

<https://doi.org/10.31891/2219-9365-2023-73-1-27>

УДК 61.007

Олексій ПИСАРЧУК

Національний технічний університет України «Київський політехнічний інститут імені Ігоря Сікорського»

<https://orcid.org/0000-0001-5271-0248>

PlatinumPA2212@gmail.com

Юрій МІРОНОВ

Національний авіаційний університет

<https://orcid.org/0000-0002-2291-5864>

yuriymironov96@gmail.com

ІНФОЛОГІЧНА МОДЕЛЬ ФАКТОРІВ, ПОКАЗНИКІВ ТА ОЗНАК, ЩО ХАРАКТЕРИЗУЮТЬ ХРОМОСОМНІ ПАТОЛОГІЇ ЗА РЕЗУЛЬТАТАМИ АНАЛІЗУ ЗОБРАЖЕНЬ КАРІОГРАМ ПАЦІЄНТА

Робота пов'язана із задачею ідентифікації образів на зображеннях. Класичні підходи до розв'язання подібних задач включають в себе вилучення статистичних ознак з зображення і подальший аналіз зображення за цими ознаками за допомогою штучної нейронної мережі. Однак такі підходи не надають задовільного результату в предметних областях, де класи об'єктів мають велику подібність при принциповій логічній відмінності, а також при наявності аномальних об'єктів, які потребують розпізнавання. В даній роботі запропонована інфонологічна модель факторів, показників та ознак, що дозволяє подальше застосування моделей багатокритеріального прийняття рішень для вирішення задачі розпізнавання візуальних образів. Результатом роботи є запропонована інфонологічна модель, котра описує нерозпізнані об'єкти Chx , що підлягають категоризації; еталонні об'єкти Ix , що слугують взірцем при категоризації; розпізнані об'єкти Chx , що містять інформацію про результат категоризації та винайдені відхилення від еталону; об'єкт бази знань BZ , яка може бути використана для формування лексичного виразу, що характеризує результат категоризації. В процесі дослідження було використано методи математичного моделювання та математичної логіки для побудови інфонологічної моделі. Прикладним застосуванням наведеної моделі є реалізація системи підтримки прийняття рішень про діагностування хромосомних аномалій за результатом аналізу зображень каріограм пацієнта. Подібні системи мають можливість приймати в якості вихідних даних зображення каріограм пацієнта (попередньо оброблені зразки біологічних матеріалів пацієнта, відзняті через камеру на лабораторному мікроскопі), проводити ідентифікацію вмісту біологічних матеріалів та надавати біологу результат аналізу на предмет наявності хромосомних патологій. Наукова новизна роботи полягає в створенні підґрунтя для системи ідентифікації образів за логічними ознаками, на відміну від класичних підходів із застосуванням статистичних ознак і штучних нейронних мереж.

Ключові слова: комп'ютерний зір, розпізнавання образів, багатокритеріальне прийняття рішень, інфонологічна модель.

Oleksii PYSARCHUK

National Technical University of Ukraine "Igor Sikorsky Kyiv Polytechnic Institute"

Yurii MIRONOV

National Aviation University

INFOLOGICAL MODEL OF FACTORS AND FEATURES FOR CHROMOSOMAL PATHOLOGY RECOGNITION POWERED WITH IMAGES OF PATIENTS' KARYOGRAMS

The paper is related to the problem of object recognition in images. Classic approaches to solving similar problems involve extraction of statistical features from images, with further analysis by the means of artificial neural networks. However, such approaches do not achieve plausible results for specific application domains, where classes of objects bear great similarity, while having fundamental logical differences. Another challenge is having abnormal objects, that have to be classified. Given paper proposes an infological model of factors that would allow further development of a multi-criteria decision-making model for solving problems related to object recognition in images. The result of a given paper is an aforementioned proposed infological model of factors that describes objects Chx that represent entities to be recognized; objects Ix that represent an ideal reference value to be used for categorization; classified objects Chx that represent the information about classification results and found deviations from the reference value; a knowledge base BZ that could be used for generating a lexical expression that characterizes the categorization result. Methods of mathematical modeling and mathematical logic have been used during the research for the purposes of designing the infological model. Practical application of the proposed model is the prospect of development a decision support system for chromosomal abnormalities diagnosing powered with images of patient's karyograms. Such system should be able to accept images of patient's karyograms (preprocessed samples of patient's biological material, digitalized by means of a camera embedded into a laboratory microscope) as an input and generate a result of chromosomal pathology detection analysis to the biologist. The novelty of a given paper lies in creation of a basis for object recognition systems powered by logical features of an image, instead of a classic approach that utilizes statistical features and artificial neural networks.

