

DOI: 10.35681/1560-9189.2020.22.3.218978

УДК 004.93

Є. М. Федорченко, А. О. Олійник, С. К. Корнієнко,
А. С. Харченко, Д. А. Гончаренко

Національний університет «Запорізька політехніка»
вул. Жуковського, 64, 69063 Запоріжжя, Україна

Особливості побудови рішень генетичного алгоритму в задачі розпізнавання образів захворювання пневмонії

Розглянуто проблеми та методи машинної класифікації і розпізнавання зображень у вигляді рентгенограм, а також питання удосконалення штучних нейронних мереж, які використовуються для підвищення якості та точності виявлення аномальних структур на рентгенограмах грудної клітини. Розроблено модифікований генетичний метод оптимізації параметрів моделі на основі згорткової нейронної мережі для вирішення завдання розпізнавання діагностично значущих ознак пневмонії на рентгенівському знімку легень. Принципова відмінність запропонованого генетичного методу від існуючих аналогів полягає у використанні спеціального оператора мутації у вигляді адитивної згортки двох операторів мутації, який дозволяє скоротити час навчання нейронної мережі, а також виділити найбільш придатні для вивчення «околиці рішень». Наведено порівняльну оцінку ефективності запропонованого методу та відомих способів, яка показала поліпшення точності при вирішенні задачі пошуку ознак патології на рентгенівському знімку легень. Практичне використання розробленого методу дозволить знизити трудомісткість, підвищити достовірність пошуку, прискорити процес діагностики захворювань і знизити частину помилок і повторних обстежень пацієнтів.

Ключові слова: генетичний алгоритм, еволюційний алгоритм, рентгенограма, розпізнавання зображень, neural network, long short — term memory.

Вступ

На сьогоднішній день існує величезна кількість захворювань, що представляють серйозну небезпеку для здоров'я населення, до них відносяться і захворювання органів дихання.

© Є. М. Федорченко, А. О. Олійник, С. К. Корнієнко, А. С. Харченко, Д. А. Гончаренко

У 2016 р. Всесвітня організація охорони здоров'я (ВООЗ) включила їх до числа 10 провідних причин смертності у світі [1].

Таким чином, захворювання органів дихання потребують ретельної і своєчасної діагностики, від якої часто може залежати життя пацієнта.

Серед усіх методів інструментальної діагностики захворювань органів дихання найбільш часто вживаним і достовірним є рентгенологічний метод діагностики, основним завданням якого є аналіз рентгенівських знімків з метою виявлення ознак патології [2].

Традиційний експертний метод діагностики патології по рентгенівському знімку легень ґрунтується на пошуку і оцінюванні фахівцем у сфері аналізу рентгенівських знімків легень, характерних для конкретної патології рентгенологічних ознак. При цьому експерт дотримується певної послідовності дій. Перш за все описується тіньова картина, тобто визначається, чи є обрана область знімка (об'єкт) затемненням або просвітленням. Потім визначається локалізація об'єкта по частках і сегментах легень. Далі оцінюються розмір, форма, контури, інтенсивність і структура об'єкта [3].

Саме тому, методика візуального пошуку та оцінювання невеликих мало-контрастних діагностично значущих об'єктів на рентгенівському знімку трудомістка, вимагає високої кваліфікації експерта-рентгенолога і в умовах обмеженого часу на опис знімка не виключає діагностичних помилок.

В останні декілька років спостерігається значний прогрес в області розробки та використання нейронних мереж і методів так званого глибокого навчання. Дані методи показали високу ефективність при вирішенні широкого спектра завдань аналізу, класифікації і розпізнавання рентгенівських цифрових зображень [4].

Таким чином, розробка методів і алгоритмів розпізнавання зображень у вигляді рентгенограм, зокрема методів, заснованих на застосуванні нейронних мереж, що дозволяють прискорити процес діагностики захворювань і знижують частку повторних обстежень, є актуальним завданням [4].

У даній роботі запропоновано модифікований генетичний метод розпізнавання діагностично значущих ознак пневмонії на рентгенівському знімку легень, що дозволяє знижувати трудомісткість, підвищувати достовірність пошуку, прискорити процес діагностики захворювань і знизити частину помилок і повторних обстежень пацієнтів.

Аналіз літературних даних і постановка проблеми

У процесі медичної діагностики багатьох захворювань виникають завдання аналізу зображень різних тканин на наявність характерних для патології особливостей. Традиційно ці завдання вирішуються кваліфікованими експертами шляхом візуальної оцінки. Тим часом розробка комп'ютерних систем автоматичної діагностики, здатних навчатися та розпізнавати біомедичні зображення, може істотно підвищити швидкість процедури діагностики та здешевити її.

У статті [5] розглянуто метод розпізнавання зображень у вигляді рентгенограм, заснований на методі дерева рішень. Автори роботи показали, що запропонований метод забезпечує економію обчислювальних ресурсів, дозволяє оптимізувати процедури вибору класифікаційних ознак і суттєво обмежити кількість використуваних ознак при розпізнаванні конкретних об'єктів. Недоліком представ-

леного методу є те, що в процесі побудови дерева рішень можуть створюватися занадто складні конструкції, які недостатньо повно представляють дані.

У роботі [6] запропоновано метод цифрової обробки та розпізнавання напівтонових растрових зображень рентгенограм грудної клітини із використанням методу мурашиних колоній. У даному методі використовується розподілений алгоритм, заснований на популяції мурах. Кожна мураха у запропонованій моделі наділена здатністю запам'ятовувати місцезнаходження об'єкта, яке буде оновлено при досягненні нової мети. Нечітка міра зв'язності приймається для оцінки подібності між цільовим об'єктом і об'єктом, на який посилається в даний момент мураха. У розробленому методі поведінка однієї мурахи впливає на поведінку сусідів і на спільні дії при обміні інформацією та при випаровуванні феромону. Перевагою розробленого методу є його здатність зберігати деталі об'єкта та несприйнятливість до шуму. Недоліком запропонованого методу є схильність до попадання в локальне оптимальне рішення та залежність результату від настроювальних параметрів, які підбираються тільки експериментальним шляхом.

У роботі [7] запропоновано градієнтний спосіб виділення контурів легень на матриці півтонового растрового зображення рентгенограми грудної клітини. Даний метод полягає в тому, що для всіх пікселів растрового зображення обчислюють норму або квадрат норми градієнта зміни їхньої яскравості. Потім на новій чорно-білій монохромній матриці чорним кольором на білому фоні виділяють всі елементи, в яких значення норми або квадрата норми градієнта більше порогового значення. За контури об'єктів на монохромній матриці приймають зв'язкові конфігурації елементів чорного кольору. Потім розраховують порогове значення квадрата норми градієнта як добуток даного коефіцієнта на суму квадратів середніх величин модулів зміни яскравості сусідніх пікселів по рядках і стовпцях. Відповідно, серед зв'язкових конфігурацій елементів чорного кольору на монохромній матриці відразу відкидаються конфігурації, у яких число вхідних елементів менше 5–7 елементів. Для решти конфігурацій обчислюють середню міру сусідства — частка від ділення суми по всіх елементах конфігурації сусідніх з ним елементів на суму елементів у конфігурації. Причому ті конфігурації, в яких середня ступінь сусідства менше 3, відкидають, а що залишилися, приймають за шукані контури об'єктів.

До недоліків даного способу можна віднести занадто велике число параметрів, що емпірично настроюються та, які не дозволяють отримати вирішальні правила, придатні для зображень одного і того ж класу. При нечітких сегментах такі параметри підібрати практично неможливо.

