.py - A
app/modules/characteristics/models.py - A
app/modules/characteristics/utils.py - C
app/modules/characteristics/routes.py - A
app/modules/users/models.py - A
app/modules/users/routes.py - A
app/modules/diagnostics/models.py - A
app/modules/diagnostics/utils.py - A
app/modules/diagnostics/pipeline.py - A
app/modules/diagnostics/routes.py - A
app/modules/aimodels/models.py - A
app/modules/aimodels/routes.py - A
app/services/characteristics.py - A
app/services/users.py - A
app/services/classification.py - A
app/services/diagnostics.py - A
app/services/datasets.py - A
app/services/aimodels.py - A
app/services/segmentation.py - A
```

Рис. 4.16. Результати аналізу архітектурної якості інструментом Radon

Результати аналізу показали, що модулі сегментації, класифікації та автоматичного діагностування мають найвищий рейтинг «А» (~90), що підтверджує низьку складність їх підтримки. Модуль обчислення кількісних характеристик отримав рейтинг «С» (~65). Така деградація індексу в межах

одного модуля є обґрунтованою, оскільки він реалізує складну багатокритеріальну логіку прийняття рішень згідно з медичними настановами, що вимагає великої кількості розгалужень та математичних операцій. Загальний середній показник супроводжуваності системи становить $K_{main} = 88,52$, що є високим показником для спеціалізованого медичного програмного забезпечення.

Підставивши отримані значення у формулу 4.1 інтегральний показник якості CAD-системи буде рівний: $Q = 0,3 \cdot 0,998 + 0,5 \cdot 0,74 + 0,2 \cdot 0,8852 = 0,2994 + 0,37 + 0,177 = 0,8464$.

Згідно з теорією Маккейба, цикломатична складність M розраховується як $M = P + 1$, де P – кількість точок розгалуження.

Найвищий показник цикломатичної складності ($M = 33$) зафіксовано у модулі обчислення кількісних характеристик. Така складність обумовлена програмною реалізацією 32-х логічних розгалужень (цикли for для попіксельної обробки сегментованих масок та конструкції if-elif-else для імплементації правил експертної системи).

Висока когнітивна та цикломатична складність даного компонента є виправданою, оскільки він інтегрує в собі:

1. Алгоритми ітераційного обходу сегментованих об'єктів для розрахунку площ та інтенсивностей.
2. Багаторівневу логіку прийняття рішень за настановами МОЗ, що враховує комбінації різних біомаркерів.

Це пояснює отриманий індекс супроводжуваності засобом Radon на рівні «С», проте модульна ізоляція цього коду дозволяє зберегти загальну стабільність системи на високому рівні.

Результати порівняння діагностичних модулів з точки зору індексу супроводжуваності та цикломатичної складності наведені у таблиці 4.1.

Таблиця 4.1

Порівняльний аналіз діагностичних модулів за метриками

Назва модуля	Індекс супроводжуваності (Radon)	Цикломатична складність	Характер логіки
Класифікація	A	4	Нейромережева
Сегментація	A	8	Нейромережева
Обчислення кількісних характеристик	C	33	Експертна (логіко-аналітична)
Автоматичне діагностування (модуль-оркестратор)	A	14	Нейромережева, експертна (логіко-аналітична)

У таблиці 4.2 наведено порівняльний аналіз «BRECCAD» з існуючими програмними системами.

Розроблена програмна система виходить за рамки стандартних комерційних CAD-систем, які допомагають радіологам виявляти підозрілі ділянки на мамограмах.

Таблиця 4.2

Порівняльний аналіз розробленої програмної системи з існуючими комерційними системами

Критерій порівняння	BRECCAD (розроблена система)	iCAD	Hologic ImageChecker	Aidoc	Zebra Medical Vision
Сфера застосування	Комплексний аналіз гістологічних та імуногістохімічних зображень	Аналіз мамограм	Аналіз мамограм	Аналіз радіологічних зображень (КТ, МРТ, рентген)	Аналіз радіологічних зображень (КТ, рентген, мамографія)
Діагностування раку грудної залози	+	+	+	+	+
Аналіз на клітинному та молекулярному рівнях, що дозволяє визначити типи та підтипи раку	+	-	-	-	-
Багаторівневий аналіз: сегментація ПХ-зображень, обчислення кількісних характеристик, класифікація гістологічних зображень	+	-	-	-	-
Автоматичне формування звітів	+	+	+	+/-	+
Практичне значення	Висока точність діагностики завдяки використанню біологічно значущих ознак, отриманих з ПХ-зображень	Допомога радіологам у виявленні утворень	Допомога радіологам у виявленні утворень	Пришвидшення діагностики, пріоритизація критичних випадків	Допомога у ранньому виявленні захворювань
Цільова аудиторія	Онкологи, патоморфологи, дослідники	Радіологи	Радіологи	Радіологи, лікарі невідкладної допомоги	Радіологи

Розроблений підхід є більш складним і науково обґрунтованим, оскільки він заглиблюється в аналіз біологічних маркерів на клітинному рівні, що дозволяє не просто виявити рак, а й визначити його конкретний підтип. Це кардинально відрізняє розроблену систему і надає їй велику цінність для персоналізованої медицини.

Саме цей інтегрований, багаторівневий аналіз є головною перевагою розробленої програмної системи.

Висновки до розділу 4

У четвертому розділі здійснено програмну реалізацію та апробацію розроблених методів і моделей у складі комплексної CAD-системи. Основними результатами є такі:

1. Реалізовано цілісну програмну систему, що забезпечує наскрізний цикл автоматичного діагностування: від сегментації ПГХ-зображень та класифікації типів раку до формування діагностичного висновку. Це дозволило мінімізувати вплив суб'єктивного людського фактору та підвищити об'єктивність прийняття клінічних рішень.
2. Розроблено модульну архітектуру обчислювальних компонентів із застосуванням паттерну «Стратегія», що забезпечує високий рівень абстракції. Це дозволяє здійснювати динамічну заміну моделей глибокого навчання без рефакторингу основного коду системи.
3. Спроектовано та впроваджено модуль-оркестратор, який реалізує гнучкий конвеєр (Pipeline) обробки даних. Архітектурне відокремлення обчислювального ядра від бази клінічних знань забезпечило можливість оперативного оновлення діагностичних правил відповідно до актуальних протоколів МОЗ України.
4. Забезпечено високу масштабованість та гнучкість системи за рахунок винесення ресурсомістких нейромережових операцій у хмарну

інфраструктуру та використання асинхронної взаємодії між сервісами. Це гарантує стабільну роботу системи при опрацюванні великих масивів медичних даних.

5. Розроблено структуру бази даних та вебінтерфейс, що забезпечують централізоване зберігання історій діагностик та ефективне керування наборами біомедичних зображень, створюючи зручне робоче середовище для фахівців-патоморфологів.

Практична апробація розробленої системи підтверджує її ефективність як інструмента автоматичного діагностування, що може бути впроваджений у клінічну практику, освітній процес та наукові дослідження в галузі онкології.

ВИСНОВКИ

У дисертаційній роботі на основі виконаних теоретичних і експериментальних досліджень розв'язано актуальну науково-прикладну задачу, що полягає в розробленні та вдосконаленні методів і програмних засобів для підвищення точності сегментації та класифікації біомедичних зображень, що забезпечує підвищення достовірності постановки діагнозу в онкології.

Основні результати теоретичних та практичних досліджень представленої дисертаційної роботи є такі:

1. Проаналізовано сучасні архітектури систем комп'ютерного діагностування та засоби обробки біомедичних зображень. Здійснено порівняльний аналіз класичних та нейромережевих засобів сегментації та класифікації зображень і доведено доцільність використання глибокого навчання для роботи з великими обсягами даних у задачах медичної діагностики, сформульовано завдання для дисертаційного дослідження.
2. Розроблено метод багатокласової класифікації гістологічних зображень для діагностування раку грудної залози за ступенем диференціації, який, на відміну від існуючих, базується на застосуванні оптимізованої архітектури згорткової нейронної мережі та розширеного за допомогою дифузійної моделі набору зображень, що забезпечило підвищення точності ідентифікації патологічних станів.
3. Розроблено метод аналізу імуногістохімічних зображень для діагностування підтипів раку грудної залози, який, на відміну від існуючих, базується на вдосконаленій архітектурі U-Net мережі, алгоритмі визначення кількісних характеристик мікрооб'єктів та

продукційній моделі діагностичних знань, що дозволило автоматизувати процес постановки діагнозу.

4. Удосконалено архітектуру згорткової нейронної мережі для класифікації гістологічних зображень шляхом оптимізації, на основі генетичних алгоритмів, кількості операцій та зв'язків між ними на мікро- та макрорівнях, що дозволило збільшити точність класифікації до 99,8 %.
5. Удосконалено архітектуру U-Net мережі для сегментації імуногістохімічних зображень шляхом оптимізації, на основі генетичних алгоритмів, гіперпараметрів: глибини мережі, розміру базового фільтра та темпу навчання, що забезпечило збільшення точності сегментації до 74 %.
6. Спроектовано та реалізовано клієнт-серверну модульну архітектуру з розділенням відповідальності відповідно до сучасних стандартів розробки та впровадження програмного забезпечення із використанням сучасних протоколів обміну даними (REST/JSON) та NoSQL-сховищ. Інтегральний показник якості розробленої програмної системи склав $Q = 0,8464$, а цикломатична складність $M = 33$. Впровадження централізованого модуля-оркестратора, що координує роботу всіх діагностичних модулів, підтримує обробку невизначених станів та забезпечує відокремлення клінічних знань від обчислювального ядра забезпечило надійність, супроводжуваність та придатність системи для клінічного застосування.
7. На основі розроблених методів і алгоритмів проведено експерименти із класифікації гістологічних та сегментації імуногістохімічних зображень, результати яких засвідчили високу точність і достовірність постановки діагнозу. Результати дисертаційної роботи використано у діяльності ТОВ «Інститут біомедичних технологій» (м. Тернопіль), ТОВ «Апіко Девелопмент» (м. Тернопіль), в навчальному

процесі ЗУНУ та в НДЧ ЗУНУ.

СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ

1. О. М. Березький, О. Й. Піцун, П. Б. Ляцинський, П. Б. Ляцинський, та Т. М. Долинюк, "Інтелектуальна система автоматизованої мікроскопії аналізу гістологічних та цитологічних зображень," *Штучний інтелект*, № 2, с. 129–141, 2017. <https://nasplib.isofts.kiev.ua/server/api/core/bitstreams/89348bd4-0402-44d6-b8a8-ef450a323021/content>
2. О. М. Березький, П. Б. Ляцинський, П. Б. Ляцинський, А. Р. Сухович, та Т. М. Долинюк, "Синтез біомедичних зображень на основі генеративно-змагальних мереж," *Український журнал інформаційних технологій*, т. 1, № 1, с. 35–40, 2019. <http://doi.org/10.23939/ujit2019.01.035>
3. P. Liashchynskiy and P. Liashchynskiy, "Analysis of metrics for GAN evaluation," *Computer Systems and Information Technologies*, no. 4, pp. 44–51, 2023. <http://doi.org/10.31891/csit-2023-4-6>
4. O. M. Berezsky and P. V. Liashchynskiy, "Development of the architecture of a computer aided diagnosis system in medicine," *Applied Aspects of Information Technology*, vol. 7, no. 4, pp. 359–369, 2024. <http://doi.org/10.15276/aait.07.2024.25>
5. П. Б. Ляцинський та О. М. Березький, "Системи комп'ютерного діагностування: методи та засоби," *Український журнал інформаційних технологій*, т. 6, № 2, с. 57–63, 2024. <http://doi.org/10.23939/ujit2024.02.057>
6. P. V. Liashchynskiy, "Classification of histological images based on convolutional neural networks," *Radio Electronics, Computer Science, Control*, no. 4, pp. 116–128, 2025. <http://doi.org/10.15588/1607-3274-2025-4-11>

7. O. Berezsky, P. Liashchynskyi, P. Liashchynskyi, and P. Selskyu, "Devising a comprehensive approach to diagnosing breast cancer subtypes automatically based on deep neural networks," *Eastern-European Journal of Enterprise Technologies*, vol. 6, no. 2 (138), pp. 15–25, 2025. <http://doi.org/10.15587/1729-4061.2025.344041>
8. O. M. Berezsky and P. B. Liashchynskyi, "Software system for automatic diagnosis of breast cancer," *Ukrainian Journal of Information Technology*, vol. 7, no. 2, pp. 35–43, 2025. <http://doi.org/10.23939/ujit2025.02.035>
9. P. B. Liashchynskyi and P. Liashchynskyi, "Grid Search, Random Search, Genetic Algorithm: A Big Comparison for NAS," *arXiv preprint arXiv:1912.06059*, 2019. <https://doi.org/10.48550/arXiv.1912.06059>
10. O. Berezsky, O. Pitsun, L. Dubchak, P. Liashchynskyi, and P. Liashchynskyi, "GPU-based biomedical image processing," in *Proceedings of the 2018 XIV-th International Conference on Perspective Technologies and Methods in MEMS Design (MEMSTECH)*, 2018, pp. 96–99. <http://doi.org/10.1109/MEMSTECH.2018.8365710>
11. O. Berezsky, P. Liashchynskyi, O. Pitsun, P. Liashchynskyi, and M. Berezkyu, "Comparison of deep neural network learning algorithms for biomedical image processing," *CEUR Workshop Proceedings*, vol. 3302, pp. 135–145, 2022. <https://ceur-ws.org/Vol-3302/paper7.pdf>
12. П. Б. Ляцинський та П. Б. Ляцинський, "Штучний інтелект в системах діагностики пацієнтів," у *Матеріали VI Науково-практичної конференції молодих вчених і студентів «Інтелектуальні комп'ютерні системи та мережі»*, Тернопіль, Україна, 2022, с. 24. https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/2022_1.pdf#page=24
13. П. Б. Ляцинський, "Інтеграція штучного інтелекту в медичній діагностиці," у *Матеріали VIII Науково-практичної конференції молодих вчених і студентів «Інтелектуальні комп'ютерні системи*

- та мережі», Тернопіль, Україна, 2023, с. 35.
https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/2023_2.pdf#page=35
14. П. Б. Ляцинський та П. Б. Ляцинський, "Використання систем автоматизованої мікроскопії для покращення аналізу біомедичних зображень," у *Економічний і соціальний розвиток України в XXI столітті: національна візія та виклики глобалізації*, Тернопіль, Україна, 2023, с. 729. <https://dspace.wunu.edu.ua/items/b465936f-763e-4d34-873e-d8552433a2d5>
 15. П. Б. Ляцинський, "Аналіз медичних систем комп'ютерної діагностики," у *Матеріали ІХ Науково-практичної конференції молодих вчених і студентів «Інтелектуальні комп'ютерні системи та мережі»*, Тернопіль, Україна, 2024, с. 36–37.
https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/conf%209_2024_maket1.pdf#page=36
 16. O. Berezsky, P. Liashchynskyi, and P. Liashchynskyi, "Diagnostic methods and tools in medical systems," in *Proceedings of the 1st International Scientific and Practical Conference «COMPUTATIONAL INTELLIGENCE AND SMART SYSTEMS» (CISS-2024)*, Lviv, Ukraine: «АТВ» Publishing, 2024, pp. 24–26. <https://science.lpnu.ua/ciss-2024/proceedings>
 17. П. Б. Ляцинський, "Архітектура системи комп'ютерного діагностування," у *Матеріали Всеукраїнської науково-практичної конференції студентів, аспірантів та молодих вчених «Інтелектуальні комп'ютерні системи та мережі»*, Тернопіль, Україна, 2024, с. 32–33.
https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/2024_2.pdf#page=32
 18. П. Б. Ляцинський, "Глибоке навчання в медичній діагностиці," у *Матеріали ІІ Всеукраїнської науково-практичної конференції студентів, аспірантів та молодих вчених «Інтелектуальні*

- комп'ютерні системи та мережі», Тернопіль, Україна, 2025, с. 58–61. https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/2025_1.pdf#page=58
19. P. Liashchynskyi, "Comparing CNNs for histological image classification," in *Proceedings of the 2nd International Scientific and Practical Conference «COMPUTATIONAL INTELLIGENCE AND SMART SYSTEMS» (CISS-2025)*, Lviv, Ukraine: Omelchenko V. H. Publishing, 2025, pp. 97–99. <https://science.lpnu.ua/uk/ciss-2025/zbirnyk-materialiv-konferenciyi-ciss-2025>
 20. O. Berezsky, M. Berezkyi, P. Liashchynskyi, P. Liashchynskyi, and G. Melnyk, "Estimating the number of iterations needed for biomedical image synthesis to achieve a given classification accuracy," in *8th International Conference on Informatics & Data-Driven Medicine*, Bratislava, Slovakia Republic, 2025.
 21. П. Б. Лящинський, "Програмна система автоматичного діагностування раку молочної залози," у *Матеріали III Всеукраїнської науково-практичної конференції студентів, аспірантів та молодих вчених «Інтелектуальні комп'ютерні системи та мережі»*, Тернопіль, Україна, 2025, с. 74–77. https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/2025_2.pdf#page=74
 22. О. М. Березький, П. Б. Лящинський, П. Б. Лящинський, Г. М. Мельник, та О. Й. Піцун, "Комп'ютерна програма для автоматичного діагностування раку та підтипів раку молочної залози «BRECCAD»," Авторське свідоцтво № 140273, 28 листопада 2025.