Keywords: computer vision, object recognition, multi-criteria decision-making, infological model

Постановка проблеми у загальному вигляді та її зв'язок із важливими науковими чи практичними завданнями

Хромосомні патології є значним ризиком в процесі планування сім'ї та вагітності. Згідно з дослідженнями ВООЗ, щороку хромосомні аномалії є причиною смертей 80000 дітей віком до 28 днів і 57000 дітей у віці від 1 місяця до 5 років [1]. Також хромосомні патології спричиняють викидні та значуще погіршення якості життя [2]. Хромосомні аномалії характеризуються невідповідною кількістю здорових хромосом, або ж наявністю змін в структурі одної чи більше хромосом пацієнта.

З метою діагностування хромосомних аномалій проводиться процедура каріотипування, що полягає в заборі та подальшому лабораторному аналізі біологічних матеріалів пацієнта та ставить на меті виявлення хиб в структурі хромосом пацієнта (синдром котячого крику, синдром Паллістера-Кілліана) чи виявлення невідповідної кількості хромосом (синдром Патау, синдром Дауна) з подальшою передачею висновків лікарю для постановки діагнозу.

На сучасній стадії розвитку репродуктивної медицини, процедура каріотипування проводиться із застосуванням автоматизованих програмно-апаратних систем лабораторної діагностики, таких як Lucia Karyo, Leica CytoVision та MetaSystems Ikaros. По своїй суті, вищезгадані системи є графічними редакторами з можливістю робити фотографії біологічних матеріалів пацієнта, маніпулювати зображеннями та вносити винайдені данні з зображень у вбудовану базу даних: можливості з ідентифікації хромосом, а тим більше хромосомних аномалій, є значно обмеженими.

Вищевказане відображається на ефективності роботи: відсутність достатнього рівню автоматизації виливається в значні часові витрати, пов'язані з кожним аналізом. Також, зважаючи на предметну область, важливим наслідком недостатньої автоматизації є ризик допущення помилки через людський фактор. Через це є доцільною є розробка такого цифрового рішення для проведення процедури каріотипування пацієнтів, що реалізує більш високий рівень автоматизації в процесі категоризації хромосом та ідентифікації хромосомних аномалій, а також постановки гіпотетичного діагнозу.

Дана робота є частиною дослідження, метою якого є розробка математичної моделі ієрархічного розпізнавання хромосомних патологій для інтелектуальних програмних систем діагностування захворювань за зображенням каріограм пацієнта [3-8]. Основна ідея такої моделі полягає в розпізнаванні хромосом та хромосомних аномалій через конвертацію зображень об'єктів в ієрархію логічних ознак, що дозволить реалізувати автоматизоване порівняння об'єктів з еталонами в такий спосіб, який використовують експерти в предметній області. Відмінність від класичних підходів до автоматизованого розпізнавання об'єктів полягає в тому, що традиційно для автоматизованого розпізнавання використовуються вилучені статистичні ознаки в комбінації з штучними нейронними мережами [9].

Формулювання цілей статті

Метою даної роботи є розробка інфологічної моделі факторів, що характеризують хромосомні патології за результатами аналізу зображень каріограм пацієнта. Дана модель описує сутності предметної області як набір критеріїв, якими керуються при категоризації хромосом та ідентифікації хромосомних аномалій.

Аналіз досліджень та публікацій

Проблема розпізнавання образів і зокрема розпізнавання хромосомних зображень в достатній мірі освітлена в науковій літературі.

Дослідженню проблем і перспектив розвитку систем автоматизації розпізнавання хромосомних аномалій присвячено праці вчених: М.І. Раззака та Б. Женьга [9, 10]. В їхніх публікаціях прогнозується велика перспектива програмних рішень в сфері медицини та охорони здоров'я, що базуються на технологіях глибинного навчання, але визнається ряд викликів, що наразі заважають впровадженню подібних рішень. Окрім стандартної для глибинного навчання проблеми «чорного ящика» (складність і непередбачуваність внутрішніх механізмів роботи нейронної мережі), також постає специфічна для прикладної області проблема: формування всеосяжного набору даних. Зазначається, що для ефективної роботи медичного ПЗ на основі глибинного навчання необхідний збір великого набору даних з багатьох джерел, що не є досяжним в контексті чутливості медичної інформації. Було зазначено, що до сих пір не було представлено ефективних рішень для категоризації хромосом та ідентифікації хромосомних аномалій без використання нейронних мереж.