У роботі [8] описується метод сегментації зображень у вигляді рентгенограм. Запропонований метод складається з двох етапів: вирощування та подальшого злиття сегментів. Вирощування областей у даному методі використовується для виконання початкової свідомо надлишкової сегментації, а злиття областей, засноване на методах теорії графів, має на меті досягнення остаточного оптимального стану сегментації. Визначення центрів кристалізації у даному методі відбувається в автоматичному режимі на основі градієнтного зображення, отриманого з вихідного за допомогою масочного оператора Кірша. Використання градієнтного зображення дозволяє досить універсально вирішити проблему автоматичного виявлення центрів кристалізації, так як мінімумам функції градієнтного зобра-

ження будуть відповідати точки з максимально однорідною околицею (потенційні центри зростання сегментів).

Однак недоліком застосування оператора Кірша в запропонованому методі є його просторова обмеженість. При пошуку центрів кристалізації було би корисним дослідити околицю точки на великих масштабах, щоб врахувати низькочастотні зміни функції яскравості зображення і, таким чином, провести точніше подальше визначення центрів зростання.

У статті [9] представлений метод оптимального виділення набору ознак для класифікації зображень рентгенограми грудної клітки, який включає генетичний алгоритм (ГА) і дерево системної індукції (system induction tree) (ДСІ). Цей підхід одночасно мінімізує число ознак, що використовуються для роботи класифікатора, і сприяє поліпшенню роботи класифікатора. ГА використовується для пошуку в просторі можливих підмножин більшої множини ознак-кандидатів. Для отриманої підмножини ознак ДСІ створює дерево рішень. Значенням фітнес-функції для даного підмножини ознак служить якість роботи дерева рішень на нових даних. Це значення потім використовується ГА для отримання кращої множини ознак. Процес взаємодії ГА та ДСІ повторюється до тих пір, поки не буде знайдено оптимальну множину ознак, з якою би класифікатор працював задовільно.

Перевагою даного методу є те, що він забезпечує зменшення описової складності та поліпшення якості розпізнавання порівняно зі стандартними методами виділення ознак для класифікатора.

Недолік полягає у тому, що дерева рішень схильні до перенавчання, а також вони вразливі до зміщення класів, які є в більшості наборів даних. Хорошим рішенням у даному випадку є періодичне балансування класів (ваги класу, вибірка, певна функція втрат).

У роботі [10] були проведені експерименти із використанням згорткових нейронних мереж для класифікації наявності туберкульозу на рентгенівських знімках. Попередня обробка складалася з отримання маски легень після сегментації, потім вихідне зображення обрізалось по межах отриманої маски. Для класифікації використовувалися наступні моделі згорткових нейронних мереж і попередня підготовка на imagenet: AlexNet, VGG-16, VGG-19, ResNet-50, Xception. Процес навчання відбувався тільки для невеликого блоку повнозв'язних шарів, розташованого за останнім згортковим шаром. У статті кращі результати показала мережа AlexNet. Поряд з вищеперахованими моделями розглядалася невелика згорткова нейронна мережа, що складається з трьох згорткових шарів з фільтром 3×3 , після кожного з яких застосовувався MaxPooling з вікном 2×2 і кроком 2. Потім був розташований повнозв'язний шар і шар Dropout. У кінці розташований повнозв'язний шар передбачення з двома виходами і функцією активації softmax. Результати такої моделі виявилися гіршими порівняно з AlexNet по метриках точності та AUC.

З отриманих результатів експериментів можна зробити висновок, що перевагою використання згорткової нейронної мережі є те, що вона містить менше параметрів, ніж звичайна повнозв'язна мережа. Недолік полягає у тому, що згорткова нейронна мережа має тривалий час навчання та необхідність великої кількості даних.

У роботі [11] автори пропонують використовувати спеціальний генетичний алгоритм (RCGA), ґрунтуючись на тому, що в генетичні алгоритми закладені принципи, запозичені з біології і генетики, що, в свою чергу, дозволить досягти хороших результатів. Запропонований авторами метод узгодженого відбору ознак для класифікації знімків флюорографії заснований на паралельних генетичних алгоритмах дійсного кодування (RCGA) у поєднанні з імітаційними моделями AnyLogic. Особливістю даного підходу є використання агентів-процесів, які є автономними генетичними алгоритмами, що функціонують синхронно в паралельних потоках, періодично обмінюються найкращими потенційними рішеннями, що забезпечує подолання проблеми застрягання генетичних алгоритмів у локальних екстремуму та істотно покращують загальну процедуру пошуку рішень. Недоліком запропонованого методу є його складність реалізації, а також він вимагає значного числа обчислювальних ресурсів [33].

У [12] запропоновано метод пошуку аномалій у рентгенівських знімках за допомогою глибокого машинного навчання з використанням попередньої обробки знімків для сегментації легень і видалення кісток. Запропонований метод, працює в припущенні, що значення різниці інтенсивностей кістки і легеневої тканини може змінюватися від центру кістки до її кордонів, проте це значення залишається практично незмінним на сусідніх ділянках уздовж параболічної кривої. Це припущення дозволяє методу спочатку визначити різницю інтенсивності в центрі кістки, а потім розширити це значення у вертикальному напрямку для відомості різниці між кордонами ребер і легеневою тканиною, що знаходиться зверху чи знизу від кордонів до мінімуму. Автори роботи обрали для класифікації кісткової тканини на знімках стандартну модель згорткової нейронної мережі на базі архітектури AlexNet. Мережа містить вісім шарів: 5 шарів згортки і 3 повнозв'язних шари. У даній нейромережі використовується функція активації ReLU. ReLU-шар розташований після кожного згорткового та повнозв'язного шару.

Перевагою даного методу є його стійкість до спотворення вхідних даних, висока ефективність класифікації і не занадто велике число настроювальних параметрів. Однак використання даного методу пов'язане зі складністю його тренування та часто виявляється менш продуктивним, ніж використання шаблонних методів.

У роботі [13] пропонується та досліджується метод комп'ютерної діагностики захворювань органів дихання за допомогою текстурного аналізу рентгенівських знімків. Запропоновано алгоритм наближеного пошуку найближчого сусіда, в якому еталон, що перевіряється наступним вибирається так, щоб максимізувати умовну щільність імовірності відстаней до еталонних зображень, перевірених на попередніх етапах. Результати експериментів показали підвищену обчислювальну ефективність розробленого алгоритму порівняно з відомими методами. Недолік запропонованого методу полягає в тому, що знайти найближчого сусіда за прийнятний час зовсім не просто. У розпорядженні має бути достатній об'єм пам'яті для зберігання всієї вибірки, а також для процедури пошуку, що дозволяє швидко знаходити найближчого сусіда до елемента, що знову поступив.

У роботі [14] представлено вирішення завдання класифікації рентгенівських знімків грудної клітини за допомогою згорткової нейронної мережі, навченої на малих наборах даних. Використовується навчальний бінарний класифікатор для

виявлення наявності або відсутності патології нижніх дихальних шляхів. У даній роботі наведено результати обчислювального експерименту та показано, що використання згорткових нейронних мереж для виділення кількісних ознак зображень є значно ефективнішим підходом порівняно із традиційними методами. Також використання нейронної мережі дає такі переваги як: адаптація до змін навколишнього середовища, стійкість до шумів у вхідних даних і потенційна швидкодія.

Поряд із зазначеними вище перевагами сучасні методи глибокого навчання мають один суттєвий недолік: для ефективного навчання згорткової нейронної мережі потрібна дуже велика кількість (десятки та сотні тисяч) анованих зображень, що особливо важко забезпечити в разі біомедичних зображень.

У роботі [15] запропонована модифікація алгоритму Вітербі для розпізнавання рентгенівських знімків, яка полягає у тому, що він вибирає кращу послідовність сегментованих і розпізнаних символів вхідного рядка. Перевагою даного алгоритму є те, що він дозволяє будувати найбільш оптимальну гіпотезу за рахунок порівняння розрахованих імовірностей у кожен момент часу та відкидання неоптимальних варіантів. Недоліком даного алгоритму є необхідність розрахунку всіх можливих імовірностей спостережень для кожного вектора та подальшого рекурентного оцінювання даних імовірностей, що підвищує обчислювальні витрати.