 23. N. M. Orlova, O. B. Tonkovyd, I. V. Palamar, L. A. Klimas, S. V. Shkondin, and V. S. Tkach, "Medical and statistical analysis of incidence, mortality, and timeliness of breast cancer diagnosis in Ukraine," *Reports of Vinnytsia National Medical University*, vol. 28, no. 1, pp. 113-120, 2024. [https://doi.org/10.31393/reports-vnmedical-2024-28\(1\)-20](https://doi.org/10.31393/reports-vnmedical-2024-28(1)-20)

24. M. A. R. Refat, M. Al Amin, C. Kaushal, M. N. Yeasmin, and M. K. Islam, "A comparative analysis of early stage diabetes prediction using machine learning and deep learning approach," in *Proceedings of the 2021 6th International Conference on Signal Processing, Computing and Control (ISPCC)*, 2021, pp. 654-659.
25. M. A. Aswathy and J. Mohan, "Analysis of machine learning algorithms for breast cancer detection," in *Handbook of Research on Applications and Implementations of Machine Learning Techniques*, IGI Global, 2020, pp. 1-20.
26. J. Kluk and M. R. Ogiela, "AI approaches in computer-aided diagnosis and recognition of neoplastic changes in MRI brain images," *Applied Sciences*, vol. 12, no. 23, p. 11880, 2022.
27. D. Alejandro Lopez, O. Montiel, M. Lopez-Montiel, and O. Castillo, "Computer aided diagnosis for COVID-19 with quantum computing and transfer learning," in *New Horizons for Fuzzy Logic, Neural Networks and Metaheuristics*, Cham: Springer Nature Switzerland, 2024, pp. 67-88.
28. Y. LeCun, Y. Bengio, and G. Hinton, "Deep learning," *Nature*, vol. 521, no. 7553, pp. 436-444, 2015.
29. Y. LeCun and Y. Bengio, "Convolutional networks for images, speech, and time series," in *The Handbook of Brain Theory and Neural Networks*, MIT Press, 1998.
30. A. Vaswani et al., "Attention is all you need," in *Advances in Neural Information Processing Systems 30 (NIPS 2017)*, 2017.
31. I. Goodfellow et al., "Generative Adversarial Nets," in *Advances in Neural Information Processing Systems*, Curran Associates, Inc., 2014. [Online]. Available:
https://papers.nips.cc/paper_files/paper/2014/hash/5ca3e9b122f61f8f06494c97b1afccf3-Abstract.html

32. I. Goodfellow, "NIPS 2016 Tutorial: Generative Adversarial Networks," *arXiv preprint arXiv:1701.00160*, 2017. <http://doi.org/10.48550/arXiv.1701.00160>
33. A. Krizhevsky, I. Sutskever, and G. E. Hinton, "Imagenet classification with deep convolutional neural networks," in *Advances in Neural Information Processing Systems 25*, 2012.
34. M. Tan and Q. Le, "Efficientnet: Rethinking model scaling for convolutional neural networks," in *Proceedings of the International Conference on Machine Learning (PMLR)*, 2019, pp. 6105-6114.
35. E. Real, A. Aggarwal, Y. Huang, and Q. V. Le, "Regularized evolution for image classifier architecture search," in *Proceedings of the AAAI Conference on Artificial Intelligence*, vol. 33, no. 01, 2019, pp. 4780-4789.
36. O. Ronneberger, P. Fischer, and T. Brox, "U-Net: Convolutional networks for biomedical image segmentation," in *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI 2015*, vol. 3, pp. 234-241. <https://doi.org/10.48550/arXiv.1505.04597>
37. V. Slobodzian, P. Radiuk, O. Barmak, and I. Krak, "Multi-stage segmentation and cascade classification methods for improving cardiac MRI analysis," *arXiv preprint arXiv:2412.09386*, 2024.
38. O. V. Kovalchuk and O. V. Barmak, "Метод класифікації аритмій на ЕКГ-сигналі," *Оптико-електронні інформаційно-енергетичні технології*, т. 48, № 2, с. 34-44, 2024.
39. O. Berezsky, P. Liashchynskyi, G. Melnyk, M. Dombrovskyi, and M. Berezkyi, "Synthesis of biomedical images based on generative intelligence tools," in *Proceedings of the 7th International Conference on Informatics & Data-Driven Medicine*, University of Birmingham, Birmingham, United Kingdom, 2024.

40. O. Berezsky, O. Pitsun, M. Berezky, Y. Batko, and G. Melnyk, "MLOps Approach for Automatic Image Segmentation Based on U-Net," 2024. <http://doi.org/10.20944/preprints202407.2447.v1>
41. O. M. Berezsky, P. B. Liashchynskiy, O. Y. Pitsun, and G. M. Melnyk, "Deep network-based method and software for small sample biomedical image generation and classification," *Radio Electronics, Computer Science, Control*, no. 4, pp. 76-76, 2023. <https://doi.org/10.15588/1607-3274-2023-4-8>
42. Z. Hu, Y. V. Bodyanskiy, N. Y. Kulishova, and O. K. Tyshchenko, "A multidimensional extended neo-fuzzy neuron for facial expression recognition," *International Journal of Intelligent Systems and Applications (IJISA)*, vol. 9, no. 9, pp. 29-36, 2017.
43. I. Izonin, R. Muzyka, R. Tkachenko, I. Dronyuk, K. Yemets, and S. A. Mitoulis, "A Method for Reducing Training Time of ML-Based Cascade Scheme for Large-Volume Data Analysis," *Sensors*, vol. 24, no. 15, p. 4762, 2024.
44. I. Izonin, R. Tkachenko, K. Yemets, and M. Havryliuk, "An interpretable ensemble structure with a non-iterative training algorithm to improve the predictive accuracy of healthcare data analysis," *Scientific Reports*, vol. 14, no. 1, p. 12947, 2024.
45. I. Izonin, R. Tkachenko, O. Gurbych, M. Kovac, L. Rutkowski, and R. Holoven, "A non-linear SVR-based cascade model for improving prediction accuracy of biomedical data analysis," *Mathematical Biosciences and Engineering*, vol. 20, no. 7, pp. 13398-13414, 2023.
46. P. Radiuk, O. Barmak, E. Manziuk, and I. Krak, "Explainable Artificial Intelligence: Transitioning DL Model Decisions to User-Understandable Features in Healthcare," 2024.

47. N. Melnykova, Y. Patereha, S. Skopivskyi, M. Farion, S. Fedushko, and K. Drohomiretska, "Machine learning for stroke prediction using imbalanced data," *Scientific Reports*, vol. 15, no. 1, p. 33773, 2025.
48. O. Basytiuk and N. Melnykova, "Multimodal Approaches for Natural Language Processing in Medical Data," in *Proceedings of the 5th International Conference on Informatics & Data-Driven Medicine (IDDM)*, 2022, pp. 246-252.
49. S. O. Subbotin, A. O. Oliinyk, and O. O. Oliinyk, *Неітеративні, еволюційні та мультиагентні методи синтезу нечіткологічних і нейромережних моделей: монографія*. Запоріжжя: ЗНТУ, 2009.
50. V. M. Lovkin, S. A. Subbotin, A. O. Oliinyk, and N. V. Myronenko, "Method and software component model for skin disease diagnosis," *Radio Electronics, Computer Science, Control*, no. 1, pp. 40-40, 2023.
51. N. Melnykova, N. Shakhovska, M. Gregus, V. Melnykov, M. Zakharchuk, and O. V. Vovk, "Data-driven analytics for personalized medical decision making," *Mathematics*, vol. 8, no. 8, p. 1211, 2020.
52. V. Shymanskyi, O. Ratinskiy, and N. Shakhovska, "Fractal neural network approach for analyzing satellite images," *Applied Artificial Intelligence*, vol. 39, no. 1, p. 2440839, 2025.
53. O. M. Berezsky et al., "Методи, алгоритми і програмні засоби опрацювання біомедичних зображень," 2017. [Online]. Available: <https://dspace.wunu.edu.ua/handle/316497/42322>
54. L. Seguin, M. Durandy, and C. C. Feral, "Lung adenocarcinoma tumor origin: a guide for personalized medicine," *Cancers*, vol. 14, no. 7, p. 1759, 2022. <https://www.mdpi.com/2072-6694/14/7/1759>
55. Міністерство охорони здоров'я України, Державне підприємство «Державний експертний центр Міністерства охорони здоров'я України» та Державне некомерційне підприємство «Національний інститут раку», " Рак молочної залози на ранніх стадіях: Клінічна

настанова, заснована на доказах," 2024. https://www.dec.gov.ua/wp-content/uploads/2025/02/kn_2025_rannij-rmz.pdf

56. O. M. Berezsky, G. M. Melnyk, O. Y. Pitsun, T. V. Datsko, I. M. Klishch, and V. B. Derysh, "База даних цифрових імуногістохімічних зображень раку молочної залози «ІНСДБІ»," Copyright Certificate No. 118979, July 31, 2023.
57. "Фільтрація зображень. (б.д.),". [Електронний ресурс]. Режим доступу: <http://ki.tneu.edu.ua/?c=CV&f=show#filtration>
58. K. Simonyan and A. Zisserman, "Very deep convolutional networks for large-scale image recognition," *arXiv preprint arXiv:1409.1556*, 2014.
59. C. Szegedy et al., "Going deeper with convolutions," in *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, 2015, pp. 1-9.
60. G. Huang, Z. Liu, L. Van Der Maaten, and K. Q. Weinberger, "Densely connected convolutional networks," in *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Recognition (CVPR)*, 2017, pp. 4700-4708.
61. J. Stoitsis, G. Gatzounis, N. Vlachos, and P. Vlachos, "Computer aided diagnosis based on medical image processing and artificial intelligence methods," *Nuclear Instruments and Methods in Physics Research Section A*, vol. 569, no. 2, pp. 591–595, 2006. <https://doi.org/10.1016/j.nima.2006.08.134>
62. M. N. Yeasmin, M. Al Amin, T. J. Joti, Z. Aung, and M. A. Azim, "Advances of AI in image-based computer-aided diagnosis: A review," *Array*, vol. 23, p. 100357, 2024. <https://doi.org/10.1016/j.array.2024.100357>
63. M. Naas, H. Mzoughi, I. Njeh, and M. B. Slima, "Deep learning based computer aided diagnosis (CAD) tool supported by explainable artificial

- intelligence for breast cancer exploration," *Applied Intelligence*, vol. 55, no. 7, p. 679, 2025.
64. F. Lizzi, C. Scapicchio, F. Laruina, A. Retico, and M. E. Fantacci, "Convolutional neural networks for breast density classification: performance and explanation insights," *Applied Sciences*, vol. 12, no. 1, p. 148, 2021.
 65. N. I. Papandrianos et al., "An explainable classification method of SPECT myocardial perfusion images in nuclear cardiology using deep learning and grad-CAM," *Applied Sciences*, vol. 12, no. 15, p. 7592, 2022.
 66. N. B. Bahadure, A. K. Ray, and H. P. Thethi, "Image analysis for MRI based brain tumor detection and feature extraction using biologically inspired BWT and SVM," *International Journal of Biomedical Imaging*, vol. 2017, p. 9749108, 2017.
 67. M. A. Al-Antari, M. A. Al-Masni, M. T. Choi, S. M. Han, and T. S. Kim, "A fully integrated computer-aided diagnosis system for digital X-ray mammograms via deep learning detection, segmentation, and classification," *International Journal of Medical Informatics*, vol. 117, pp. 44-54, 2018.
 68. Ž. Vujović, "Classification model evaluation metrics," *International Journal of Advanced Computer Science and Applications*, vol. 12, no. 6, pp. 599-606, 2021. <https://doi.org/10.14569/IJACSA.2021.0120670>
 69. N. Huynh, "Understanding evaluation metrics in Medical Image Segmentation," *Medium*, 2023. [Online]. Available: <https://surl.li/kjjkbq>
 70. M. M. Srikantamurthy, V. S. Rallabandi et al., "Classification of benign and malignant subtypes of breast cancer histopathology imaging using hybrid CNN-LSTM based transfer learning," *BMC Medical Imaging*, vol. 23, no. 1, p. 19, 2023. <http://dx.doi.org/10.1186/s12880-023-00964-0>
 71. M. Al-Jabbar, M. Alshahrani, E. M. Senan, and I. A. Ahmed, "Analyzing histological images using hybrid techniques for early detection of multi-

- class breast cancer based on fusion features of CNN and handcrafted," *Diagnostics*, vol. 13, no. 10, p. 1753, 2023. <http://dx.doi.org/10.3390/diagnostics13101753>
72. F. Miranda Ruiz, B. Lahrmann et al., "CNN stability training improves robustness to scanner and IHC-based image variability for epithelium segmentation in cervical histology," *Frontiers in Medicine*, vol. 10, p. 1173616, 2023. <http://dx.doi.org/10.3389/fmed.2023.1173616>
 73. N. Ünlükal, E. Ülker et al., "Histological tissue classification with a novel statistical filter-based convolutional neural network," *Anatomia, Histologia, Embryologia*, vol. 53, no. 4, e13073, 2024. <http://dx.doi.org/10.1111/ahe.13073>
 74. G. M. Dogar, M. Shahzad, and M. M. Fraz, "Attention augmented distance regression and classification network for nuclei instance segmentation and type classification in histology images," *Biomedical Signal Processing and Control*, vol. 79, p. 104199, 2023. <http://dx.doi.org/10.1016/j.bspc.2022.104199>
 75. S. Xiao, A. Qu, H. Zhong, and P. He, "A scale and region-enhanced decoding network for nuclei classification in histology image," *Biomedical Signal Processing and Control*, vol. 83, p. 104626, 2023.
 76. J. Carreras, "Celiac Disease Deep Learning Image Classification Using Convolutional Neural Networks," *Journal of Imaging*, vol. 10, no. 8, p. 200, 2024. <http://dx.doi.org/10.3390/jimaging10080200>
 77. R. C. Mani and J. Kamalakannan, "The comparative study of CNN models for breast histopathological image classification," in *Proceedings of the 2023 International Conference on Computer Communication and Informatics (ICCCI)*, 2023, pp. 1-5. <http://dx.doi.org/10.1109/ICCCI56745.2023.10128352>

78. A. Weber, K. Enderle-Ammour et al., "AI-Based Detection of Oral Squamous Cell Carcinoma with Raman Histology," *Cancers*, vol. 16, no. 4, p. 689, 2024. <http://dx.doi.org/10.3390/cancers16040689>
79. T. Shimizu, Y. Sasaki et al., "A trial deep learning-based model for four-class histologic classification of colonic tumor from narrow band imaging," *Scientific Reports*, vol. 13, no. 1, p. 7510, 2023. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-34750-3>
80. A. Karthikeyan, S. Jothilakshmi, and S. Suthir, "Colorectal cancer detection based on convolutional neural networks (CNN) and ranking algorithm," *Measurement: Sensors*, vol. 31, p. 100976, 2024. <https://doi.org/10.1016/j.measen.2023.100976>
81. M. S. Amin and H. Ahn, "FabNet: A features agglomeration-based convolutional neural network for multiscale breast cancer histopathology images classification," *Cancers*, vol. 15, no. 4, p. 1013, 2023. <http://dx.doi.org/10.3390/cancers15041013>
82. D. Sawant, J. Kundale, and P. Varma, "Hybrid Deep Learning based Multi-Classification of Breast Cancer Approach using Histology Images," in *Proceedings of the 2024 2nd International Conference on Advancement in Computation & Computer Technologies (InCACCT)*, 2024, pp. 564-569. <http://dx.doi.org/10.1109/InCACCT61598.2024.10551068>
83. V. Sreelekshmi, K. Pavithran, and J. J. Nair, "SwinCNN: An Integrated Swin Transformer and CNN for Improved Breast Cancer Grade Classification," *IEEE Access*, 2024. <http://dx.doi.org/10.1109/ACCESS.2024.3397667>
84. A. Kanadath, J. A. A. Jothi, and S. Urolagin, "CViTS-Net: A CNN-ViT Network with Skip Connections for Histopathology Image Classification," *IEEE Access*, 2024. <http://dx.doi.org/10.1109/ACCESS.2024.3448302>
85. A. Muniyasamy, S. A. S. Alquhtani et al., "Lung cancer histopathology image classification using transfer learning with convolution neural

- network model," *Technology and Health Care*, vol. 32, no. 2, pp. 1199-1210, 2023. <http://dx.doi.org/10.3233/THC-231029>
86. K. Kousalya and T. Saranya, "Improved the detection and classification of breast cancer using hyper parameter tuning," *Materials Today: Proceedings*, vol. 81, pp. 547-552, 2023. <https://doi.org/10.1016/j.matpr.2021.03.707>
87. S. Kanimozhi and S. Priyadarsini, "Breast Cancer Histopathological Image Classification Using CNN and VGG-19," in *Proceedings of the 2024 Third International Conference on Intelligent Techniques in Control, Optimization and Signal Processing (INCOS)*, 2024, pp. 1-6. <http://dx.doi.org/10.1109/INCOS59338.2024.10527543>
88. A. K. Chanchal, S. Lal et al., "Classification and grade prediction of kidney cancer histological images using deep learning," *Multimedia Tools and Applications*, pp. 1-21, 2024. <http://dx.doi.org/10.1007/s11042-024-18639-5>
89. E. O. Simonyan, J. A. Badejo, and J. S. Weijin, "Histopathological breast cancer classification using CNN," *Materials Today: Proceedings*, vol. 105, pp. 268-275, 2023. <https://doi.org/10.1016/j.matpr.2023.10.154>
90. I. Radosavovic et al., "Designing Network Design Spaces," in *Proceedings of the 2020 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, 2020. doi:10.48550/arXiv.2003.13678.
91. J. Ho, A. Jain, and P. Abbeel, "Denoising diffusion probabilistic models," *Advances in Neural Information Processing Systems* 33, pp. 6840-6851, 2020.
92. O. Berezsky, P. Liashchynskyi, O. Pitsun, and I. Izonin, "Synthesis of Convolutional Neural Network architectures for biomedical image classification," *Biomedical Signal Processing and Control*, vol. 95, p. 106325, 2024.

93. O. M. Berezsky and P. B. Liashchynskyi, "Method of generative-adversarial networks searching architectures for biomedical images synthesis," *Radio Electronics, Computer Science, Control*, no. 1, p. 104, 2024.
94. M. Y. C. Polley et al., "An international Ki67 reproducibility study," *Journal of the National Cancer Institute*, vol. 105, no. 24, pp. 1897-1906, 2013. <https://doi.org/10.1093/jnci/djt306>
95. N. Kumar, R. Gupta, and S. Gupta, "Whole slide imaging (WSI) in pathology: current perspectives and future directions," *Journal of Digital Imaging*, vol. 33, no. 4, pp. 1034-1040, 2020. <https://doi.org/10.1007/s10278-020-00351-z>