Дослідженню підходів до ідентифікації медичних зображень присвячено праці вчених: Р. Нандакумара та К.Б. Джаянті, що досліджують алгоритми вилучення статистичних ознак з зображення з використанням дискретного вейвлет-перетворення [11]; М. Мораді та С.К. Сетраедана, що пропонують математичну модель вилучення ознак з зображення хромосоми [12]. Дані публікації поєднує ідея вилучення статистичних ознак з зображення хромосоми, і подальшої класифікації хромосом за допомогою нейронних мереж.

Було розглянуто публікацію Б. Важена, який запропонував новий метод класифікації хромосом за допомогою згорткової нейронної мережі та інтегрував його в робочий процес цитогенетичної лабораторії, що використовує вищезгадане ПЗ MetaSystems Ikaros [13]. Запропонований метод показав ефективність в 98.8% успішних розпізнавань хромосом. Однак було зазначено, що тестування проходило на здорових хромосомах, і розпізнавання хромосом з аномаліями становить значний виклик для систем на основі нейронних мереж.

Аналіз існуючих досліджень продемонстрував, що найбільше освітлені рішення задачі розпізнавання хромосом на основі нейронних мереж з великим набором даних для навчання. Варто підкреслити, що медична інформація має особливості, які суттєво ускладнюють як збір всебічного набору даних [9] для штучної нейронної мережі, так і застосування підходів без використання нейронних мереж. Іншою значною проблемою є розпізнавання хромосом з аномаліями – в вищевказаних працях зазначено, що рішення на основі нейронних мереж на даний момент не є ефективними для визначення хромосом зі зміненою структурою та геометричними викривленнями. Таким чином, доцільною є розробка математичної моделі для категоризації хромосом та розпізнавання хромосомних аномалій за використанням апріорних даних, незалежних від набору даних. Така модель, окрім розпізнавання здорових хромосом, має бути здатна ідентифікувати хромосоми зі зміненою структурою – тобто, хромосоми з аномаліями. Для побудови такої математичної моделі необхідно сформулювати інфологічну модель факторів, яка втілюватиме ієрархію логічні ознаки хромосом, за котрими можливо буде прийняти рішення про наявність чи відсутність хромосомних патологій, і поставити відповідний діагноз.

Виклад основного матеріалу

В процесі неавтоматизованого каріотипування, біолог аналізує зображення метафазної пластинки (рис. 1). Метою аналізу є ідентифікація хромосом пацієнта і винайдення в них аномалій.