У [16] представлено застосування комітетного методу голосування за більшістю для вирішення завдання розпізнавання рентгенівських знімків. Метод голосування за більшістю є найпростішим комітетним методом, який зараховує об'єкт до того класу, до якого він був привласнений відносно більшістю алгоритмів. До переваг комітетних методів відноситься їхня простота, висока швидкодія. Для застосування цих методів не потрібно ніякої додаткової процедури навчання, що дозволяє відразу переходити до розпізнавання об'єктів комітетом навчених алгоритмів. Недолік комітетних алгоритмів полягає у тому, що вони можуть приводити до побудови громіздких композицій, які складаються із сотень алгоритмів. Такі композиції виключають можливість змістовної інтерпретації, вимагають великих обсягів пам'яті для зберігання базових алгоритмів та істотних витрат часу на обчислення класифікацій.

У роботі [17] використовується нейронна мережа Кохонена для класифікації наявності туберкульозу на рентгенівських знімках. Основна відмінність нейронної мережі Кохонена від інших типів нейронних мереж полягає в наочності та зручності використання. Ця мережа дозволяє спростити багатовимірну структуру, її можна вважати одним із методів проектування багатовимірного простору в простір з більш низькою розмірністю. Інша принципова відмінність мережі Кохонена від інших моделей нейронних мереж — некероване або неконтрольоване навчання, що дозволяє задавати лише значення вхідних змінних. Перевагою є її стійкість до зашумлених даних, швидке навчання, можливість спрощення багатовимірної структури. Істотним недоліком мережі Кохонена є необхідність зумовленості базової кількості класів, а також залежність від випадкової ініціалізації нейронів і порядку навчальної множини. Останній зазначений недолік може привести до некоректності розташування класів у просторі при різній щільності та віддаленості класів.

Проаналізувавши роботи [5–17], було встановлено, що в процесі розпізнавання образів у зображеннях при прийнятті рішень медичні фахівці стикаються з низкою проблем: неповна та неточна вихідна інформація, велика мінливість атрибутів і невеликі розміри вибірки, обмежений час прийняття рішень для висновків.

Ці фактори часто приводять до помилок у діагностиці. З метою підвищення ефективності та якості обробки медичних зображень, таких як рентгенографія грудної клітини, необхідно вдосконалити та модифікувати методи аналізу візуальних даних для підвищення точності і якості діагностики захворювань [14].

Мета та задачі дослідження

Об'єкт дослідження — процес розпізнавання образів захворювання пневмонії.

Предмет дослідження — методи розпізнавання зображень у вигляді рентгенограм.

Мета роботи — розробка модифікованого генетичного методу оптимізації параметрів моделі на основі згорткової нейронної мережі для вирішення завдання розпізнавання діагностично значущих ознак пневмонії на рентгеновському знімку легень.

Метод дослідження — традиційні моделі (дерева рішень, метод найближчого сусіда, метод мурашиної колонії), нейронні мережі, комбіновані методи (нейронні мережі та генетичні алгоритми, нейронні мережі та мультиагентні системи).

Розробка модифікованого генетичного методу оптимізації параметрів моделі на основі згорткової нейронної мережі

Для вирішення поставленого завдання було прийнято рішення розробити модифікацію ГА, що дозволить підвищити точність нейронної мережі. Завдання навчання нейронних мереж зводиться до налаштування вагових коефіцієнтів, і тут найбільш прийнятним способом можна вважати генетичні методи. Дане припущення випливає з того, що на початкових стадіях роботи мережі немає ніякої інформації про вхідні параметри для настроювання вагових параметрів нейронної мережі. В умовах невизначеності найбільшу ефективність показують саме еволюційні алгоритми [18]. У розробленій модифікації запропоновано спеціалізовані оператори схрещування, відбору та мутації, що забезпечують максимальну адаптацію до специфіки розв'язуваної задачі.

Спочатку запропонований генетичний метод здійснює формування початкової популяції, а саме випадковим чином генерується кінцевий набір пробних рішень за формулою

$$g^1 = \{g_1^1 \dots g_n^1\}, g_n^1 \in X, \quad (1)$$

де g — покоління; n — розмір популяції; X — ген [18].

У розробленому генетичному методі за хромосому виступає вектор, що складається зі стовпців вагової матриці W , при цьому для кодування можливих рішень у хромосомах застосовується наступна формула:

$$d_i = q_i \frac{(v_i - w_i)}{2^M - 1} + w_i, \quad (2)$$

де M — довжина (розрядність) одного гена; q_i — цілочисельне значення i -го гена хромосоми з множини $\{0, \dots, 2^M\}$; d_i — дійсне число з інтервалу допустимих рішень $[v_i, w_i]$ параметра, що оптимізується.

Після формування початкової популяції здійснюється оцінка пристосованості функції придатності для матриці W . Оскільки вагова матриця є частиною нейронної мережі, яка здійснює розпізнавання патологій, її необхідно привести до такого вигляду, щоб значення функції придатності було максимальним. Для цього необхідно порівняти отриманий вихідний вектор Y з еталонним зразком Y' за допомогою евклідової відстані, у результаті чого функція придатності визначається на основі обчисленої відстані та розраховується за формулами:

$$f = \frac{1}{R}, \quad (3)$$

$$R = |Y - Y'| = \sqrt{\sum_{j=1}^M (y_j - y'_j)^2}, \quad (4)$$

де R — евклідової відстань; y — значення вихідного вектора Y ; y' — значення вектора Y' , який є еталонним зразком.

Оцінка пристосованості поточного покоління обчислюється за формулою

$$F^k = \{f_1^k \dots f_n^k\}, f_n^k = (p_n^k), \quad (5)$$

де f — функція придатності; k — номер покоління [19].

Після цього в методі здійснюється відбір тих особин, генетичний матеріал яких братиме участь у формуванні наступної популяції рішень, тобто у створенні чергового покоління. Розроблений генетичний метод використовує метод селекції, званий методом рулетки. Ідея цього методу полягає в тому, що особини відбираються за допомогою n запусків рулетки, де n — це кількість особин в популяції. Колесо рулетки містить по одному сектору для кожної особини популяції. Розмір i -го сектора пропорційний імовірності попадання особини в нову популяцію $P(i)$ та обчислюється за формулою

$$P(i) = \frac{f(i)}{\sum_{i=1}^n f(i)}, \quad (6)$$

де i — придатність i -ї особини. Очікуване число копій i -ї хромосоми після оператора рулетки визначається за формулою

$$n_i = P(i)n. \quad (7)$$

При такому відборі члени популяції з більш високим значенням функції придатності будуть вибиратися частіше, ніж особини з низькими значеннями [20].

Застосування генетичних операторів до хромосом, відібраних за допомогою селекції, призводить до формування нової популяції нащадків від створеної на попередньому кроці батьківської популяції. У запропонованому генетичному ме-

тоді застосовуються два основних генетичних оператора: оператор схрещування і оператор мутації.

Генерація нового покоління відбувається за допомогою операторів селекції S , схрещування C і мутацій M за формулою [20]

$$p^{k+1} = M * C * S(g^k, F^k). \quad (8)$$

За оператор схрещування обрано нерівномірне арифметичне схрещування. При використанні даного схрещування на основі значень генів хромосом-батьків P_1 та P_2 створюються два нащадки p_1 та p_2 , значення i -х генів яких розраховується за формулами:

$$p_1 = s \cdot P_1 + (1-s) P_2, \quad (9)$$

$$p_2 = s \cdot P_2 + (1-s) P_1, \quad (10)$$

де $s \in [0;1]$ — дійсний коефіцієнт, який генерується випадковим чином на кожній ітерації [21].