96. N. Siddique, S. Paheding, C. P. Elkin, and V. Devabhaktuni, "U-Net and its variants for medical image segmentation: A review of theory and applications," *IEEE Access*, vol. 9, pp. 82031-82057, 2021. <http://doi.org/10.1109/ACCESS.2021.3086020>
97. R. Mehta and T. Arbel, "3D U-Net for brain tumour segmentation," in *Proceedings of the International MICCAI Brainlesion Workshop*, vol. 2, pp. 254–266, 2018. http://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-11726-9_23
98. W. Chen, B. Liu, S. Peng, J. Sun, and X. Qiao, "S3D-UNet: Separable 3D U-Net for brain tumor segmentation," in *Proceedings of the International MICCAI Brainlesion Workshop*, vol. 2, pp. 358–368, 2018. http://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-11726-9_32
99. H. Li, A. Li, and M. Wang, "A novel end-to-end brain tumor segmentation method using improved fully convolutional networks," *Computers in Biology and Medicine*, vol. 108, pp. 150–160, 2019. <http://doi.org/10.1016/j.compbiomed.2019.03.014>
100. F. A. Dzul kifli, M. Y. Mashor, and H. Jaafar, "Colour thresholding-based automatic Ki67 counting procedure for immunohistochemical staining in meningioma," *International Journal of Computational Vision and*

- Robotics*, vol. 11, no. 3, pp. 279–298, 2021.
<http://doi.org/10.1504/IJCVR.2021.115160>
101. Y. Feng, L. Zhang, and Z. Yi, "Breast cancer cell nuclei classification in histopathology images using deep neural networks," *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery*, vol. 13, no. 2, pp. 179–191, 2018. <http://doi.org/10.1007/s11548-017-1663-9>
102. J. Shu et al., "Marker controlled superpixel nuclei segmentation and automatic counting on immunohistochemistry staining images," *Bioinformatics*, vol. 36, no. 10, pp. 3225–3233, 2020. <http://doi.org/10.1093/bioinformatics/btaa107>
103. S. Razavi et al., "An automated and accurate methodology to assess Ki-67 labeling index of immunohistochemical staining images of breast cancer tissues," in *Proceedings of the 25th International Conference on Systems, Signals and Image Processing (IWSSIP)*, 2018, pp. 1–5. <http://doi.org/10.1109/IWSSIP.2018.8439184>
104. D. Kazdal et al., "Conventional and semi-automatic histopathological analysis of tumor cell content for multigene sequencing of lung adenocarcinoma," *Translational Lung Cancer Research*, vol. 10, no. 4, p. 1666, 2021. <http://doi.org/10.21037/tlcr-20-1168>
105. C. Syrykh, A. Abreu et al., "Accurate diagnosis of lymphoma on whole-slide histopathology images using deep learning," *NPJ Digital Medicine*, vol. 3, no. 1, pp. 1–8, 2020. <http://doi.org/10.1038/s41746-020-0272-0>
106. A. Greenberg, A. Aizic et al., "Automatic ganglion cell detection for improving the efficiency and accuracy of Hirschsprung disease diagnosis," *Scientific Reports*, vol. 11, no. 1, pp. 1–9, 2021. <http://doi.org/10.1038/s41598-021-82869-y>
107. J. Oscanoa, F. Doimi et al., "Automated segmentation and classification of cell nuclei in immunohistochemical breast cancer images with estrogen receptor marker," in *Proceedings of the 38th Annual International*

Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC), 2016, pp. 2399–2402.
<http://doi.org/10.1109/EMBC.2016.7591213>

108. S. Benny and S. L. Varma, "Semantic segmentation in immunohistochemistry breast cancer images using deep learning," in *Proceedings of the 2021 International Conference on Advances in Computing, Communication, and Control (ICAC3)*, IEEE, 2021, pp. 1–3.
109. M. Z. Alom, C. Yakopcic et al., "Nuclei segmentation with recurrent residual convolutional neural networks based U-Net (R2U-Net)," in *Proceedings of the IEEE National Aerospace and Electronics Conference*, 2018, pp. 228–233. <http://doi.org/10.1109/NAECON.2018.8556686>
110. S. Benny and S. L. Varma, "Attention-enhanced residual U-Net for nucleus segmentation in immunohistochemistry images," *International Journal of Applied Engineering & Technology*, vol. 5, no. 4, pp. 1266–1283, 2023.
111. Z. Swiderska-Chadaj, H. Pinckaers et al., "Learning to detect lymphocytes in immunohistochemistry with deep learning," *Medical Image Analysis*, vol. 58, p. 101547, 2019. <http://doi.org/10.1016/j.media.2019.101547>
112. F. Kromp et al., "Evaluation of deep learning architectures for complex immunofluorescence nuclear image segmentation," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 40, no. 7, pp. 1934–1949, 2021. <http://doi.org/10.1109/TMI.2021.3069558>
113. F. D. Khameneh, S. Razavi, and M. Kamasak, "Automated segmentation of cell membranes to evaluate HER2 status in whole slide images using a modified deep learning network," *Computers in Biology and Medicine*, vol. 110, pp. 164–174, 2019. <http://doi.org/10.1016/j.compbiomed.2019.05.020>
114. L. B. Mahanta, E. Hussain et al., "IHC-Net: A fully convolutional neural network for automated nuclear segmentation and ensemble classification

- for Allred scoring in breast pathology," *Applied Soft Computing*, vol. 103, p. 107136, 2021. <http://doi.org/10.1016/j.asoc.2021.107136>
115. O. Berezsky, O. Pitsun, T. Datsko, B. Derysh, I. Tsmots, and V. Tesluk, "Specified diagnosis of breast cancer on the basis of immunohistochemical images analysis," in *Proceedings of the III International Conference on Informatics & Data-Driven Medicine (IDDM-2020)*, 2020, pp. 129-135.
116. A. Lagree, M. Mohebpour et al., "A review and comparison of breast tumor cell nuclei segmentation performances using deep convolutional neural networks," *Scientific Reports*, vol. 11, no. 1, pp. 1–11, 2021. <http://doi.org/10.1038/s41598-021-87496-1>
117. S. Xu et al., "GeNSeg-Net: A general segmentation framework for any nucleus in immunohistochemistry images," in *Proceedings of ACM Multimedia*, 2024, pp. 4475-4484. <https://doi.org/10.1145/3664647.3681441>
118. O. Berezsky, O. Pitsun, B. Derysh, I. Pazdriy, G. Melnyk, and Y. Batko, "Automatic segmentation of immunohistochemical images based on U-net architecture," in *Proceedings of the 2021 IEEE 16th International Conference on Computer Sciences and Information Technologies (CSIT)*, vol. 1, 2021, pp. 29-32.
119. W. Y. Yue, H. T. Zhang et al., "Predicting breast cancer subtypes using magnetic resonance imaging based radiomics with automatic segmentation," *Journal of Computer Assisted Tomography*, vol. 47, no. 5, pp. 729-737, 2023. <https://doi.org/10.1097/RCT.0000000000001474>
120. A. Aboudessouki, K. M. Ali et al., "Automated diagnosis of breast cancer using deep learning-based whole slide image analysis of molecular biomarkers," in *Proceedings of the 2023 IEEE International Conference on Image Processing (ICIP)*, 2023, pp. 2965-2969. <https://doi.org/10.1109/ICIP49359.2023.10222479>

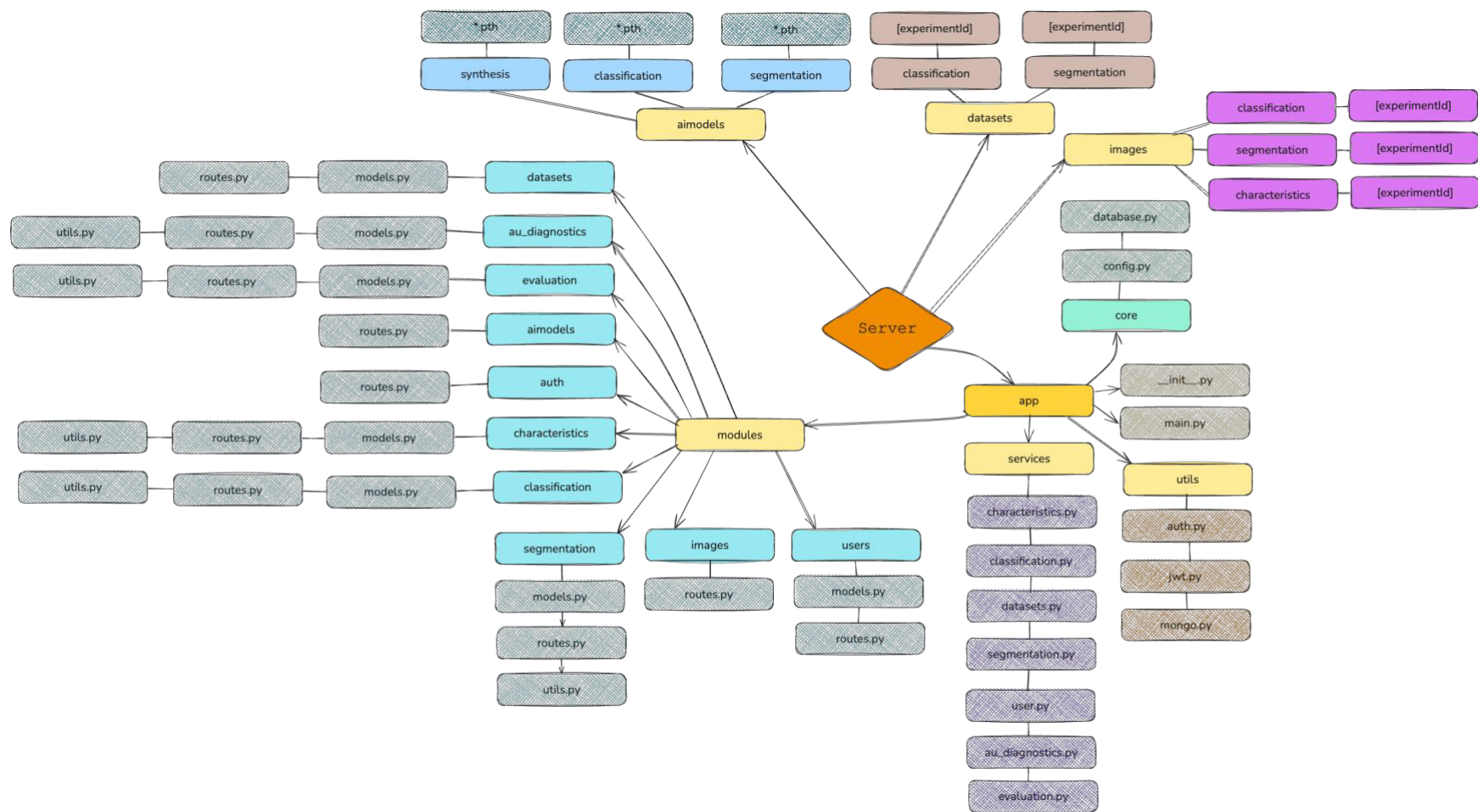
121. S. Niyas, R. Bygari, R. Naik, B. Viswanath et al., "Automated molecular subtyping of breast carcinoma using deep learning techniques," *IEEE Journal of Translational Engineering in Health and Medicine*, vol. 11, pp. 161-169, 2023. <https://doi.org/10.1109/JTEHM.2023.3241613>
122. Z. Chen, J. Zhang, S. Che, J. Huang, X. Han, and Y. Yuan, "Diagnose like a pathologist: Weakly-supervised pathologist-tree network for slide-level immunohistochemical scoring," in *Proceedings of the AAAI Conference on Artificial Intelligence*, vol. 35, no. 1, 2021, pp. 47-54. <https://doi.org/10.1609/aaai.v35i1.16076>
123. L. E. Morrison et al., "Brightfield multiplex immunohistochemistry with multispectral imaging," *Laboratory Investigation*, vol. 100, no. 8, pp. 1124-1136, 2020. <https://doi.org/10.1038/s41374-020-0429-0>
124. S. Suzuki, "Topological structural analysis of digitized binary images by border following," *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, vol. 30, no. 1, pp. 32-46, 1985. [http://doi.org/10.1016/0734-189X\(85\)90016-7](http://doi.org/10.1016/0734-189X(85)90016-7)
125. K. Cizkova, T. Foltynkova, M. Gachechiladze, and Z. Tauber, "Comparative analysis of immunohistochemical staining intensity determined by light microscopy, ImageJ and QuPath in placental Hofbauer cells," *Acta Histochemica et Cytochemica*, vol. 54, no. 1, pp. 21-29, 2021. <https://doi.org/10.1267/ahc.20-00032>
126. O. Berezsky, O. Pitsun, G. Melnyk, T. Datsko, I. Izonin, and B. Derysh, "An approach toward automatic specific diagnosis of breast cancer based on an immunohistochemical image," *Journal of Imaging*, vol. 9, no. 1, p. 12, 2023.
127. F. Cardoso, S. Kyriakides et al., "Early breast cancer: ESMO Clinical Practice Guidelines for diagnosis, treatment and follow-up," *Annals of Oncology*, vol. 30, no. 8, pp. 1194-1220, 2019. <https://doi.org/10.1093/annonc/mdz173>

128. J. Yanase and E. Triantaphyllou, "A systematic survey of computer-aided diagnosis in medicine: Past and present developments," *Expert Systems with Applications*, vol. 138, p. 112876, 2019.
129. S. Demuth, A. Maubon, F. Cotton, J.-P. Armspach, and D. Vian, "Clinical applications of deep learning in neuroinflammatory diseases: A scoping review," *Revue Neurologique*, 2024. <https://doi.org/10.1016/j.neurol.2024.04.004>
130. N. Fang et al., "Computer-aided multiphoton microscopy diagnosis of five different primary architecture subtypes of meningiomas," *Laboratory Investigation*, p. 100324, 2024. <https://doi.org/10.1016/j.labinv.2024.100324>
131. M. S. Brown, M. F. McNitt-Gray, D. F. Yankelevitz, C. I. Henschke, and D. R. Aberle, "An architecture for computer-aided detection and radiologic measurement of lung nodules in clinical trials," *Cancer Informatics*, vol. 4, 2007. <https://doi.org/10.1177/117693510700400001>
132. S. J. Kim, E. K. Park, Y. Choi, and M. H. Han, "Comparison of two software versions of a commercially available computer-aided detection (CAD) system for detecting breast cancer," *Acta Radiologica*, vol. 51, no. 5, pp. 482–490, 2010. <https://doi.org/10.3109/02841851003709490>
133. M. A. Al-Antari, S.-M. Han, and T.-S. Kim, "An automatic computer-aided diagnosis system for breast cancer in digital mammograms via deep belief network," *Journal of Medical and Biological Engineering*, vol. 38, no. 3, pp. 443–456, 2017. <https://doi.org/10.1007/s40846-017-0321-6>
134. B. Halalli and A. Makandar, "Computer aided diagnosis-medical image analysis techniques," in *Breast Imaging*, vol. 85, pp. 85-109, 2018.
135. J. A. Baker, E. L. Rosen, J. Y. Lo, and E. I. Gimenez, "Computer-aided detection (CAD) in screening mammography: Sensitivity of commercial CAD systems for detecting architectural distortion," *American Journal of*

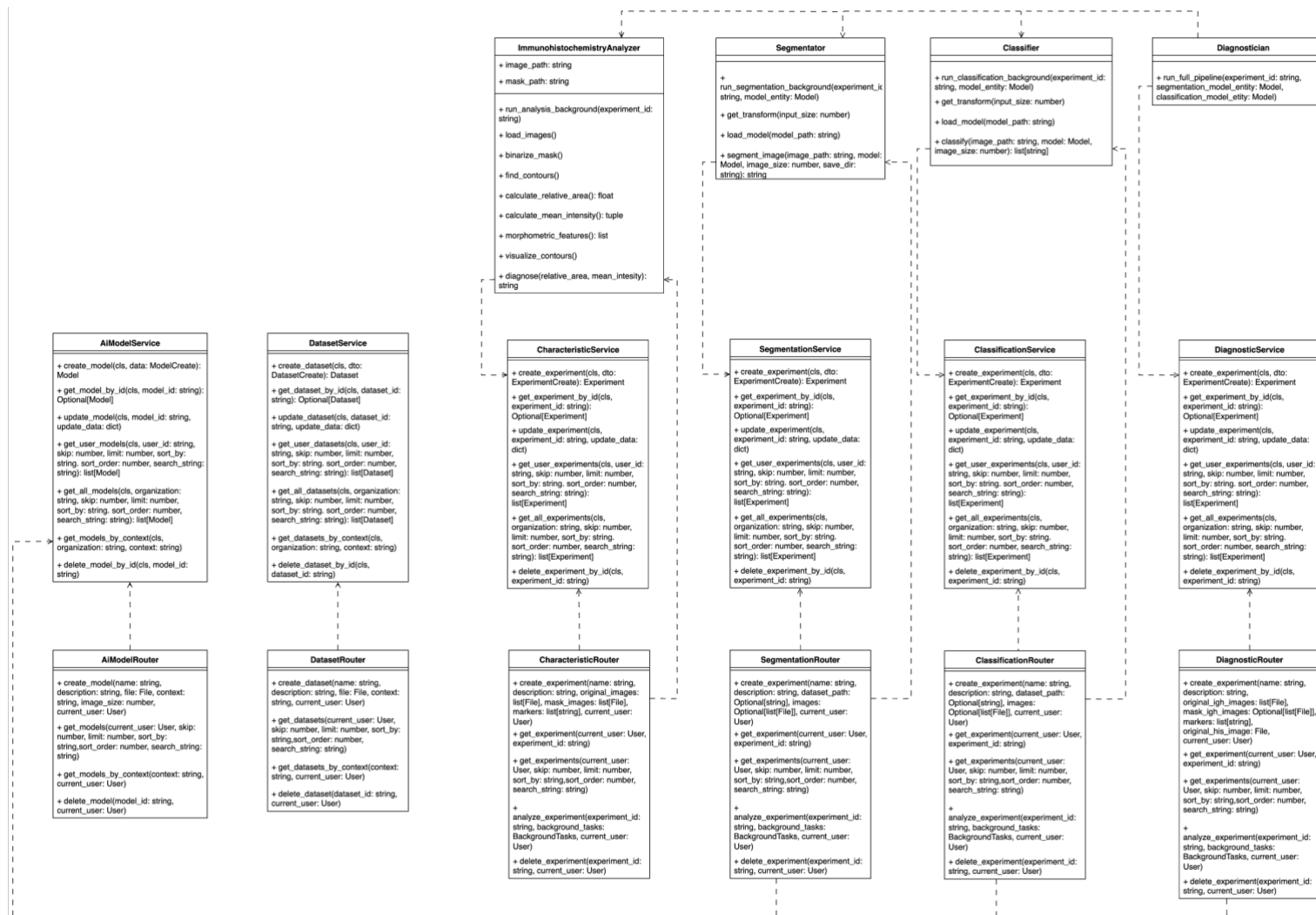
Roentgenology, vol. 181, no. 4, pp. 1083–1088, 2003.
<https://doi.org/10.2214/ajr.181.4.1811083>

136. P. Oza, P. Sharma, and S. Patel, "A drive through computer-aided diagnosis of breast cancer: a comprehensive study of clinical and technical aspects," in *Proceedings of ICRIC 2021: Recent Innovations in Computing*, vol. 1, 2022, pp. 233-249.
137. R. C. Martin, *Clean Architecture: A Craftsman's Guide to Software Structure and Design*, Prentice Hall Press, 2017.
138. ДСТУ ISO/IEC 25010:2025, "Інженерія систем і програмних засобів. Вимоги до якості систем і програмних засобів та її оцінювання (SQuaRE). Модель якості продукту," 2025.

ДОДАТОК А. СТРУКТУРА ДИРЕКТОРІЙ СЕРВЕРНОЇ ЧАСТИНИ ПРОГРАМНОЇ СИСТЕМИ



ДОДАТОК Б. UML-ДІАГРАМА КЛАСІВ СЕРВЕРНОЇ ЧАСТИНИ ДЛЯ АНАЛІЗУ ЗОБРАЖЕНЬ



ДОДАТОК В. ІНТЕРФЕЙС МОДУЛЯ «КОРИСТУВАЧІ»

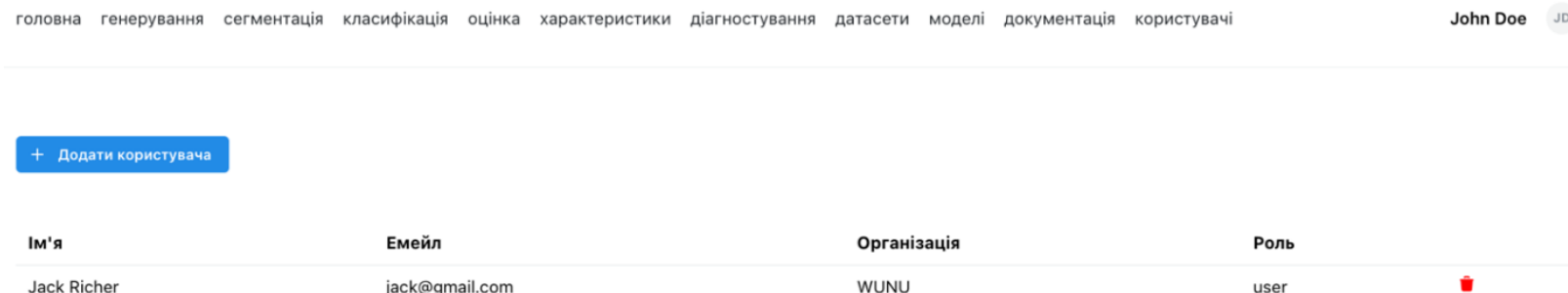


Рис. В.1. Головна сторінка модуля

Додати користувача

Ім'я *

Емейл *

Організація *

Роль *

Пароль *

Створити

Рис. В.2. Додавання користувача

Інформація про користувача

Ім'я *

Емейл *

Організація *

Роль *

Оновити

Рис. В.3. Редагування користувача

ДОДАТОК Д. ІНТЕРФЕЙС МОДУЛЯ «ДАТАСЕТИ»

Датасети

Завантаження датасетів для моделей нейронних мереж

+ Новий датасет Пошук...

Назва ↓	Призначення ↓	Опис	Створено користувачем	В межах організації	Створено ↓	Оновлено ↓	
Immunohistochemistry test	Сегментація	for segmentation	John Doe	WUNU	14.06.2025 14:26	14.06.2025 14:26	🗑️
G3	Класифікація	sadasd	John Doe	WUNU	05.06.2025 06:03	05.06.2025 06:03	🗑️
Immuno	Сегментація	asdasd	John Doe	WUNU	04.06.2025 12:51	04.06.2025 12:51	🗑️
G1	Класифікація	asdasd	John Doe	WUNU	03.06.2025 19:17	03.06.2025 19:17	🗑️

Рис. Д.1. Головна сторінка модуля

Новий датасет

Назва *

Опис *

Файл архіву

Призначення *

класифікація сегментація

Рис. Д.2. Вікно додавання нового датасету

ДОДАТОК Е. ІНТЕРФЕЙС МОДУЛЯ «ОБЧИСЛЕННЯ КІЛЬКІСНИХ ХАРАКТЕРИСТИК»

Обчислення кількісних характеристик

Екстракція морфометричних характеристик (середня інтенсивність та відсоток позитивних клітин)

+ Нове дослідження

Пошук...






Назва ↓	Статус ↓	Створено користувачем	В межах організації	Створено ↓	Оновлено ↓	
pc	ЗАВЕРШЕНО	John Doe	WUNU	28.10.2025 14:12	28.10.2025 14:12	
hbhbjh	ЗАВЕРШЕНО	John Doe	WUNU	28.10.2025 14:06	28.10.2025 14:08	
kjbkb	ЗАВЕРШЕНО	John Doe	WUNU	13.08.2025 20:20	13.08.2025 20:21	
Test	ЗАВЕРШЕНО	John Doe	WUNU	13.08.2025 14:38	30.04.2026 23:55	
sas	ЗАВЕРШЕНО	John Doe	WUNU	13.08.2025 14:31	13.08.2025 14:31	
Тестове дослідження 1	ЗАВЕРШЕНО	John Doe	WUNU	13.06.2025 16:09	01.05.2026 00:14	
sadasd	ЗАВЕРШЕНО	John Doe	WUNU	05.06.2025 06:00	13.08.2025 14:12	

Рис. Е.1. Головна сторінка модуля

Нове дослідження

Назва *

Тестове дослідження 1

Опис *

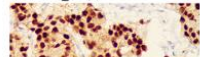
Тестовий опис 1

Оригінальні зображення

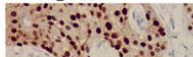
ER

PR

1214-20E_2 X



1214-20P_2 X



HER2

KI67

861H_2 X



1214-20Ki X



Маски (сегментовані зображення)

ER

PR

1214-20E_2_мас X



1214-20P_2_мас X



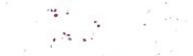
HER2

KI67

861H_2_мас X



1214-20Ki_мас X



Створити

Обчислення кількісних характеристик

Екстракція морфометричних характеристик (середня інтенсивність та відсоток позитивних клітин)

Тестове дослідження 1

Створено: 13 черв 2025, 16:09

Востаннє оновлено: 01 трав 2026, 00:14

Статус: **ЗАВЕРШЕНО**

Тестовий опис 1

Аналізувати зображення

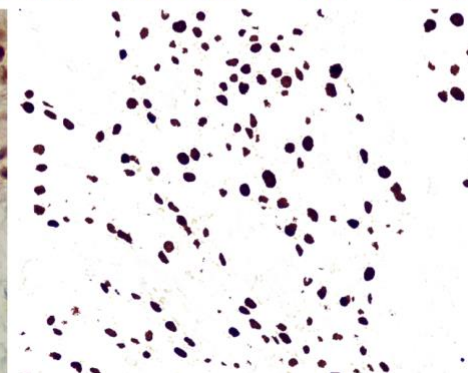
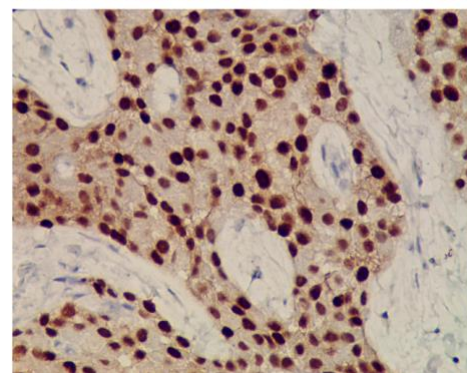
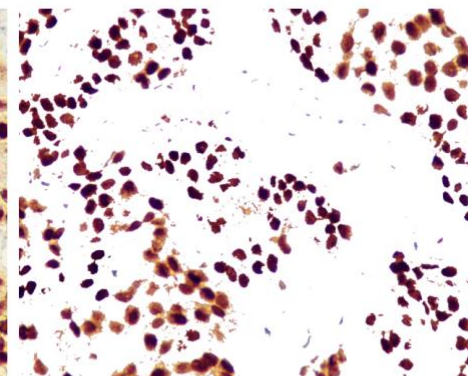
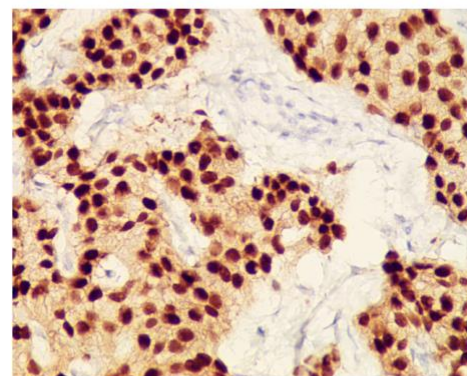
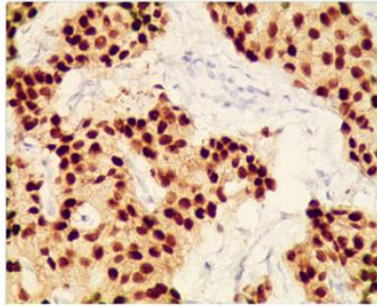


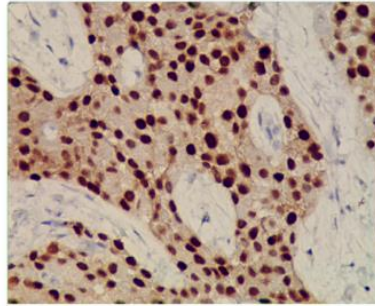
Рис. Е.2. Сторінка дослідження

Рис. Е.3. Вікно створення нового дослідження із заповненими полями

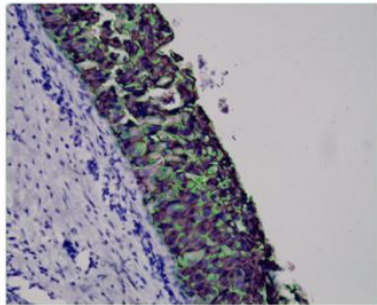
**Люмінальний В-подібний (HER2-позитивний) — ER: 87.50% (+), PR: 0.00% (-),
HER2: 92.75% (+), Ki-67: 66.67% (високий)**



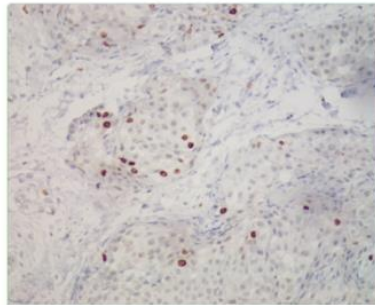
Мітка: **ER**
Відсоток позитивних клітин: 87.50%
Інтенсивність: **+++**
Результат: Позитивний



Мітка: **PR**
Відсоток позитивних клітин: 0.00%
Інтенсивність: **+++**
Результат: Негативний



Мітка: **HER2**
Відсоток позитивних клітин: 92.75%
Інтенсивність: **+++**
Результат: Позитивний



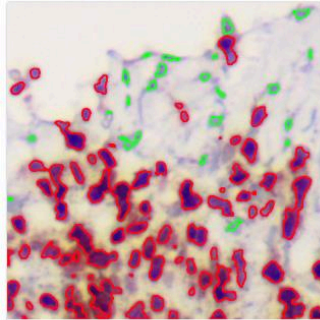
Мітка: **Ki-67**
Відсоток позитивних клітин: 66.67%
Інтенсивність: **+++**
Результат: Високий

[Сховати результати](#)

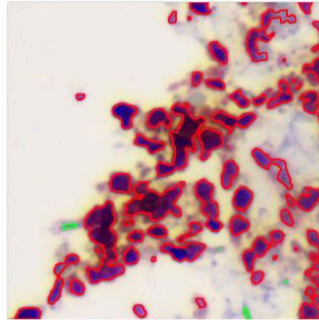
Рис. Е.4. Результати дослідження

ДОДАТОК Ж. СТОРІНКА РЕЗУЛЬТАТУ АВТОМАТИЧНОГО ДІАГНОСТУВАННЯ

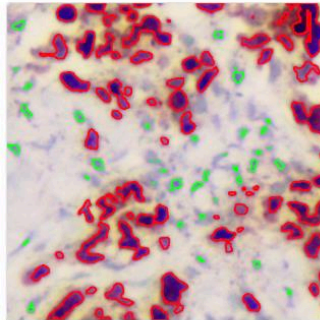
Люмінальний В-подібний (HER2-позитивний) — ER: 76.60% (+), PR: 93.75% (+), HER2: 64.35% (+), Ki-67: 87.63% (високий)



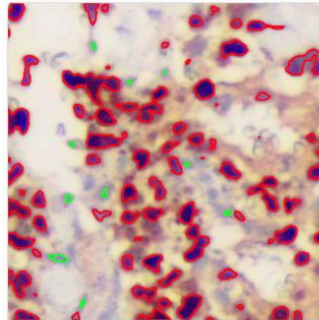
Мітка: ER
Відсоток позитивних клітин: 76.60%
Інтенсивність: [висока](#)
Результат: Позитивний



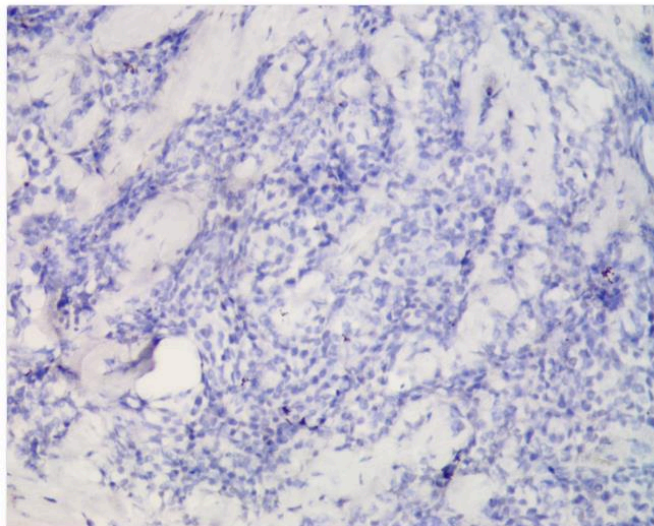
Мітка: PR
Відсоток позитивних клітин: 93.75%
Інтенсивність: [висока](#)
Результат: Позитивний



Мітка: HER2
Відсоток позитивних клітин: 64.35%
Інтенсивність: [висока](#)
Результат: Позитивний



Мітка: Ki-67
Відсоток позитивних клітин: 87.63%
Інтенсивність: [висока](#)
Результат: Високий

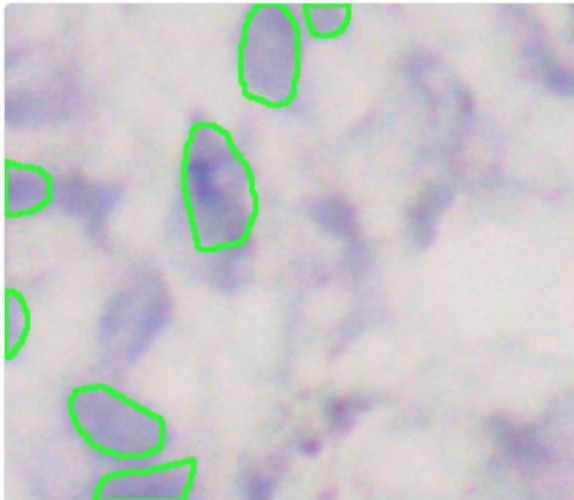


Клас: G2

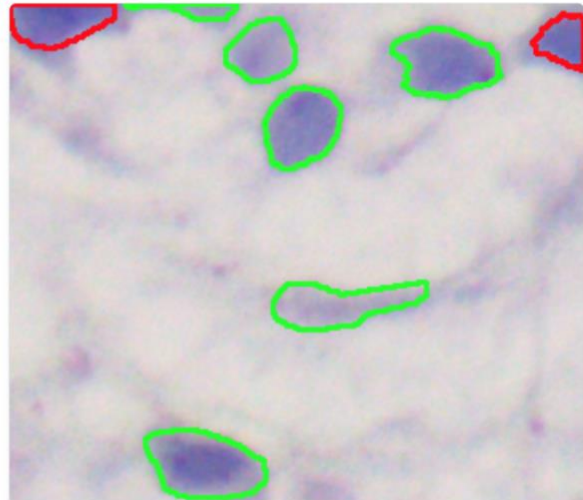
[Скопіювати результати](#)

ДОДАТОК II. СТОРІНКА РЕЗУЛЬТАТУ ОБЧИСЛЕННЯ КІЛЬКІСНИХ ХАРАКТЕРИСТИК

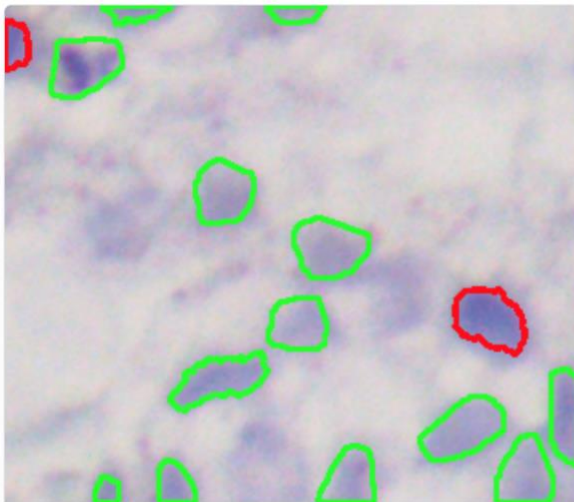
**Невизначено — ER: 0.00% (-), PR: 25.00% (+), HER2: 13.33% (+), Ki-67: 11.11%
(проміжний)**



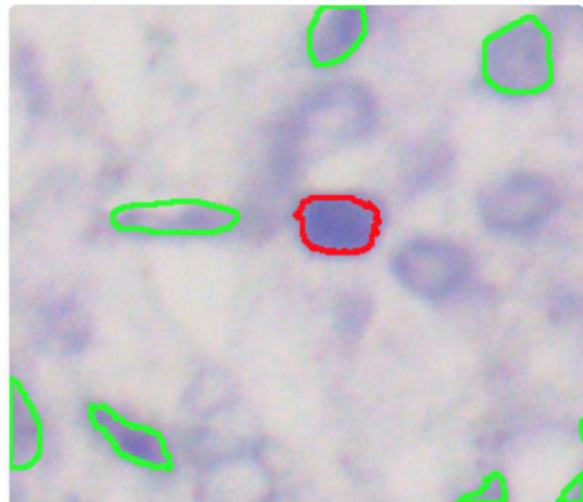
Мітка: ER
Відсоток позитивних клітин: 0.00%
Інтенсивність: НЕВИЗНАЧЕНА
Результат: Негативний



Мітка: PR
Відсоток позитивних клітин: 25.00%
Інтенсивність: НИЗЬКА
Результат: Позитивний



Мітка: HER2
Відсоток позитивних клітин: 13.33%
Інтенсивність: НИЗЬКА
Результат: Позитивний



Мітка: Ki67
Відсоток позитивних клітин: 11.11%
Інтенсивність: НИЗЬКА
Результат: Проміжний

[Сховати результати](#)

ДОДАТОК К. ПРИКЛАД PYTHON-КОДУ ВХІДНОЇ ТОЧКИ СЕРВЕРНОЇ ЧАСТИНИ ПРОГРАМИ