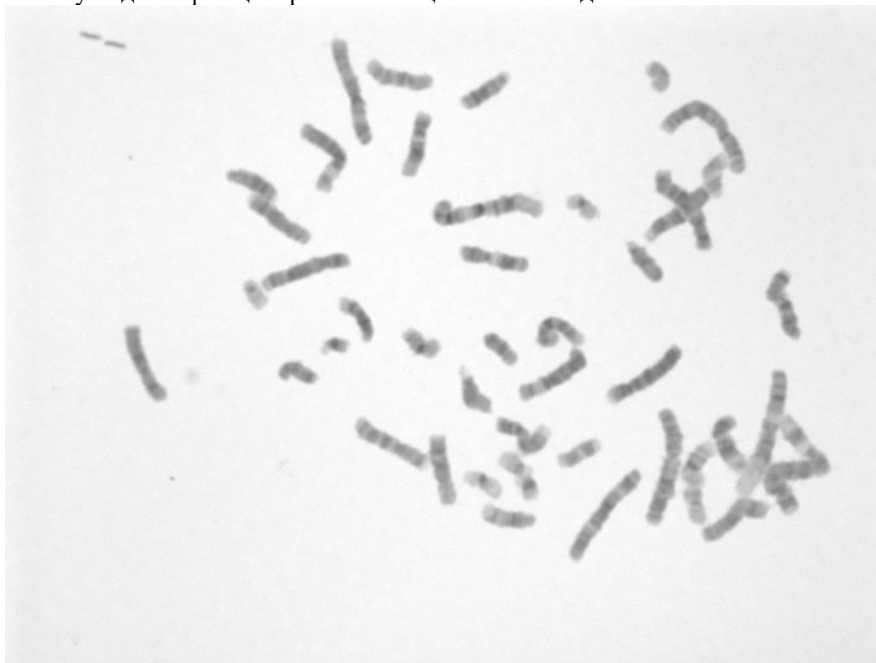


Рис. 1. Метафазна пластинка, що відображає хромосоми пацієнта

В процесі аналізу окремо розглядається кожна хромосома. Для її ідентифікації, вона порівнюється з ідеограмами – схематичними зображеннями сталонних хромосом (рис. 2). Співставлення хромосом та ідеограм відбувається через аналіз бендингу – специфічної послідовності сегментів (бендів), кожен з яких має характерні колір (світлий у одних сегментів та темний у інших) та довжину. Унікальна комбінація бендів характеризує тип хромосоми. Тобто, хромосому пацієнта можна ідентифікувати як хромосому x , якщо хромосома x має такий саме бендинг, як і ідеограма x . Варто зазначити, що для кожного типу хромосоми x існує декілька можливих ідеограм. Це пов'язано з різним бендингом для різних розподільних здатностей мікроскопа, через який було видобуто зображення.

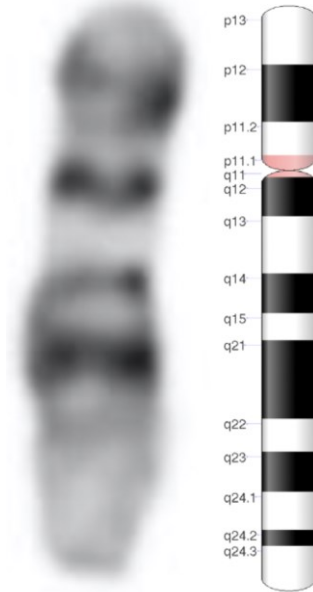


Рис. 2. Співставлення хромосоми та ідеограми

Запропонована інфологічна модель є розширенням і продовженням раніше запропонованого формату збереження хромосомних даних [4].

Існує 24 типи хромосом – нумеровані хромосоми 1-22 та статеві хромосоми X, Y. Для зображення кількості типів хромосом, в подальших виразах буде використано $N = 24$. Для кожного типу хромосоми $n \in N$ існує ідеограма, а точніше декілька ідеограм для різних розмірів хромосоми та розподільних здатностей. Тобто для N типів хромосом, існує така множина I_N :

$$I_N = \{(I_{11}, \dots, I_{1z}), \dots, (I_{n1}, \dots, I_{nz})\} \quad (1)$$

Де кожним елементом множини I_N є кортеж (I_{i1}, \dots, I_{iz}) , що представляє перелік z ідеограм хромосоми n . Таким чином, вихідна невпізнана хромосома Chu_x може бути ідентифікована як хромосома Ch_x , якщо відбудеться успішне порівняння Chu_x та I_x . В рамках подальшої розробки математичної моделі розпізнавання хромосомних аномалій, кортеж ідеограм I_N може бути перетворено в кортеж функцій-предикатів, які прийматимуть невпізнану хромосому Chu_x в якості аргумента, та повертатимуть *true* при співпадінні ідеограми з хромосомою.

Кожна ідеограма I_{xa} ($1 \leq a \leq z$) складається з набору сегментів (бендів) і може бути описана як направлена множина:

$$I_{xa} = \{ISEG_{xa1}, ISEG_{xa2}, \dots, ISEG_{xay}\} \quad (2)$$

Де кожен сегмент ідеограми $ISEG_{xab}$ ($1 \leq b \leq y$) можна виразити як:

$$ISEG_{xab} = \begin{cases} C_{xab} \in \{0, 1\} \\ L_{xab} \\ ERR_{xab} \end{cases} \quad (3)$$

З властивостями:

- колір $C_{xab} \in \{0, 1\}$, де 0 означає чорний колір, а 1 означає білий колір;
- довжина L_{xab} сегменту хромосоми;
- допустима похибка ERR_{xab} – можлива різниця між довжиною сегменту ідеограми та сегменту хромосоми;

Вищевказані вирази описують інфологічну модель факторів ідентифікації для здорових хромосом. Маючи нерозпізнану хромосому Chu_x та ідеограму I_{xa} , можливо провести їхнє порівняння сегмент за сегментом і знайти повну схожість або її відсутність.

Нерозпізнану хромосому Chu_x можна описати подібно до ідеограми, тобто як послідовність сегментів. Відмінністю від ідеограми є те, що сегменти SEG_{xy} хромосоми Chu_x не містять властивості «допустимої похибки» ERR . Таким чином, Chu_x описана як направлена множина:

$$Chu_x = \{SEG_{x1}, \dots, SEG_{x1}\} \quad (4)$$

Де SEG можна виразити як:

$$SEG_{xy} = \begin{cases} C_{xy} \in \{0, 1\} \\ L_{xy} \end{cases} \quad (5)$$

Де C_{xy} це колір сегменту хромосоми, а L_{xy} – розмір сегменту хромосоми. Дані критерії описуються подібно до C_{xay} та L_{xay} відповідно.