У результаті роботи оператора схрещування в популяції з'являються дві нові особини. Щоб контролювати кількість операцій кросинговеру, використовується коефіцієнт схрещування f_c , що визначає частку вироблюваних на кожній ітерації нащадків. Кількість нащадків визначається за формулою

$$C_k = \text{round}(S_p \cdot f_c) \cdot 2, \quad (11)$$

де C_k — кількість отримуваних нащадків; f_c — коефіцієнт схрещування; S_p — розмір початкової популяції, round — операція округлення [22].

Високе значення коефіцієнта схрещування дозволяє збільшити область простору пошуку та зменшує небезпеку попадання в локальний оптимум, проте занадто велике значення вказаного параметра призведе до збільшення часу роботи методу, а також до надмірного дослідження малоперспективних областей пошукового простору.

Мутація в запропонованому методі виконується з певною ймовірністю P_m , при якій відбувається заміна алелі випадковим значенням. Вона вибирається з однаковою ймовірністю в області визначення гена. Зауважимо, що саме завдяки мутації розширюється область генетичного пошуку.

При виконанні мутації задається коефіцієнт мутації R_m і генерується випадкове число N_m , рівномірно розподілене на відрізку $[0, 1]$. Якщо $R_m > N_m$, то випадковим чином вибирається точка мутації z [22].

У роботі застосовується спеціальний оператор мутації, отриманий шляхом адитивної згортки оператора мутації на основі приросту та класичного оператора мутації. Використання мутацій на основі приросту дозволяє вносити в популяцію новий генетичний матеріал, що призводить до збільшення простору пошуку, яке потрібне для ефективного пошуку оптимуму. Застосування в одному методі відразу двох видів оператора мутації дає можливість здійснення ефективного пошуку оптимального рішення, що дозволяє протягом короткого проміжку часу отримати хороші результати, а також виділити найбільш придатні для вивчення «околиці рішень» [22].

Особини з мутаціями залишаються в популяції до початку формування нової популяції. Кількість особин, що мутують, визначається за формулами:

$$C_m = \text{round}(C_k \cdot f_m^p) + \text{round}(C_k \cdot f_m^a), \quad (12)$$

$$f_m^p + f_m^a = f_m \leq 1, \quad (13)$$

де C_m — кількість особин, отриманих за допомогою оператора мутації; C_k — кількість нащадків; f_m^p — коефіцієнт класичної мутації; f_m^a — коефіцієнт мутації на основі приросту; f_m — загальний коефіцієнт мутації; *round* — операція округлення [22].

Розроблюваний метод дозволяє регулювати баланс між класичним оператором мутації і мутацією, заснованою на α -прирості. За допомогою даної можливості можна підлаштовувати метод під умови конкретного завдання. При збільшенні частки використання класичного оператора мутації збільшується точність пошуку в околиці кращих рішень на основі поточного генетичного матеріалу, а зі збільшенням частки мутації, заснованої на α -прирості, відповідно зростає загальний простір пошуку та відбувається оновлення генного складу популяції [23].

Наскільки сильно зросла чисельність популяції, можна визначити за допомогою загального коефіцієнта мутації f_m та коефіцієнта схрещування f_c , чисельність поточної популяції визначається за формулою

$$S_c = S_p + C_k + C_m, \quad (14)$$

де S_c — чисельність поточної популяції; S_p — розмір початкової популяції; C_k — кількість отриманих нащадків; C_m — кількість особин, отриманих за допомогою оператора мутації [23].

Потім метод здійснює оцінку придатності особин нащадків, отриманих у результаті операції кросинговеру, а також оцінку особин, які були отримані в результаті роботи оператора мутації. На основі отриманих значень функції придатності для кожної особини нової популяції здійснюється видалення тих особин, у яких значення функції придатності найменші. Метод реалізує дане завдання шляхом послідовного видалення особини з мінімальним значенням функції придатності до тих пір, поки чисельність популяції не повернеться до початкового значення. Кількість «відмерлих» особин обчислюється за формулою

$$C_d = C_k - C_m, \quad (15)$$

де C_d — кількість «відмерлих» особин; C_k — кількість отриманих нащадків; C_m — кількість особин, отриманих за допомогою оператора мутації [23].

У розробленому методі за критерій зупинки використано механізм, який заснований на відсутності змін функції придатності найкращою особини за певне число ітерацій. Так само доцільно поставити зупинку роботи методу після досягнення певного числа ітерацій. Якщо виконана умова зупинки, алгоритм видає оптимальне рішення, представлене найкращою особиною, яка буде передана нейронній мережі як початковій матриці вагових коефіцієнтів W [23, 24].

Таким чином, у результаті роботи генетичного методу отримано набір вагових коефіцієнтів, що забезпечують коректну роботу нейронної мережі. В роботі

розроблено модифікований генетичний алгоритм, який в якості значень генів використовує дійсні, а не двійкові числа. Це пов'язано з тим, що гени слугують кількістю нейронів, котрі будуть подаватися на вхід до шарів нейромережі.

Експерименти методів ініціалізації початкової сукупності в еволюційному алгоритмі

Для розробки та тестування моделей було використано датасет зі знімками пневмонії, який має назву «Chest X-Ray Images (Pneumonia)» [25]. Даний датасет був поділений на три інші датасети: один для тренування, другий для перевірки точності нейромереж в кінці кожної епохи, а також третій для кінцевої перевірки після навчання нейромереж. Кожен датасет містить дві папки, знімки з пневмонією і без пневмонії.

Важливою вимогою до даних для моделювання є їхні кількість і якість. Якщо дані містять зайву зашумленість, не чітку послідовність і невірний формат — це негативно впливає на точність прогнозів, працю та якість моделей [26–28].

Також дані, призначені для використання як навчальні датасети для класичних та еволюційних методів, повинні бути нормалізовані та приведені до одного типу, для зменшення похибки та покращення якості тренування.

Обробка початкових даних перед поданням моделі була пророблена у наступній послідовності:

- надані лейбли, номери класів усім фотографіям для розподілення на два класи, знімки з пневмонією та без пневмонії;
- приведення даних до типів, що будуть використовуватись у розрахунках [28–31].

Для початку роботи в даній тематиці було вирішено протестувати якість роботи класичних методів розпізнавання образів. Було проведено ряд експериментів з такими класичними методами розпізнавання образів як:

- дерева рішень;
- метод найближчого сусіда;
- метод мурашиної колонії.

Результати порівняння класичних методів за точністю та часом виконання наведені в табл. 1. Порівняння точності класичних методів наведено на рис. 1.

Таблиця 1. Порівняння класичних методів

Назва методу	Точність, %	Час виконання, с
Дерева рішень	52 %	280
Метод найближчого сусіда	55 %	435
Метод мурашиної колонії	52 %	194
Метод комітетів	52 %	324
Алгоритм Вітербі	53 %	473

З табл. 1 та рис. 1 можна побачити, що найкращий результат отримується за допомогою методу найближчого сусіда, точність якого складає 55 %. Він показав високий відсоток правильних відповідей за 435 с. Дерева рішень, метод комітетів і метод мурашиної колонії показують 52 % точності вирішення задачі за 280, 324, 194 секунд відповідно. Алгоритм Вітербі показав 53 % точності за 473 с. Але оп-

тимальніше є метод мурашиної колонії, він витратив менше за усіх часу, за 194 с, і дав на 3 % менше точності від метода найближчого сусіда. Не будемо зупинятись на класичних методах, перейдемо до тестування нейромерж.