```
from fastapi import FastAPI
from fastapi.middleware.cors import CORSMiddleware
from app.modules.auth.routes import router as auth_router
from app.modules.users.routes import router as users_router
from app.modules.aimodels.routes import router as aimodels_router
from app.modules.characteristics.routes import router as characteristics_router
from app.modules.images.routes import router as images_router
from app.modules.classification.routes import router as classification_router
from app.modules.segmentation.routes import router as segmentation_router
from app.modules.datasets.routes import router as datasets_router
from app.modules.diagnostics.routes import router as diagnostics_router
from app.core.database import check_db_connection
app = FastAPI(title="BRECCAD Server")
app.add_middleware(
    CORSMiddleware,
    allow_origins=["http://localhost:3000"],
    allow_credentials=True,
    allow_methods=["*"],
    allow_headers=["*"],
)
@app.on_event("startup")
async def startup_db_check():
    await check_db_connection()
app.include_router(auth_router)
app.include_router(users_router)
app.include_router(aimodels_router)
app.include_router(characteristics_router)
app.include_router(images_router)
app.include_router(classification_router)
app.include_router(segmentation_router)
app.include_router(datasets_router)
app.include_router(diagnostics_router)
@app.get("/")
def root():
    return {"message": "Hello from BRECCAD-server!"}
```

ДОДАТОК Л. ПРИКЛАД PYTHON-КОДУ СЕРВІСУ КЛАСИФІКАЦІЇ