Ідентифікація хромосоми відбувається шляхом порівняння об'єктів Chu_x та I_{xa} , а саме – їхніх сегментів. У кожного сегменту порівнюється колір C , та довжина L . Оскільки хромосоми є динамічними вихідними даними, в їхніх вимірах допускається певна похибка. Для урахування цієї похибки використовується значення ERR . Якщо неідентифікована хромосома Chu_x повністю співпадає з ідеограмою I_{xa} , тобто всі сегменти хромосоми SEG_{xb} співпадають з сегментами ідеограми $ISEG_{xab}$, то хромосома вважається ідентифікованою як хромосома x , де $x \in N$.

Також предметна область допускає неповну схожість неідентифікованої хромосоми Chu_x та ідеограми I_{xa} . Це означає наявність структурних аномалій в хромосомі. Хромосомою зі структурною аномалією називають хромосому, яка має структуру відмінну від еталонної. Множину типів можливих структурних аномалій можна представити як множину SET :

$$SET = \{DEL, ADD, DUP, INV\} \quad (6)$$

Де кожен елемент множини представляє певну структурну аномалію:

- DEL – делеція, тобто відсутність певних сегментів хромосоми;
- ADD – додавання нових сегментів хромосоми. Якщо у однієї хромосоми є додані сегменти, а у іншої такі самі сегменти відсутні (DEL) – це є приводом для підозри на транслокацію – перенесення ділянки з хромосоми А на хромосому Б;

- DUP – дуплікація. Повторення сегментів кілька разів;

- INV – інверсія. Віддзеркалення сегментів

Таким чином, одиницю винайдені структурної аномалії $STRUCTERR$ хромосоми можна виразити як:

$$STRUCTERR = \begin{cases} set \in SET \\ (SEG_{na}, \dots, SEG_{nb}) \end{cases} \quad (7)$$

Де set – тип віднайдені хромосомної аномалії, а $SEG_{na} - SEG_{nb}$ – послідовність сегментів хромосоми з індексами $a, a+1, \dots, b-1, b$.

Кінцевою сутністю інфологічної моделі, що ідентифікує хромосому та визначає наявні в ній аномалії, є розпізнана хромосома Ch :

$$Ch_n = \begin{cases} n \in N \\ (SEG_{n1}, \dots, SEG_{ny}) \\ (STRUCTERR_{n1}, \dots, STRUCTERR_{nc}) \end{cases} \quad (8)$$

Що має наступні властивості:

- Тип хромосоми n , що належить до множини допустимих значень N ;

- Кортеж сегментів SEG ;

- Кортеж ідентифікованих структурних аномалій $STRUCTERR$;

З урахуванням аномалій, процес ідентифікації хромосоми виглядає наступним чином: при порівнянні невпізнаної хромосоми Chu_x з ідеограмою I_x співставляються сегменти хромосоми SEG_{xy} та ідеограми $ISEG_{xay}$. При неповній сумісності Chu_x та I_x , знаходиться найбільш схожа I_x . Різниця Δ між Chu_x та I_x (тобто сегменти SEG та $ISEG$, що не пройшли порівняння) позначається як структурна аномалія $STRUCTERR$. В $STRUCTERR$ записується кортеж сегментів SEG та тип аномалії set . Звезену ієрархію факторів для аналізу однієї хромосоми наведено на рис. 3:

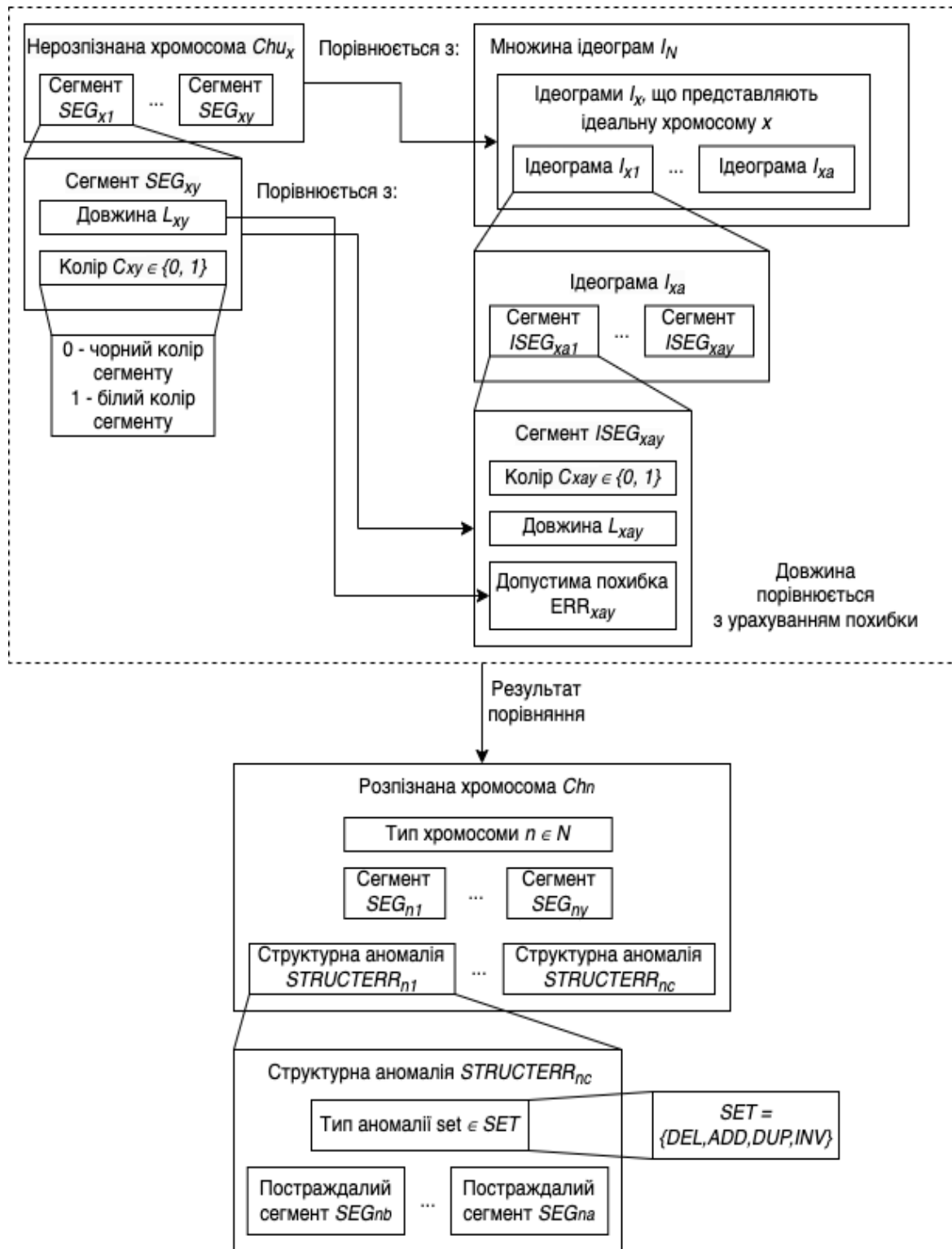


Рис. 3. Зведена ієрархія факторів

Ієрархія факторів, описана в (1-8), згортається до об'єктів Ch_x . Тобто, маючи зображення каріограми пацієнта з N візуальними образами хромосом, інфологічна модель факторів, показників та ознак для ідентифікації хромосомних захворювань розглядатиме множину $Ch_N = \{Ch_1, \dots, Ch_n\}$ в якості вихідного значення.

Рішення про наявність хромосомних захворювань на основі об'єктів Ch_N приймається за факторами, вказаними в таблиці 1:

Таблиця 1.

Узагальнена таблиця факторів діагностування хромосомних захворювань

Узагальнений фактор	Частковий фактор		Фізична сутність
A_q	A_{q1}		Кількість хромосом №1
	A_{q2}		Кількість хромосом №2
	...		
	A_{qn}		Кількість хромосом №n
A_s	A_{s1}	A_{s1DEL}	Номери сегментів хромосом №1, на яких зафіксована делеція
		A_{s1ADD}	Номери додаткових сегментів хромосом №1
		...	
	A_{s1set}		Номери додаткових сегментів хромосом №1, на яких зафіксована структурна аномалія $set \in SET$ (2.6)
	...		
	A_{sn}	...	Номери додаткових сегментів хромосом №n, на яких зафіксована структурна аномалія $set \in SET$ (2.6)

Узагальнені фактори A_q та A_s є агрегаціями всіх критеріїв, які можуть бути винайдені в Ch_N та використані для ідентифікації хромосомних захворювань.