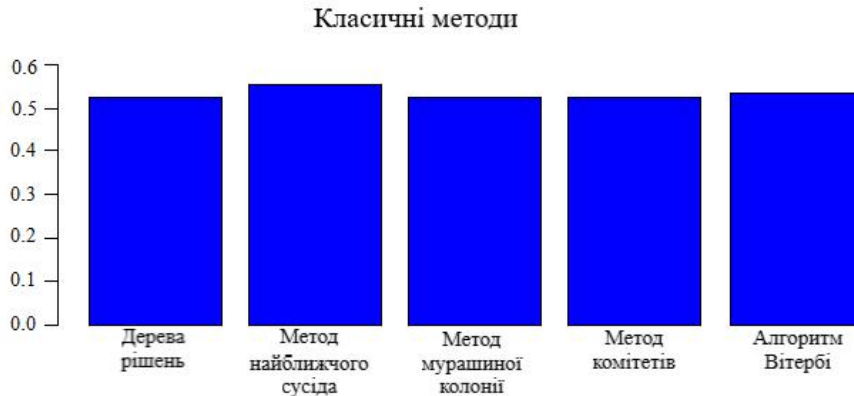


Рис. 1. Порівняння точності класичних методів

Далі розглянемо та порівняємо результати класичних і сучасних нейромерж, від одношарового перцептрону до згорткових нейромерж. Для даної задачі теоретично гарно підходять згорткові нейромержі, але це слід перевірити на практиці. Перевірка буде проходити з однаковими умовами:

- кількість епох;
- розмір підвиборки;
- розмір датасетів для навчання, тестування, перевірки;
- метрики;
- оптимізатор.

Для експериментів було обрано такі нейромержі [31–34]:

- 1) MLP — двошаровий перцептрон;
- 2) РБНС — радіально базисна нейронна мережа;
- 3) CNN — згорткова нейромержа;
- 4) Inception v3 — згорткова нейромержа Inception v3;
- 5) LSTM — мережа довгої короткочасної пам'яті;
- 5) Кохонена.

Дані моделі були обрані для експериментів, оскільки вони дозволяють ефективно розв'язувати завдання розпізнавання образів і забезпечують прийнятну точність. У них також є багато підтипів, які допомагають пристосувати їх до особливостей різних задач прогнозування та класифікації, а також до різних наборів даних.

На рис. 2 та рис. 3 зображено навчання нейромержі RBF.

З рис. 2 та рис. 3 можна побачити, що модель РБНС відрізняється від попередніх, але також не підходить для вирішення даної задачі. На рис. 3 спостерігається, що на 13 епосі навчання нейромержі стрімко падає, але перевірка на валідційному датасеті дає 58 % точності.

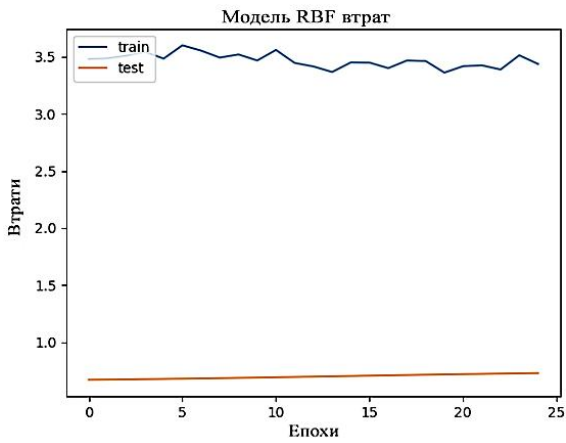


Рис. 2. Графік залежності помилки мережі втрат від кількості циклів навчання епох для моделі РБНС

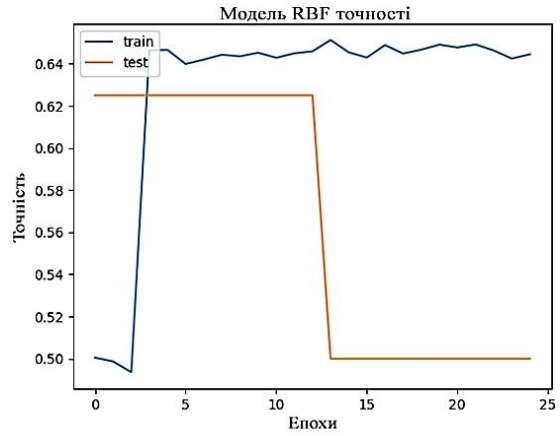


Рис. 3. Графік залежності помилки мережі точності від кількості циклів навчання епох для моделі РБНС

На рис. 4 та рис. 5 зображено навчання нейромережі CNN.

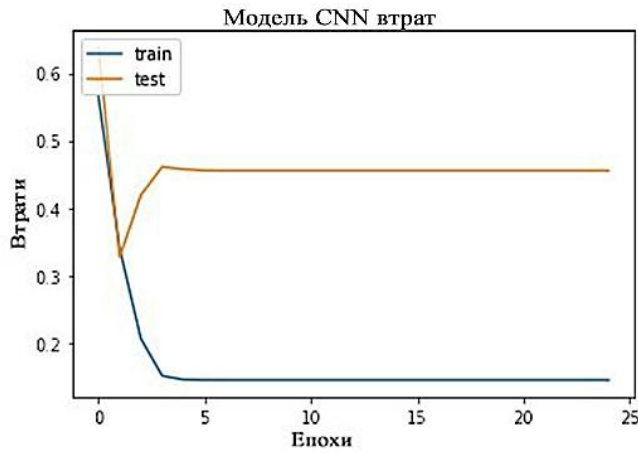


Рис. 4. Графік залежності помилки мережі втрат від кількості циклів навчання епох для моделі CNN

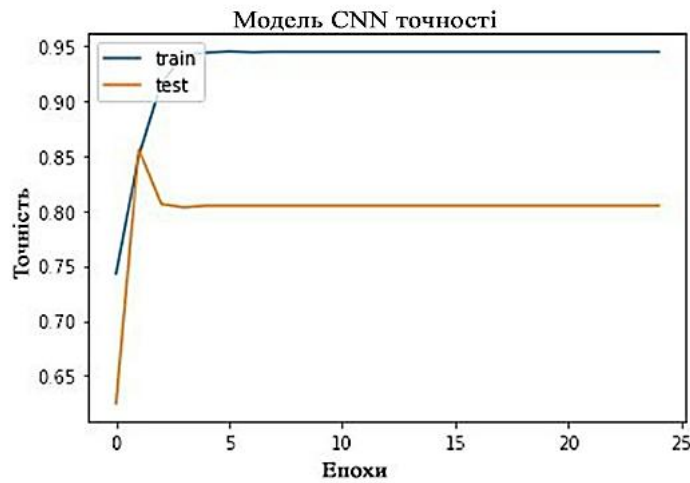


Рис. 5. Графік залежності помилки мережі точності від кількості циклів навчання епох для моделі CNN

З рис. 4 та рис. 5 можна побачити, що CNN-нейромережа дає досить високу точність. Візуально графік залежності помилки мережі точності для моделі CNN (рис. 5) схожий на графік залежності помилки мережі точності для моделі MLP, але різниця в тому, що на валідаційному датасеті було отримано значно вищий результат. Значить у процесі навчання даної мережі виникло «перенавчання», це можна буде скорегувати зміною гіпер- та макропараметрів самої нейромережі.

На рис. 6 та рис. 7 зображено навчання нейромережі Inception.