```
from datetime import datetime
from typing import Optional
from bson import ObjectId
from app.modules.classification.models import Classification, ClassificationCreate,
ClassificationWithUser
from app.modules.users.models import UserPublic
from app.core.database import db
class ClassificationService:
    collection = db["classification"]
    @classmethod
    async def create_experiment(cls, exp_data: ClassificationCreate) -> Classification:
        now = datetime.utcnow()
        data = exp_data.dict(by_alias=True, exclude={"_id"})
        data.update({
            "created_at": now,
            "updated_at": now,
            "status": "created",
            "predicted_classes": None,
        })
        result = await cls.collection.insert_one(data)
        exp = await cls.collection.find_one({"_id": result.inserted_id})
        return Classification(**exp)
    @classmethod
    async def get_experiment_by_id(cls, experiment_id: str) -> Optional[Classification]:
        exp = await cls.collection.find_one({"_id": ObjectId(experiment_id)})
        if exp:
            return Classification(id=str(exp["_id"]), **exp)
        return None
    @classmethod
    async def update_experiment(cls, experiment_id: str, update_data: dict) -> None:
        update_data["updated_at"] = datetime.utcnow()
        result = await cls.collection.update_one({"_id": ObjectId(experiment_id)}, {"$set":
update_data})
        return {"updated_exp": experiment_id}
    @classmethod
    async def get_user_experiments(
        cls,
        user_id: str,
        skip: int = 0,
        limit: int = 10,
        sort_by: str = "created_at",
        sort_order: int = -1, # -1 desc, 1 asc
        search_string: str = ""
    ) -> list[ClassificationWithUser]:
        total_count = await cls.collection.count_documents({"created_by": ObjectId(user_id)})
```