Фактор A_{qx} , тобто кількість хромосом одного типу x , визначається за виразом:

$$A_{qx} = |\{Ch_y | Ch_y \rightarrow n = x\}| \quad (9)$$

Для розрахунку фактору A_{q1} хромосоми №1, необхідно вирахувати кількість хромосом №1, тобто всіх об'єктів Ch_x , у яких властивість n дорівнюватиме 1.

Таким чином, фактор A_q виражається як:

$$A_q = \begin{cases} A_{q1} = |\{Ch_y | Ch_y \rightarrow n = 1\}| \\ A_{qx} = |\{Ch_y | Ch_y \rightarrow n = x\}| \\ \dots \\ A_{qN} = |\{Ch_y | Ch_y \rightarrow n = N\}| \end{cases} \quad (10)$$

Фактор A_{sxset} , тобто наявність у хромосоми x структурної аномалії $set \in SET$, визначається за виразом:

$$A_{sxset} = \left\{ \begin{array}{l} Ch_y \rightarrow STRUCTERR_z \rightarrow (SEG_{xa}, \dots, SEG_{xb}) \\ |((Ch_y \rightarrow n = x) \wedge (Ch_y \rightarrow STRUCTERR_z \rightarrow set = set))| \end{array} \right\} \quad (11)$$

Тобто, фактор A_{sxset} виражається наявністю у хромосоми x структурної аномалії set , і сегментами SEG хромосоми x , що задіяні в даній аномалії.

Для розрахунку фактору A_{s1DEL} , розглядається об'єкт Ch_1 та його властивість $STRUCTERR$. Якщо серед значень $STRUCTERR_N$ є значення $STRUCTERR_x$ що задовольняє умову $STRUCTERR_x \rightarrow set = DEL$, то значенням фактору A_{s1DEL} є $STRUCTERR_x \rightarrow (SEG_{1a}, \dots, SEG_{1b})$, тобто сегменти хромосоми, які є відсутніми.

Таким чином, фактор A_s виражається як:

$$A_s = \begin{cases} A_{s1DEL} = \\ \left\{ \begin{array}{l} Ch_y \rightarrow STRUCTERR_z \rightarrow (SEG_{ya}, \dots, SEG_{yb}) \\ |((Ch_y \rightarrow n = 1) \wedge (Ch_y \rightarrow STRUCTERR_z \rightarrow set = DEL))| \end{array} \right\} \\ A_{s1ADD} = \\ \left\{ \begin{array}{l} Ch_y \rightarrow STRUCTERR_z \rightarrow (SEG_{ya}, \dots, SEG_{yb}) \\ |((Ch_y \rightarrow n = 1) \wedge (Ch_y \rightarrow STRUCTERR_z \rightarrow set = ADD))| \end{array} \right\} \\ \dots \\ A_{sNset} = \\ \left\{ \begin{array}{l} Ch_y \rightarrow STRUCTERR_z \rightarrow (SEG_{ya}, \dots, SEG_{yb}) \\ |((Ch_y \rightarrow n = N) \wedge (Ch_y \rightarrow STRUCTERR_z \rightarrow set = set))| \end{array} \right\} \end{cases} \quad (12)$$

Для визначення хромосомних захворювань за даними Ch_N та критеріями A_s та A_q , необхідна сформована база знань BZ . Якщо представити BZ як геш-таблицю, то «ключами» записів була б сукупність винайдених аномалій пацієнта, а «значенням» - лексичне рішення, що становить ідентичність захворювання. BZ має бути заповнена оператором перед застосуванням даного рішення.

З точки зору інфологічної моделі, BZ можна визначити як множину:

$$BZ = \{(A_x, DIAG_x), \dots\} \quad (13)$$

Де елементом множини є кортеж із двох значень:

- Пов'язані з захворюванням аномалії $A_x \in (A_q \cup A_s)$. A_x слугує «ключем», за яким розпізнані аномалії співставляються з діагнозом;

- Лексичне представлення медичного діагнозу $DIAG_x$;

Прикладом елементу множини BZ може слугувати:

$$(A_x = A_{q21} = 3, \text{Синдром Дауна}) \in BZ \quad (14)$$

Згідно з (14), хромосомне захворювання під назвою «Синдром Дауна» можна діагностувати, виявивши в на зображенні каріограми пацієнта три хромосоми №21.

Висновки з даного дослідження і перспективи подальших розвідок у даному напрямі

В рамках даної роботи була описана інфологічна модель факторів, показників та ознак, що характеризують хромосомні патології за результатами аналізу зображень каріограм пацієнта.