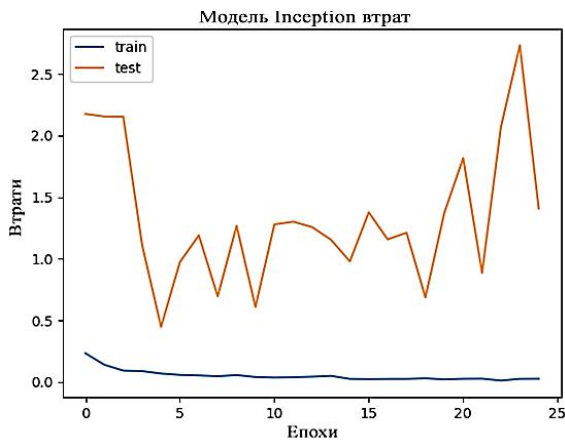


Рис. 6. Графік залежності помилки мережі втрат від кількості циклів навчання епох для моделі Inception

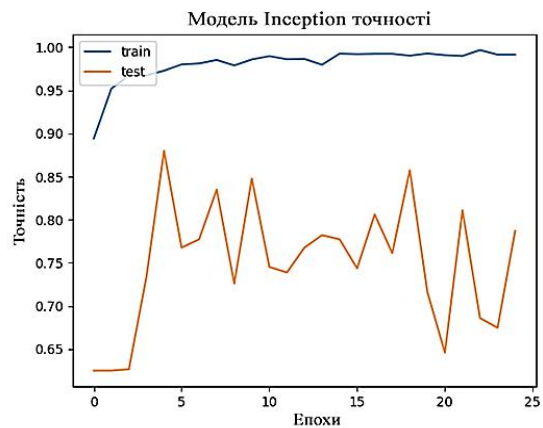


Рис. 7. Графік залежності помилки мережі точності від кількості циклів навчання епох для моделі Inception

З рис. 6 та рис. 7 можна побачити, що Inception-нейромережа дає 85 % точності на приблизно 3 епохи навчання, і потім дає вже менш вдалі результати. Це свідчить, що навчання далі скоріш за все не буде давати кращі результати.

На рис. 8 зображено навчання нейромережі LSTM.

З рис. 8 можна побачити, що навчання відбувається упродовж перших епох, Отже, нейромережа не підходить для вирішення задачі розпізнавання образів пневмонії. Висока точність на тестовому датасеті не є остаточним критерієм перевірки працездатності нейромережі. Кінцевий результат можна отримати при перевірці нейромережі на валідаційному наборі.

Проведемо зрівняння нейромереж за такими ознаками (табл. 2):

- точність на валідаційному наборі, %;
- час праці, с;
- кількість епох.

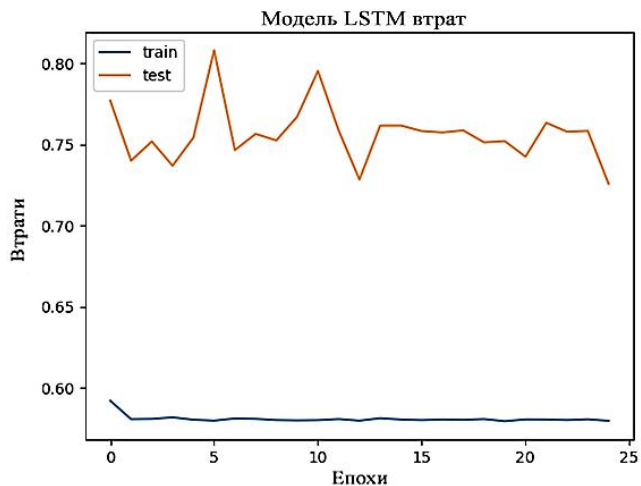


Рис. 8. Графік залежності помилки мережі втрат від кількості циклів навчання епох для моделі LSTM

Таблиця 2. Порівняння результатів навчання нейромереж

Назва мережі	Точність на валідаційному наборі, %	Час праці, с	Кількість епох
MLP	54 %	410	25
RBF	58 %	910	25
CNN	75 %	3334	25
Inception	68 %	4158	25
LSTM	50 %	2154	25
Кохонена	63 %	1530	25

З табл. 2 можна побачити три основні стовбці, які мають найбільшу цінність для перевірки та порівнянні нейромереж. Точність на валідаційному наборі означає, як нейромережа працює із зображеннями, які вона не бачила в процесі навчання. Нейромережа на тестовому датасеті може показувати високий відсоток правильних відповідей (наприклад ~80–90 відсотків), а на валідаційному низький відсоток (наприклад ~60–70 відсотків). Час навчання також важливий критерій, бо якщо навчання буде тривати досить довгий час, неможливо буде передбачити системні, а бо інші збої. Останній критерій — кількість епох — за наявності багатой кількості епох нейромережа «перенавчиться» і буде давати велику похибку на валідаційному датасеті, а на тестовому — точність буде на досить великому рівні, приблизно 90 %.

На рис. 8 можна побачити, що кращий результат показує CNN (75 %). Наступним їде Inception (68 %), після чого Кохонена (63 %) і MLP (54 %), а на останньому місці LSTM (50 %). Якщо взяти до уваги рис. 9, то оптимальним вибором буде нейромережа CNN за ознаками точність (75 %) \ час навчання (3334).

Порівняємо роботу класичних методів з нейромережами. У табл. 3 наведено результати праці методів і нейромереж на тих параметрах, які можливо порівняти.

Таблиця 3. Порівняння нейромереж і класичних методів

Назва	Точність, %	Час, с
Дерева рішень	52 %	280
Метод найближчого сусіда	55 %	435
Метод мурашиної колонії	52 %	194
Метод комітетів	52 %	324
Алгоритм Вітербі	53 %	473
MLP	54 %	410
RBF	58 %	910
CNN	75 %	3334
Inception	68 %	4158
LSTM	50 %	2154
Кохонена	63 %	1530

З табл. 3 можна побачити, що на перших місцях залишилися CNN (75 %), Inception (68 %) та Кохонена (63 %). Після них ідуть перцептрони та методи, що мають приблизно однаковий результат.

Як видно з табл. 3 найкращі результати були отримані у моделі CNN, тому її було обрано для подальшої модернізації розробленим генетичним методом. Згортова нейронна мережа за рахунок застосування спеціальної операції — власне згортки — дозволяє одночасно зменшити кількість інформації, що зберігається в

пам'яті, за рахунок чого краще справляється із зображеннями більш високої роздільної здатності, і дозволяє виділити опорні ознаки зображення, такі як ребра, контури або межі. На наступному рівні обробки з цих ребер і граней можна розпізнати повторювані фрагменти текстур, які далі можуть скластись у фрагменти зображення. Також її перевагою є зменшення кількості настроюваних параметрів і підвищення швидкості навчання порівняно з повнозв'язною нейронною мережею.

У табл. 4 представлені параметри, які були використані для модернізації CNN та їхні обрані значення.

Таблиця 4. Налаштування ГА (модифікованого) для модернізації CNN

Назва параметра	Значення
Кількість осіб	10
Кількість популяцій	10
Кількість нейронів у першому шарі	0–128 (при 0 шар не створюється)
Кількість нейронів у другому шарі	0–128 (при 0 шар не створюється)
Кількість нейронів у третьому шарі	0–128 (при 0 шар не створюється)
Кількість нейронів у четвертому шарі	0–128 (при 0 шар не створюється)
Кількість нейронів у п'ятому шарі	0–128 (при 0 шар не створюється)
Шанс дропауту	0,2–0,6

На рис. 9 та рис. 10 можна побачити графіки навчання кращої моделі нейромережі, яка була отримана після модернізації за допомогою модифікованого ГА.