```

    pipeline = [
        {"$match": {"created_by": ObjectId(user_id), "name": {"$regex": search_string, "$options":
"i"}}},
        {"$sort": {sort_by: sort_order}},
        {"$skip": skip},
        {"$limit": limit},
        {
            "$lookup": {
                "from": "users",
                "localField": "created_by",
                "foreignField": "_id",
                "as": "created_by"
            }
        },
        {"$unwind": "$created_by"}
    ]
    experiments = []
    cursor = cls.collection.aggregate(pipeline)
    async for exp in cursor:
        exp["created_by"] = UserPublic(**exp["created_by"])
        experiments.append(ClassificationWithUser(**exp))
    return {
        "items": experiments,
        "total": total_count,
        "total_pages": (total_count + limit - 1) // limit
    }
}

@classmethod
async def get_all_experiments(
    cls,
    organization: str,
    skip: int = 0,
    limit: int = 10,
    sort_by: str = "created_at",
    sort_order: int = -1, # -1 desc, 1 asc
    search_string: str = "",
) -> list[ClassificationWithUser]:
    total_count = await cls.collection.count_documents({"organization": organization})
    pipeline = [
        {"$match": {"organization": organization, "name": {"$regex": search_string, "$options":
"i"}}},
        {"$sort": {sort_by: sort_order}},
        {"$skip": skip},
        {"$limit": limit},
        {
            "$lookup": {
                "from": "users",
                "localField": "created_by",
                "foreignField": "_id",
                "as": "created_by"
            }
        }
    ]

```

```

    },
    {"$unwind": "$created_by"}
]
experiments = []
cursor = cls.collection.aggregate(pipeline)
async for exp in cursor:
    exp["created_by"] = UserPublic(**exp["created_by"])
    experiments.append(ClassificationWithUser(**exp))
return {
    "items": experiments,
    "total": total_count,
    "total_pages": (total_count + limit - 1) // limit
}
}

@classmethod
async def delete_experiment_by_id(cls, experiment_id: str) -> None:
    await cls.collection.delete_one({"_id": ObjectId(experiment_id)})

```

ДОДАТОК М. ПРИКЛАД PУТНОН-КОДУ ЕНДПОЙНТУ КЛАСИФІКАЦІЇ

```
from typing import List, Optional
from fastapi import APIRouter, Depends, HTTPException, BackgroundTasks, Form, File, UploadFile, Query
from app.services.users import UserService
from app.modules.users.models import UserRole
from app.modules.classification.models import Classification, ClassificationCreate, ClassificationRequest
from app.services.classification import ClassificationService
from app.services.aimodels import AiModelService
from app.modules.classification.utils import run_classification_background
from pathlib import Path
import zipfile
import shutil

router = APIRouter(prefix="/classification", tags=["classification"])
BASE_DIR = Path("images/classification")
DATASET_DIR = Path("datasets/classification")
@router.post("/")
async def create_experiment(
    name: str = Form(...),
    description: str = Form(...),
    dataset_path: Optional[str] = Form(None),
    images: Optional[List[UploadFile]] = File(None),
    current_user=Depends(UserService.get_current_user),
):
    if not images and not dataset_path:
        raise HTTPException(status_code=400, detail="Either images or dataset_path must be provided.")
    if images and dataset_path:
        raise HTTPException(status_code=400, detail="Provide either images or dataset_path, not both.")
    exp_data = ClassificationCreate(
        name=name,
        description=description,
        created_by=current_user.id,
        organization=current_user.organization,
    )
    experiment = await ClassificationService.create_experiment(exp_data)
    exp_dir = BASE_DIR / str(experiment.id)
    originals_dir = exp_dir / "originals"
    originals_dir.mkdir(parents=True, exist_ok=True)
    image_paths = []
    if images:
        for i, img in enumerate(images):
            ext = Path(img.filename).suffix or ".png"
            path = originals_dir / f"{experiment.id}_{i}{ext}"
            with open(path, "wb") as f:
                f.write(await img.read())
            image_paths.append(str(path))
```

```

elif dataset_path:
    filename = Path(dataset_path).name
    dataset_file = DATASET_DIR / filename
    if not dataset_file.exists() or not dataset_file.is_file():
        raise HTTPException(status_code=404, detail=f"Dataset archive not found: {dataset_file}")
    try:
        with zipfile.ZipFile(dataset_file, 'r') as zip_ref:
            for zip_info in zip_ref.infolist():
                if zip_info.is_dir():
                    continue
                if "__MACOSX" in zip_info.filename:
                    continue
                file_name = Path(zip_info.filename).name
                dest_path = originals_dir / file_name
                counter = 1
                while dest_path.exists():
                    dest_path = originals_dir / f"{dest_path.stem}_{counter}{dest_path.suffix}"
                    counter += 1
                with zip_ref.open(zip_info) as source, open(dest_path, 'wb') as target:
                    shutil.copyfileobj(source, target)
                if dest_path.suffix.lower() in [".jpg", ".jpeg", ".png", ".bmp", ".tiff"]:
                    image_paths.append(str(dest_path))
    except zipfile.BadZipFile:
        raise HTTPException(status_code=400, detail="Invalid zip file.")
    if not image_paths:
        raise HTTPException(status_code=400, detail="No image files found in the archive.")
    await ClassificationService.update_experiment(experiment.id, {
        "image_paths": image_paths
    })
    return {"experiment_id": str(experiment.id)}

@router.get("/{experiment_id}", response_model=Classification)
async def get_experiment(
    experiment_id: str,
    current_user=Depends(UserService.get_current_user),
):
    experiment = await ClassificationService.get_experiment_by_id(experiment_id)
    if not experiment:
        raise HTTPException(status_code=404, detail="Experiment not found")
    if current_user.role != UserRole.ADMIN and experiment.created_by != str(current_user.id):
        raise HTTPException(status_code=403, detail="Forbidden")
    return experiment