Запропонована інфологічна модель описує такі сутності як: нерозпізнані об'єкти Chu_x , що підлягають категоризації; еталонні об'єкти I_x , що слугують взірцем при категоризації; розпізнані об'єкти Ch_x , що містять інформацію про результат категоризації та винайдені відхилення від еталону; об'єкт бази знань BZ , яка може бути використана для формування лексичного виразу, що характеризує результат категоризації. Таким чином, інфологічна модель факторів, показників та ознак, що характеризують хромосомні патології за результатами аналізу зображень каріограм пацієнта описує спільний формат даних для об'єктів, що підлягають розпізнаванню та еталонних об'єктів, що використовуються при розпізнаванні, а також формат збереження розпізнаних об'єктів та відмінності від еталонів, дозволяючи використання ієрархії логічних ознак та механізму багатокритеріального прийняття рішень замість традиційного підходу через вилучення статистичних ознак і застосування штучних нейронних мереж.

References

1. World Healthcare Organization. (2023). Congenital disorders. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/congenital-anomalies>;
2. Bouw, N., Swaab, H., Tartaglia, N., Cordeiro, L., & van Rijn, S. (2022). *The impact of sex chromosome trisomies (XXX, XXY, XYY) on gaze towards faces and affect recognition: a cross-sectional eye tracking study*. Journal of neurodevelopmental disorders, 14(1), 44. <https://doi.org/10.1186/s11689-022-09453-x>
3. Писарчук, О.О. & Міронов, Ю.Г. (2021). Система підтримки прийняття рішень з розпізнавання медичних патологій. Наукоємні технології, 49(1). doi: <https://doi.org/10.18372/2310-5461.49.15287>
4. Pysarchuk, O. & Mironov Y. (2022). A Proposal of Storage for Chromosomal Data. Informatics and mathematical methods in simulation, 12(4)
5. Pysarchuk, O. & Mironov Y. (2022). Extraction of ideogram features for diagnosing chromosomal abnormalities. Computational Problems of Electrical Engineering, 12(2). Doi: <https://doi.org/10.23939/jcpee>
6. Pysarchuk, O., Baran, D., Mironov, Y. & Pysarchuk, I. (2023). Algorithms of Statistical Anomalies Clearing for Data Science Applications. System research and information technologies, 1(2023). Doi: <https://doi.org/10.20535/SRIT.2308-8893.2023.1.06>
7. Pysarchuk, O. & Mironov Y. (2022). Chromosome Feature Extraction and Ideogram-Powered Chromosome Categorization. Lecture Notes on Data Engineering and Communications Technologies (134). Doi: <https://doi.org/10.1007/978-3-031-04812-8>
8. Pysarchuk, O. & Mironov Y. (2021). A Proposal of Algorithm for Automated Chromosomal Abnormality Detection. Modeling, control and information technologies, 5(2021). Doi: <https://doi.org/10.31713/MCIT.2021.26>
9. Razzak, M.I., Naz, S., Zaib, A. (2018). Deep Learning for Medical Image Processing: Overview, Challenges and the Future. In: Dey, N., Ashour, A., Borra, S. (eds) Classification in BioApps. Lecture Notes in Computational Vision and Biomechanics, vol 26. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-319-65981-7_12
10. Wang X., Zheng B., Wood M., Li S., Chen W. & Liu H. (2005). Development and evaluation of automated systems for detection and classification of banded chromosomes: current status and future perspectives. Journal of Physics D: Applied Physics, vol 38. IOP Publishing. <http://dx.doi.org/10.1088/0022-3727/38/15/003>
11. Nandakumar R. & Jayanthi K. B. (2021). Feature Extraction for the Classification of Human Chromosomes from G-Band Images using Wavelets. International Journal of Engineering Research & Technology (IJERT). ICEECT – 2020, vol. 8. <https://www.ijert.org/feature-extraction-for-the-classification-of-human-chromosomes-from-g-band-images-using-wavelets>
12. Moradi M. & Setarehdan S. K. (2006). New features for automatic classification of human chromosomes: A feasibility study. Pattern Recognition Letters, vol 27. <https://doi.org/10.1016/j.patrec.2005.06.011>
13. Vajen, B., Hänselmann, S., Lutterloh, F., Käfer, S., Espenkötter, J., Beening, A., Bogin, J., Schlegelberger, B., & Göhring, G. (2022). Classification of fluorescent R-Band metaphase chromosomes using a convolutional neural network is precise and fast in generating karyograms of hematologic neoplastic cells. Cancer genetics, 260-261, 23–29. <https://doi.org/10.1016/j.cancergen.2021.11.005>;