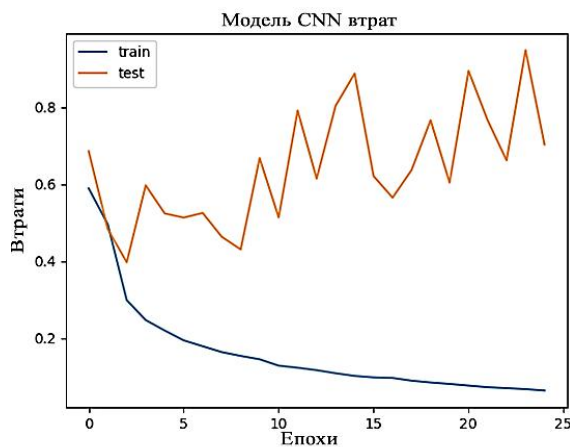


Рис. 9. Графік залежності помилки мережі втрат від кількості циклів навчання епох для моделі CNN

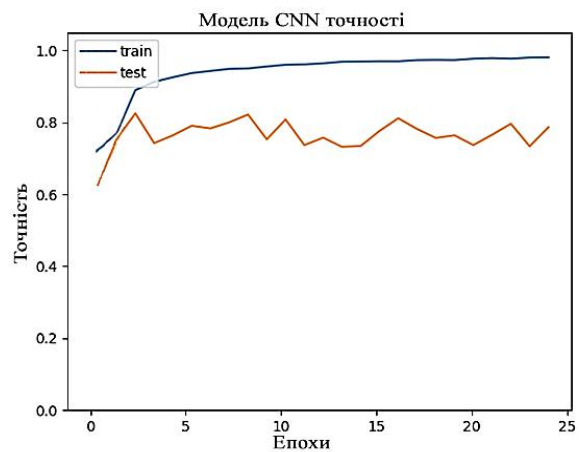


Рис. 10. Графік залежності помилки мережі точності від кількості циклів навчання епох для моделі CNN

З рис. 10 можна побачити, що модернізація нейромережі CNN дає значно кращий приріст у часі праці, а також приріст у точності прогнозування.

Проведемо порівняльний аналіз нейромережі CNN з нейромережею CNN, модернізованою з ГА (табл. 5).

Отже, розроблено модифікований генетичний метод для вирішення проблеми розпізнавання зображень у вигляді рентгенограм, який дозволить розробити ефективну архітектуру нейронної мережі та підвищити точність розпізнавання патологічних структур на рентгенограмах.

Таблиця 5. Нейромережа CNN, модернізована з ГА

Назва	Точність, %	Час, с
CNN	75 %	3334
CNN-GA(модифікована)	81 %	2563

Обговорення результатів

Аналізуючи отримані результати експериментів, можна побачити, що під час порівняння класичних методів розпізнавання (табл. 1), найкращі результати за точністю розпізнавання були отримані у методі найближчого сусіда, точність розпізнавання якого склала 55 % (для порівняння точність розпізнавання методу дерева рішень і мурашиної колонії дорівнює 52 %). Однак час виконання методу найближчого сусіда склав 435 с, що набагато більше ніж у методу дерева рішень і мурашиних колоній, час виконання у яких дорівнює 280 с та 194 с відповідно. Було проведено тестування класичних і сучасних нейромереж, від одношарового перцептронну до згорткових нейромереж. Під час навчання моделі РБНС було отримано такі значення: втрата мережі склала 1,5, а точність розпізнавання дорівнює 50 %. З рис. 3 можна побачити, що починаючи з 13 епохи навчання нейромережі РБНС стрімко падає та перестає зменшуватися, це говорить про те, що модель стає тренуваною, і подальше навчання вже не відбувається. Під час навчання нейромережі CNN визначено, що значення мережі втрат дорівнює 0,45, а точність розпізнавання складає 81 %. Було проведено тестування моделі Inception і встановлено, що втрата нейромережі складає 2,3, а точність її розпізнавання дорівнює 75 %. Отже, з отриманих результатів можна побачити, що застосування нейронних мереж дає перевагу в точності розпізнавання. Проведено порівняння класичних методів і нейронних мереж (табл. 3), які були перевірені на валідаційному наборі та встановлено, що найкращі результати розпізнавання патологічних структур на рентгенограмах отримано за допомогою CNN. Тестування розробленого методу показало (табл. 5), що він дозволяє збільшити точність розпізнавання до 81 % та зменшити час обчислювання до 2563 с, що є прийнятними показниками. Отже розроблено ефективний модифікований генетичний метод, який реалізує частину інтелектуальних дій, традиційно виконуваних експертом, з пошуку ознак патології на рентгенівському знімку легень.

Висновки

Розглянуто проблеми машинної класифікації і розпізнавання зображень у вигляді рентгенограм, а також питання вдосконалення штучних нейронних мереж, які використовуються для підвищення якості та точності виявлення аномальних структур на рентгенограмах грудної клітини. Зроблено огляд існуючих методів глибокого навчання та методів розпізнавання рентгенівських знімків. Проведено порівняльний аналіз класичних методів і сучасних нейромереж, від одношарового перцептронну до згорткових нейромереж за точністю та часом виконання. Встановлено, що найкращі результати розпізнавання патологічних структур на рентгенограмах отримано за допомогою згорткової нейромережі. Точність розпізнавання даної моделі склала 75 % (для порівняння точність методу мурашиної колонії до-

рівнює 52 %), але вона поступається за часом виконання, який дорівнює 3334 с (час виконання методу мурашиної колонії дорівнює 194 с). Для подолання цієї проблеми було розроблено модифікований генетичний метод оптимізації параметрів моделі на основі згорткової нейронної мережі. Представлений метод дозволяє вирішити завдання розпізнавання діагностично значущих ознак пневмонії на рентгеновському знімку легень. Принципова відмінність запропонованого генетичного методу від існуючих аналогів полягає у використанні спеціального оператора мутації у вигляді адитивної згортки двох операторів мутації, який дозволяє скоротити час навчання нейронної мережі, а також виділити найбільш придатні для вивчення «околиці рішень». Тестування розробленого методу показало, що його точність розпізнавання зросла до 81 %, а час зменшився до 2563 с, що є прийнятним показником. Практичне використання розробленого методу дозволить знизити трудомісткість, підвищити достовірність пошуку, прискорити процес діагностики захворювань і знизити частину помилок і повторних обстежень пацієнтів. У перспективі подальші дослідження можливі для розробки систем для ранньої діагностики захворювань органів дихання, а також пов'язані з розвитком математичного, алгоритмічного та програмного забезпечення автоматизованого робочого місця лікаря-рентгенолога.

1. Verma D., Bose C., Tufchi N., Pant K., Tripathi V., Thapliyal A. An efficient framework for identification of Tuberculosis and Pneumonia in chest X-ray images using Neural Network. *Procedia Computer Science*. 2020. Vol. 171. P. 217–224. doi: 10.1016/j.procs.2020.04.023.
2. Abiyev R., Ma'aitah M. Deep Convolutional Neural Networks for Chest Diseases Detection. *Journal of Healthcare Engineering*. 2018. Vol. 2018. P. 1–11. doi: 10.1155/2018/4168538
3. Pattrapisetwong P., Chiracharit W. Automatic lung segmentation in chest radiographs using shadow filter and multilevel thresholding. 2016 International Computer Science and Engineering Conference (ICSEC). 2016. doi: 10.1109/icsec.2016.7859887.
4. Liu Y., Wang H., Gu Y., Lv X. Image classification toward lung cancer recognition by learning deep quality model. *Journal of Visual Communication and Image Representation*. 2019. Vol. 63. P. 102570. doi: 10.1016/j.jvcir.2019.06.012.
5. Allaouzi I., Ben Ahmed M. A Novel Approach for Multi-Label Chest X-Ray Classification of Common Thorax Diseases. *IEEE Access*. 2019. Vol. 7. P. 64279–64288. doi: 10.1109/access.2019.2916849.
6. Sweetlin J., Nehemiah H., Kannan A. Feature selection using ant colony optimization with tandem-run recruitment to diagnose bronchitis from CT scan images. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*. 2017. Vol. 145. P. 115–125. doi: 10.1016/j.cmpb.2017.04.009.
7. Kasinathan G., Jayakumar S., Gandomi A., Ramachandran M., Fong S., Patan R. Automated 3-D lung tumor detection and classification by an active contour model and CNN classifier. *Expert Systems with Applications*. 2019. Vol. 134. P. 112–119. doi: 10.1016/j.eswa.2019.05.041.
8. Bharodiya A., Gonsai A. An improved edge detection algorithm for X-Ray images based on the statistical range. *Heliyon*. 2019. 5(10). P. e02743. doi: 10.1016/j.heliyon.2019.e02743.
9. Qin Y., Yu Z., Wang C., Gu Z., Li Y. A Novel clustering method based on hybrid K-nearest-neighbor graph. *Pattern Recognition*. 2018. Vol. 74. P. 1–14. doi: 10.1016/j.patcog.2017.09.008.
10. Sivaramakrishnan R. et al. Comparing deep learning models for population screening using chest radiography. *Medical Imaging 2018: Computer-Aided Diagnosis*. 2018. doi: 10.1117/12.2293140.
11. Uyar K., İlhan A. Diagnosis of heart disease using genetic algorithm based trained recurrent fuzzy neural networks. *Procedia Computer Science*. 2017. Vol. 120. P. 588–593. doi: 10.1016/j.procs.2017.11.283.
12. Ogul H., Ogul B., Agildere A., Bayrak T., Sumer E. Eliminating rib shadows in chest radiographic images providing diagnostic assistance. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*. 2016. Vol. 127. P. 174–184. doi: 10.1016/j.cmpb.2015.12.006.