@router.get("/")
async def get_experiments(
    current_user = Depends(UserService.get_current_user),
    skip: int = Query(0, ge=0),
    limit: int = Query(10, ge=1, le=100),
    sort_by: str = Query("created_at"),
    sort_order: int = Query(-1), # -1 = DESC, 1 = ASC
    search_string: str = Query(""),
):

```

```

valid_sort_fields = {"created_at", "updated_at", "name", "status"}
if sort_by not in valid_sort_fields:
    raise HTTPException(status_code=400, detail="Invalid sort field")
if current_user.role == UserRole.ADMIN:
    experiments = await ClassificationService.get_all_experiments(
        organization=current_user.organization,
        skip=skip,
        limit=limit,
        sort_by=sort_by,
        sort_order=sort_order,
        search_string=search_string
    )
else:
    experiments = await ClassificationService.get_user_experiments(
        user_id=str(current_user.id),
        skip=skip,
        limit=limit,
        sort_by=sort_by,
        sort_order=sort_order,
        search_string=search_string
    )
return experiments
@router.post("/classify/{experiment_id}")
async def analyze_experiment(
    experiment_id: str,
    request: ClassificationRequest,
    background_tasks: BackgroundTasks,
    current_user = Depends(UserService.get_current_user),
):
    experiment = await ClassificationService.get_experiment_by_id(experiment_id)
    if not experiment: raise HTTPException(status_code=404, detail="Experiment not found")
    model = await AiModelService.get_model_by_id(request.model_id)
    if not model:
        raise HTTPException(status_code=404, detail="Model not found")
    if current_user.role != UserRole.ADMIN and experiment.created_by != str(current_user.id):
        raise HTTPException(status_code=403, detail="Forbidden")
    background_tasks.add_task(run_classification_background, experiment_id, model)
    return {"message": f"Analysis started for experiment {str(experiment_id)}"}
@router.delete("/{experiment_id}", response_model=dict)
async def delete_experiment(
    experiment_id: str,
    current_user = Depends(UserService.get_current_user),
):
    experiment = await ClassificationService.get_experiment_by_id(experiment_id)
    if not experiment:
        raise HTTPException(status_code=404, detail="Experiment not found")
    if current_user.role != UserRole.ADMIN and experiment.created_by != str(current_user.id):
        raise HTTPException(status_code=403, detail="Forbidden")
    await ClassificationService.delete_experiment_by_id(experiment_id)
    return {"message": "Experiment deleted successfully"}

```

ДОДАТОК Н. ПРИКЛАД TYPESCRIPT-КОДУ ВХІДНОЇ ТОЧКИ КЛІЄНТСЬКОЇ ЧАСТИНИ ПРОГРАМИ

```
import { Open_Sans } from 'next/font/google';
import {
  MantineProvider, DEFAULT_THEME, mantineHtmlProps, ColorSchemeScript
} from '@mantine/core';
import { Header } from '@components/Header';
import '@mantine/core/styles.css';
import type React from 'react';
import { Metadata } from 'next';
import { QueryProvider } from '@components/QueryProvider';
import Head from 'next/head';
import { AuthProvider } from '@components/AuthProvider';
import { Notifications } from '@mantine/notifications';
export const metadata: Metadata = {
  title:
    'Система автоматичного діагностування раку і підтипів раку грудної залози BRECCAD',
  description:
    'Комплексний підхід до аналізу медичних зображень з використанням глибокого навчання'
};
const openSans = Open_Sans({
  variable: '--font-open-sans',
  subsets: ['latin', 'cyrillic']
});
export default async function RootLayout({
  children
}) {
  return (
    <html lang="uk" {...mantineHtmlProps}>
      <Head>
        <ColorSchemeScript />
      </Head>
      <body className={openSans.variable}>
        <QueryProvider>
          <MantineProvider theme={DEFAULT_THEME}>
            <Notifications autoClose={3000} position="bottom-right" />
            <AuthProvider>
              <Header />
              {children}
            </AuthProvider>
          </MantineProvider>
        </QueryProvider>
      </body>
    </html>
  );
}
```

ДОДАТОК П. ПРИКЛАД TYPESCRIPT-КОДУ СТОРІНКИ СЕГМЕНТАЦІЇ

```
'use client';
import { useDeleteSegmentationResearch } from '@app/hooks/segmentation/useDeleteSegmentationResearch';
import { useFetchSegmentationResearches } from
 '@app/hooks/segmentation/useFetchSegmentationResearches';
import { Segmentation } from '@app/types/segmentationTypes';
import { DeleteModal } from '@components/DeleteModal';
import { NewSegmentationClassificationDrawer } from '@components/NewSegClaResearchDrawer';
import { CustomTable } from '@components/Table';
import {
  Box,Button,Container,Divider,Group,Pagination,Select,TextInput
} from '@mantine/core';
import { useDisclosure } from '@mantine/hooks';
import { IconPlus, IconX } from '@tabler/icons-react';
import { useState } from 'react';
const Page = () => {
  const [researchId, setResearchId] = useState<string>('');
  const [page, setPage] = useState<number>(1);
  const [limit, setLimit] = useState<number>(10);
  const [sort, setSort] = useState<string>('created_at');
  const [sortOrder, setSortOrder] = useState<1 | -1>(-1);
  const [searchString, setSearchString] = useState<string>('');
  const [
    createDrawerOpened,
    { open: openCreateDrawer, close: closeCreateDrawer }
  ] = useDisclosure(false);
  const [
    deleteModalOpened,
    { open: openDeleteModal, close: closeDeleteModal }
  ] = useDisclosure(false);
  const { researches, totalDocs, totalPages } = useFetchSegmentationResearches({
    page,
    limit,
    sort,
    sortOrder,
    searchString
  });
  const { deleteResearch } = useDeleteSegmentationResearch();

  const deleteResearchHandler = async () => {
    if (researchId) {
      await deleteResearch(researchId);
      setTimeout(() => closeDeleteModal(), 300);
    }
  };
  return (
```

```

<>
<Container size="x1" my="md">
  <Group justify="space-between">
    <Button
      my={40}
      size="xs"
      leftSection={<IconPlus size={15} />}
      onClick={openCreateDrawer}
    >
      Нове дослідження
    </Button>
    <TextInput
      size="xs"
      placeholder="Пошук..."
      value={searchString}
      onChange={event => setSearchString(event.currentTarget.value)}
      rightSection={
        <IconX
          cursor="pointer"
          size={16}
          onClick={() => setSearchString('')}
          style={{ display: searchString ? 'block' : 'none' }}
        />
      }
    />
  </Group>
  {totalDocs > 0 && (
    <CustomTable<Segmentation>
      entities={researches}
      setEntityId={setResearchId}
      openEditMode={(entityId?: string) =>
        globalThis.open(`/segmentation/${entityId}`, '_self')}
      }
      openDeleteMode={openDeleteModal}
      entityTds={[
        'name',
        'status',
        'created_by.name',
        'organization',
        'created_at',
        'updated_at'
      ]}
      entityThs={[
        'Назва',
        'Статус',
        'Створено користувачем',
        'В межах організації',
        'Створено',
        'Оновлено'
      ]}
    )}
  ]}