13. Candemir S., Antani S. A review on lung boundary detection in chest X-rays. *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery*. 2019. **14**(4). P. 563–576. doi: 10.1007/s11548-019-01917-1.
14. Ke Q. et al. A neuro-heuristic approach for recognition of lung diseases from X-ray images. *Expert Systems with Applications*. 2019. Vol. 126. P. 218–232. Doi: 10.1016/j.eswa.2019.01.060.
15. Ambrosini P., Smal I., Ruijters D., Niessen W., Moelker A., Walsum T. 3D Catheter Tip Tracking in 2D X-Ray Image Sequences Using a Hidden Markov Model and 3D Rotational Angiography. *Augmented Environments for Computer-Assisted Interventions*. 2015. P. 38–49. doi: 10.1007/978-3-319-24601-7_5.
16. Li X. et al. Multi-resolution convolutional networks for chest X-ray radiograph based lung nodule detection. *Artificial Intelligence in Medicine*. 2020. Vol. 103. P. 101744. doi: 10.1016/j.artmed.2019.101744.
17. Angela C., Carolina W., Carlos C. Medical Image Segmentation Using the Kohonen Neural Network. *IEEE Latin America Transactions*. 2019. Vol. 17. P. 297–304. doi: 10.1109/tla.2019.8863176.
18. Souza J., Bandeira Diniz J., Ferreira J., França da Silva G., Correa Silva A., de Paiva A. An automatic method for lung segmentation and reconstruction in chest X-ray using deep neural networks. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*. 2019. Vol. 177. P. 285–296. doi: 10.1016/j.cmpb.2019.06.005.
19. Sirazitdinov I., Kholiavchenko M., Mustafaev T., Yixuan Y., Kuleev R., Ibragimov B. Deep neural network ensemble for pneumonia localization from a large-scale chest x-ray database. *Computers & Electrical Engineering*. 2019. Vol. 78. P. 388–399. doi: 10.1016/j.compeleceng.2019.08.004.
20. Jain R., Nagrath P., Kataria G., Sirish Kaushik V., Jude Hemanth D. Pneumonia detection in chest X-ray images using convolutional neural networks and transfer learning. *Measurement*. 2020. Vol. 165. P. 108046. doi: 10.1016/j.measurement.2020.108046.
21. Oliinyk A., Fedorchenko I., Stepanenko A., Rud M., Goncharenko D. Evolutionary method for solving the traveling salesman problem. 2018 5th International Scientific-Practical Conference (PICST). 2018. P. 331–339. DOI: <https://doi.org/10.1109/INFOCOMMST.2018.8632033>.
22. Oliinyk A., Fedorchenko I., Zaiko T., Goncharenko D., Stepanenko A., Kharchenko A. Development of genetic methods of network pharmacy financial indicators optimization. 2019 IEEE International Scientific-Practical Conference: Problems of Infocommunications Science and Technology. 2018. P. 607–612. DOI: <https://doi.org/10.1109/PICST47496.2019.9061396>.
23. Oliinyk A., Fedorchenko I., Stepanenko A., Rud M., Goncharenko D. Combinatorial optimization problems solving based on evolutionary approach. 2019. 15th International Conference on the Experience of Designing and Application of CAD Systems (CADSM). 2019. P. 41–45. DOI: 10.1109/CADSM.2019.8779290.
24. Fedorchenko I., Oliinyk A., Stepanenko O., Zaiko T., Svyrydenko A., Goncharenko D. Genetic method of image processing for motor vehicle recognition. 2nd International Workshop on Computer Modeling and Intelligent Systems, CMIS 2019. 2019. Vol. 2353. P. 211–226. ISSN: 16130073
25. Imaging using X-rays. URL: <https://www.medicalradiation.com/types-of-medical-imaging/imaging-using-x-rays/>
26. Oliinyk A., Fedorchenko I., Stepanenko A., Katschan A., Fedorchenko Y., Kharchenko A., Goncharenko D. Development of genetic methods for predicting the incidence of volumes of pollutant emissions in air. 2nd International Workshop on Informatics and Data-Driven Medicine. 2019. P. 340–353. ISSN: 16130073.
27. Fedorchenko I., Oliinyk A., Stepanenko A., Zaiko T., Shylo S., Svyrydenko A. Development of the modified methods to train a neural network to solve the task on recognition of road users. *Eastern European Journal of Enterprise Technologies*. 2019. **9**(98). P. 46–55. DOI: 10.15587/1729-4061.2019.164789.
28. Fedorchenko I., Oliinyk A., Stepanenko A., Zaiko T., Korniienko S., Burtsev N. Development of a genetic algorithm for placing power supply sources in a distributed electric network. *Eastern European Journal of Enterprise Technologies*. 2019. **5**/3(101). P. 6–16. doi: 10.15587/1729-4061.2019.180897.
29. Fedorchenko I., Oliinyk A., Stepanenko A., Zaiko T., Korniienko S., Kharchenko A. Construction of a genetic method to forecast the population health indicators based on neural network models. *Eastern-European Journal of Enterprise Technologies*. 2020. **1**(4103). P. 52–63. DOI: 10.15587/1729-4061.2020.197319.

30. Lakshmanaprabu S.K., Sachi Nandan Mohanty, Shankar K., Arunkumar N., Gustavo Ramirez. Optimal deep learning model for classification of lung cancer on CT images. *Future Generation Computer Systems*. 2019. Vol. 92. P. 374–382. doi: 10.1016/j.future.2018.10.009.
31. Gupta N., Gupta D., Khanna A., Rebouças Filho P., de Albuquerque V. Evolutionary algorithms for automatic lung disease detection. *Measurement*. 2019. Vol. 140. P. 590–608. doi: 10.1016/j.measurement.2019.02.042.
32. Shakeel P., Burhanuddin M., Desa M. Lung cancer detection from CT image using improved profuse clustering and deep learning instantaneously trained neural networks. *Measurement*. 2019. Vol. 145. P. 702–712. doi: 10.1016/j.measurement.2019.05.027
33. Qin C., Yao D., Shi Y., Song Z. Computer-aided detection in chest radiography based on artificial intelligence: a survey. *BioMedical Engineering OnLine*. 2018. 17(1). doi: 10.1186/s12938-018-0544-y.
34. Zeng Z., Liang N., Yang X., Ho S. Multi-target deep neural networks: Theoretical analysis and implementation. *Neurocomputing*. 2018. Vol. 273. P. 634–642. doi: 10.1016/j.neucom.2017.08.044.

Надійшла до редакції 25.09.2020