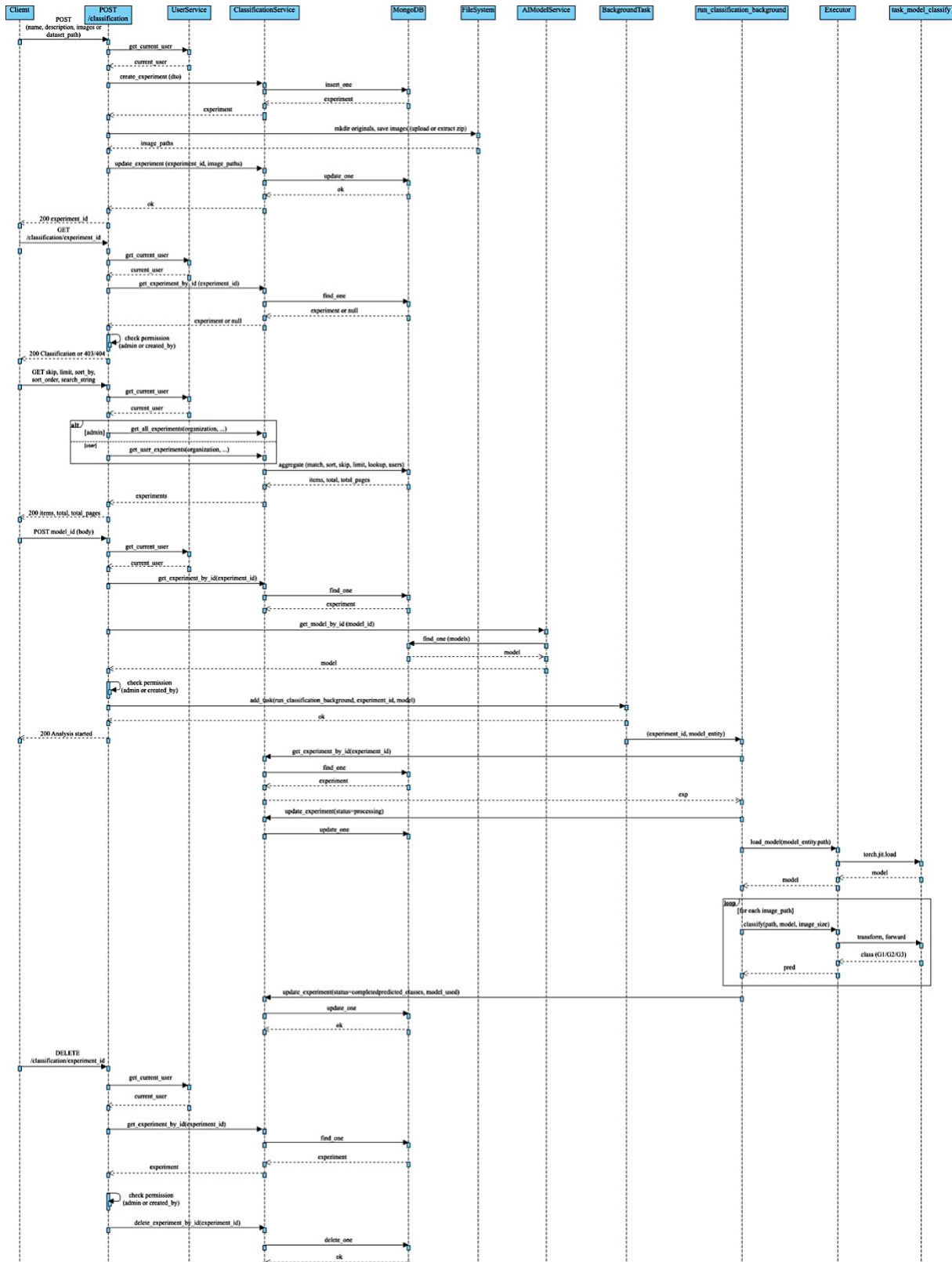
```

```

        clickOnColumn={key => {
            setSort(key);
            setSortOrder(previous => (previous === 1 ? -1 : 1));
        }}
        validFieldToSort={['name', 'status', 'created_at', 'updated_at']}
        currentSortField={sort}
    />
    )}
<NewSegmentationClassificationDrawer
    opened={createDrawerOpened}
    close={closeCreateDrawer}
    context="segmentation"
/>
{totalPages > 1 && (
    <Box>
        <Divider my="xl" />
        <Group>
            <Pagination
                value={page}
                onChange={setPage}
                total={totalPages}
                size="sm"
                withControls
            />
            <Select
                size="xs"
                value={String(limit)}
                onChange={value => setLimit(Number(value))}
                data={['10', '30', '50', '100']}
            />
        </Group>
    </Box>
)}
</Container>
<DeleteModal
    opened={deleteModalOpened}
    onClose={closeDeleteModal}
    title="Видалити дослідження"
    message="Ви впевнені, що хочете видалити дослідження? Ця дія є незворотною."
    deleteHandler={deleteResearchHandler}
/>
</>
);
};
export default Page;

```

ДОДАТОК Р. ДІАГРАМА ПОСЛІДОВНОСТІ МОДУЛЯ «КЛАСИФІКАЦІЯ»



ДОДАТОК С. СПИСОК ПУБЛІКАЦІЙ ЗА ТЕМОЮ ДИСЕРТАЦІЇ

- [1] О. М. Березький, О. Й. Піцун, П. Б. Ляцинський, П. Б. Ляцинський, та Т. М. Долинюк, "Інтелектуальна система автоматизованої мікроскопії аналізу гістологічних та цитологічних зображень," *Штучний інтелект*, № 2, с. 129–141, 2017. <https://nasplib.isoftware.kiev.ua/server/api/core/bitstreams/89348bd4-0402-44d6-b8a8-ef450a323021/content>
- [2] О. М. Березький, П. Б. Ляцинський, П. Б. Ляцинський, А. Р. Сухович, та Т. М. Долинюк, "Синтез біомедичних зображень на основі генеративно-змагальних мереж," *Український журнал інформаційних технологій*, т. 1, № 1, с. 35–40, 2019. <http://doi.org/10.23939/ujit2019.01.035>
- [3] P. Liashchynskyi and P. Liashchynskyi, "Analysis of metrics for GAN evaluation," *Computer Systems and Information Technologies*, no. 4, pp. 44–51, 2023. <http://doi.org/10.31891/csit-2023-4-6>
- [4] O. M. Berezsky and P. V. Liashchynskyi, "Development of the architecture of a computer aided diagnosis system in medicine," *Applied Aspects of Information Technology*, vol. 7, no. 4, pp. 359–369, 2024. <http://doi.org/10.15276/aait.07.2024.25>
- [5] П. Б. Ляцинський та О. М. Березький, "Системи комп'ютерного діагностування: методи та засоби," *Український журнал інформаційних технологій*, т. 6, № 2, с. 57–63, 2024. <http://doi.org/10.23939/ujit2024.02.057>
- [6] P. V. Liashchynskyi, "Classification of histological images based on convolutional neural networks," *Radio Electronics, Computer Science, Control*, no. 4, pp. 116–128, 2025. <http://doi.org/10.15588/1607-3274-2025-4-11>

- [7] O. Berezsky, P. Liashchynskyi, P. Liashchynskyi, and P. Selsky, "Devising a comprehensive approach to diagnosing breast cancer subtypes automatically based on deep neural networks," *Eastern-European Journal of Enterprise Technologies*, vol. 6, no. 2 (138), pp. 15–25, 2025. <http://doi.org/10.15587/1729-4061.2025.344041>
- [8] O. M. Berezsky and P. B. Liashchynskyi, "Software system for automatic diagnosis of breast cancer," *Ukrainian Journal of Information Technology*, vol. 7, no. 2, pp. 35–43, 2025. <http://doi.org/10.23939/ujit2025.02.035>
- [9] P. B. Liashchynskyi and P. Liashchynskyi, "Grid Search, Random Search, Genetic Algorithm: A Big Comparison for NAS," *arXiv preprint arXiv:1912.06059*, 2019. <https://doi.org/10.48550/arXiv.1912.06059>
- [10] O. Berezsky, O. Pitsun, L. Dubchak, P. Liashchynskyi, and P. Liashchynskyi, "GPU-based biomedical image processing," in *Proceedings of the 2018 XIV-th International Conference on Perspective Technologies and Methods in MEMS Design (MEMSTECH)*, 2018, pp. 96–99. <http://doi.org/10.1109/MEMSTECH.2018.8365710>
- [11] O. Berezsky, P. Liashchynskyi, O. Pitsun, P. Liashchynskyi, and M. Berezky, "Comparison of deep neural network learning algorithms for biomedical image processing," *CEUR Workshop Proceedings*, vol. 3302, pp. 135–145, 2022. <https://ceur-ws.org/Vol-3302/paper7.pdf>
- [12] П. Б. Ляцинський та П. Б. Ляцинський, "Штучний інтелект в системах діагностики пацієнтів," у *Матеріали VI Науково-практичної конференції молодих вчених і студентів «Інтелектуальні комп'ютерні системи та мережі»*, Тернопіль, Україна, 2022, с. 24. https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/2022_1.pdf#page=24
- [13] П. Б. Ляцинський, "Інтеграція штучного інтелекту в медичній діагностиці," у *Матеріали VIII Науково-практичної конференції*

молодих вчених і студентів «Інтелектуальні комп'ютерні системи та мережі», Тернопіль, Україна, 2023, с. 35.
https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/2023_2.pdf#page=35

- [14] П. Б. Ляцинський та П. Б. Ляцинський, "Використання систем автоматизованої мікроскопії для покращення аналізу біомедичних зображень," у *Економічний і соціальний розвиток України в XXI столітті: національна візія та виклики глобалізації*, Тернопіль, Україна, 2023, с. 729. <https://dspace.wunu.edu.ua/items/b465936f-763e-4d34-873e-d8552433a2d5>
- [15] П. Б. Ляцинський, "Аналіз медичних систем комп'ютерної діагностики," у *Матеріали ІХ Науково-практичної конференції молодих вчених і студентів «Інтелектуальні комп'ютерні системи та мережі»*, Тернопіль, Україна, 2024, с. 36–37. https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/conf%209_2024_maket1.pdf#page=36
- [16] O. Berezsky, P. Liashchynskiy, and P. Liashchynskiy, "Diagnostic methods and tools in medical systems," in *Proceedings of the 1st International Scientific and Practical Conference «COMPUTATIONAL INTELLIGENCE AND SMART SYSTEMS» (CISS-2024)*, Lviv, Ukraine: «АТВ» Publishing, 2024, pp. 24–26. <https://science.lpnu.ua/ciss-2024/proceedings>
- [17] П. Б. Ляцинський, "Архітектура системи комп'ютерного діагностування," у *Матеріали Всеукраїнської науково-практичної конференції студентів, аспірантів та молодих вчених «Інтелектуальні комп'ютерні системи та мережі»*, Тернопіль, Україна, 2024, с. 32–33. https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/2024_2.pdf#page=32
- [18] П. Б. Ляцинський, "Глибоке навчання в медичній діагностиці," у *Матеріали ІІ Всеукраїнської науково-практичної конференції*

- студентів, аспірантів та молодих вчених «Інтелектуальні комп'ютерні системи та мережі», Тернопіль, Україна, 2025, с. 58–61. https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/2025_1.pdf#page=58
- [19] P. Liashchynskyi, "Comparing CNNs for histological image classification," in *Proceedings of the 2nd International Scientific and Practical Conference «COMPUTATIONAL INTELLIGENCE AND SMART SYSTEMS» (CISS-2025)*, Lviv, Ukraine: Omelchenko V. H. Publishing, 2025, pp. 97–99. <https://science.lpnu.ua/uk/ciss-2025/zbirnyk-materialiv-konferenciyi-ciss-2025>
- [20] O. Berezsky, M. Berezkyi, P. Liashchynskyi, P. Liashchynskyi, and G. Melnyk, "Estimating the number of iterations needed for biomedical image synthesis to achieve a given classification accuracy," in *8th International Conference on Informatics & Data-Driven Medicine*, Bratislava, Slovakia Republic, 2025.
- [21] П. Б. Лящинський, "Програмна система автоматичного діагностування раку молочної залози," у *Матеріали III Всеукраїнської науково-практичної конференції студентів, аспірантів та молодих вчених «Інтелектуальні комп'ютерні системи та мережі»*, Тернопіль, Україна, 2025, с. 74–77. https://ki.wunu.edu.ua/conference/archive/2025_2.pdf#page=74
- [22] О. М. Березький, П. Б. Лящинський, П. Б. Лящинський, Г. М. Мельник, та О. Й. Піцун, "Комп'ютерна програма для автоматичного діагностування раку та підтипів раку молочної залози «BRECCAD»," Авторське свідоцтво № 140273, 28 листопада 2025.

ДОДАТОК Т. АКТИ ВПРОВАДЖЕНЬ РЕЗУЛЬТАТІВ ДОСЛІДЖЕННЯ

Apiko

Digitalize the way your
business operates

АКТ про впровадження результатів дисертаційної роботи Лящинського Павла Борисовича

«Методи та програмні засоби автоматичного діагностування в медичних
системах»

Даний акт складений про те, що результати дисертаційної роботи Лящинського Павла Борисовича «Методи та програмні засоби автоматичного діагностування в медичних системах» були використані у проєктній діяльності компанії при розробці програмних систем для медичної сфери.

На підприємстві ТОВ «Апіко Девелопмент» використано запропонований у дисертації архітектурний підхід, що базується на впровадженні централізованого модуля-оркестратора для управління наскрізними процесами обробки даних. Це дозволило уніфікувати процес інтеграції обчислювальних модулів у хмарну інфраструктуру, забезпечивши стабільну роботу програмних проєктів при високих навантаженнях.

Впроваджено принципи побудови архітектури на основі слабкої зв'язності компонентів. Використання розроблених методів ізоляції обчислювальних ядер дозволило реалізувати гнучкі механізми оновлення діагностичних алгоритмів без необхідності перепроєктування всієї бізнес-логіки системи. Це забезпечило високу адаптивність програмного забезпечення до змін у протоколах обробки медичних даних.

Використання результатів дисертації дозволило:

- скоротити час на розробку та розгортання нових аналітичних модулів;
- підвищити надійність інтеграційних рішень за рахунок впровадження централізованої оркестрації;
- забезпечити масштабованість системи в умовах зростаючого об'єму вхідної медичної інформації.



Директор ТОВ «Апіко Девелопмент» *[Signature]* Йосип СТРИЛЕЦЬКИЙ
04.03.2020

ТОВ «ІНСТИТУТ БІОМЕДИЧНИХ ТЕХНОЛОГІЙ»
46001, м. Тернопіль, вул. Січових Стрільців, 8А,
ЕДРПОУ 35578106, ІПН 355781019181, тел./факс (0352) 43-49-29
e-mail: tov.ibt@gmail.com

АКТ
впровадження результатів дисертації
Лящинського Павла Борисовича

Цим підтверджуємо, що результати дисертаційної роботи «Методи та програмні засоби автоматичного діагностування в медичних системах» аспіранта кафедри комп'ютерних наук Лящинського П. Б., виконаної у Західноукраїнському національному університеті, впроваджено у ТзОВ «Інститут біомедичних технологій», де вони використовуються для автоматизації процесу аналізу гістологічних та імуногістохімічних зображень.

Аспірант брав активну участь у госпдоговірні науково-дослідні роботи «Високопродуктивна комп'ютерна система опрацювання біомедичних зображень» (2023 р., державний реєстраційний номер 0122U201124).

Аспірантом розроблено метод і алгоритм синтезу біомедичних зображень на основі дифузійної моделі, що дозволило розширити навчальну вибірку біомедичних зображень та підвищити якість навчання діагностичних моделей за умов обмеженої кількості реальних клінічних випадків.

Аспірантом вдосконалено архітектури нейронних мереж для класифікації та сегментації біомедичних зображень, що дало можливість підвищити точність автоматичного визначення типів та підтипів раку молочної залози відповідно.

Аспірантом розроблено алгоритмічне забезпечення для автоматичного визначення підтипів раку молочної залози на основі продукційних правил, що сприяло мінімізації впливу суб'єктивного фактору при формуванні попереднього діагностичного висновку.

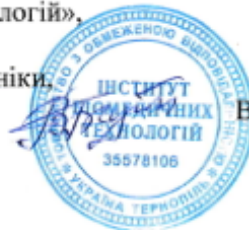
Розроблені методи та алгоритми класифікації та сегментації біомедичних зображень дали змогу розробити програмну систему BRECCAD, яка дозволила підвищити продуктивність роботи фахівців інституту та точність класифікації складних діагностичних випадків.

Цей акт не є підставою для фінансових зобов'язань.

Відповідальний виконавець
госпдоговірних науково-дослідних робіт,
к.т.н., доцент кафедри комп'ютерної інженерії
Західноукраїнського національного університету

Г. М. Мельник

Директор ТзОВ «Інститут біомедичних технологій»,
заслужений діяч науки і техніки України,
лауреат Державної премії в галузі науки і техніки,
д.м.н., професор



В. В. Бігуняк

«20» січня 2026 р.



ЗАТВЕРДЖУЮ

Проректор з науково-педагогічної роботи
Західноукраїнського національного університету

Віктор ОСТРОВЕРХОВ

» 15 лютого 2026 р.

АКТ

про впровадження в освітній процес Західноукраїнського національного університету результатів дисертаційної роботи
Лящинського Павла Борисовича
«Методи та програмні засоби автоматичного діагностування в медичних системах»

Даний акт складений про те, що результати дисертаційної роботи Лящинського Павла Борисовича «Методи та програмні засоби автоматичного діагностування в медичних системах» використані в освітньому процесі кафедри комп'ютерної інженерії факультету комп'ютерних інформаційних технологій Західноукраїнського національного університету для здобувачів вищої освіти спеціальності 123 «Комп'ютерна інженерія».

При викладанні дисциплін: «Дослідження комп'ютерних систем штучного інтелекту» та «Комп'ютерні системи штучного інтелекту» – розглядається розроблена архітектура системи автоматичного діагностування раку молочної залози BRECCAD для демонстрації принципів побудови складних інтелектуальних систем підтримки прийняття рішень; «Методи та засоби генеративного інтелекту» та «Технології глибокого машинного навчання» – розглядається розроблений метод і алгоритм синтезу зображень на основі дифузійної моделі для вивчення процесів розширення навчальних вибірок та ітеративного відновлення структурних ознак даних; «Проектування комп'ютерних систем на основі графічних процесорів» – розглядається розроблений алгоритмічний підхід до оптимізації архітектур нейронних мереж, що дозволяє забезпечити ефективну утилізацію пам'яті графічного процесора та скоротити час обчислень при виконанні ресурсомістких завдань сегментації та класифікації; «Проектування інтернет-додатків для KI» – розглядається розроблена архітектура BRECCAD для демонстрації паттернів асинхронної взаємодії, масштабування обчислювальних ресурсів та побудови RESTful API.

Декан факультету комп'ютерних інформаційних технологій,
к.т.н., доцент

Ігор ЯКИМЕНКО

Завідувач кафедри комп'ютерної інженерії, к.т.н., доцент

Леся ДУБЧАК



МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ
ЗАХІДНОУКРАЇНСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ
НАУКОВО-ДОСЛІДНА ЧАСТИНА

46009, Україна, м. Тернопіль, вул. Львівська, буд. 5А, тел. (0332) 51-75-52

№ 21/ 11. 2026

11. 2026 року

ДОВІДКА
про участь у виконанні науково-дослідних робіт

Видана **ЛЯЩИНСЬКОМУ Павлу Борисовичу** про участь у виконанні науково-дослідних робіт Західноукраїнського національного університету. Зокрема, у 2017 році – держбюджетної розробки «Гібридна інтелектуальна інформаційна технологія діагностування передракових станів молочної залози на основі аналізу зображень» (державний реєстраційний номер 0116U002500); у 2024 році – держбюджетної роботи «Виконання завдань Перспективного плану розвитку наукового напрямку "Технічні науки" Західноукраїнського національного університету» (0121U114705), розділ «методи, алгоритми, програмні та апаратні засоби для аналізу та синтезу біомедичних зображень». Також у 2021-2025 роках Лящинський П.Б. брав участь у виконанні науково-дослідної роботи, яка виконувалася професорсько-викладацьким персоналом, докторантами, аспірантами та здобувачами наукового ступеня кафедри комп'ютерної інженерії ЗУНУ в межах основного робочого часу: «Розробка методів, алгоритмів та програмних засобів синтезу та класифікації біомедичних зображень» (0121U108937), зокрема в підготовці розділу «Системи підтримки прийняття рішень для діагностування раку грудної залози».

Начальник науково-дослідної частини



Віта СЕМАНЮК
Віта СЕМАНЮК