

DOI: 10.35681/1560-9189.2023.25.1.287018

УДК 004.89

Є. М. Федорченко, А. О. Олійник, О. О. Степаненко,  
Т. В. Федорончак, М. О. Чорнобук

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

## Розробка та дослідження модифікованої згорткової нейронної мережі для розпізнавання образів малярійних клітин

*Проведено огляд та аналіз відомих рішень для проблеми виявлення малярії за знімками крові пацієнтів з використанням алгоритмів машинного навчання. Після розробки моделі машинного навчання для вирішення поставленої задачі на основі згорткових нейронних мереж проведено тестування точності роботи моделі та її порівняння з розглянутими аналогами. За результатами тестування було встановлено, що за показником точності класифікації модель знаходиться на рівні найкращих розглянутих моделей, маючи точність класифікації 98,08 %.*

**Ключові слова:** згорткова нейронна мережа, машинне навчання, малярія, розпізнавання образів, Keras, Python.

### Вступ

На даний час методи розпізнавання образів широко використовуються в медичній діагностиці. Малярія є не лише однією із найбільш небезпечних захворювань у багатьох регіонах світу, а й глобальною проблемою людства. Швидка, своєчасна та правильна діагностика — це ключовий фактор в успішній боротьбі із малярією.

Малярія — це небезпечна хвороба, що викликається паразитами роду *Plasmodium*. Незважаючи на розвиток медицини, у тому числі й протималярійних препаратів, ця хвороба залишається найбільш небезпечною проблемою сфери охорони здоров'я у тропічних і субтропічних регіонах, а також і всесвітньо глобальною проблемою. [1] Станом на 2020 рік приблизна кількість загиблих від малярії по всьому світу склала 627 000 осіб [2].

Найбільш важливою частиною стратегії боротьби з малярією є правильна та швидка постановка діагнозу. Діагностика малярії включає виявлення антигенів у крові пацієнта. У представленій роботі увагу буде приділено саме процесу виявлення паразитів у крові, що зазвичай виконується за допомогою візуального спо-

стерезення плазмодіїв у забарвленому зразку крові пацієнта за допомогою світлового мікроскопу. Цей метод є дуже дешевим і популярним, і на сьогодні він використовується в реальній медичній практиці [1]. І хоча точність цього методу є досить високою, але її не гарантовано. Так, дослідження [3], що було проведено у Танзанії, тобто в країні з найбільш уразливого до малярії регіону, показує точність мікроскопії на рівні 93,5 %.

Розробка автоматизованого методу обробки знімків крові пацієнтів з метою визначення інфікування малярією могла би підвищити точність, виключивши людський фактор, тобто неуважність або втому співробітника лабораторії, який проводить візуальний аналіз.

За останні роки технології машинного навчання знаходять усе більше застосувань у медицині. Використовуючи великі масиви даних про пацієнтів, зібрані за роки спостережень, можна розробити моделі, які допомагають лікарям з постановкою діагнозу, формують прогноз стану пацієнта і автоматично розробляють найкраще лікування.

У сферах, які пов'язані з обробкою зображень (гістологія, радіологія, онкологія) популярність набули, так звані, глибокі згорткові нейронні мережі.

Глибоке навчання (deep learning) — це метод побудови штучних нейронних мереж, що характеризується кількома прихованими шарами вузлів, які обробляють представлені дані, абстрагуючи їх різними способами. Наявність великої кількості внутрішніх шарів у мережі дозволяє більш точно представити складні взаємозв'язки між вхідними даними. Одним із застосувань технології глибокого навчання є згорткові нейронні мережі.

Згорткові нейронні мережі характеризуються перетворенням зображення на «карти особливостей» шляхом застосування операції «згортання» зображення. Карти особливостей містять дані вищого порядку, такі як контраст, лінії, колір, форми. Карти особливостей потім об'єднуються або «агрегуються» різними способами, щоб сформувати більш глибокі метадані про вхідне зображення. Параметри згорткових нейронних мереж оптимізуються за допомогою попередньо класифікованих, тобто тренувальних даних. Таким чином, відбувається навчання з учителем (supervised learning) [4].

Надалі у статті розглядається метод автоматизації визначення інфікування малярією на основі мікрофотографій зразків крові на базі згорткової нейронної мережі. За тренувальні та тестові дані для моделі використано публічно доступний датасет, який включає у себе тонкі слайди мазка крові, що забарвлені за Гімзою, від 150 інфікованих малярією та 50 здорових пацієнтів. Усього — 27558 зображень [5].

## **Аналіз літературних даних і постановка проблеми**

Розпізнавання — це віднесення об'єктів, які пред'являються, до певних класів за допомогою застосування відомих правил класифікації. Більш формально процес класифікації можна визначити наступним чином. Кожен екземпляр у навчальному наборі належить до певного набору попередньо визначених міток у багатокласовій класифікації. Метою методів класифікації є побудова моделі навчання на основі даного набору тренувальних даних таким чином, щоби мати можливість класифікувати нові об'єкти з невідомими мітками. Припустимо, що навчальний набір да-

них задано у вигляді  $(x_i; y_i)$ , де  $x_i \in \mathbb{R}^N$  — вектор атрибутів  $i$ -го об'єкта, а  $y_i$  —  $i$ -та мітка класу. Ми прагнемо знайти таку модель навчання  $H$ , щоб  $H(x_i) = y_i$  для нових об'єктів без міток. У подальшому будемо вважати, що для випадку поточної задачі достатньою є бінарна класифікація, тобто існують лише два класи об'єктів: інфікований і здоровий [6].

Останні досягнення у сфері збору та накопичення даних, які пов'язані з медициною, дали можливість розробляти автоматизовані системи, здатні допомогти лікарям при прийнятті клінічних рішень. Зокрема, широке застосування знайшли методи машинного навчання, що виконують задачу розпізнавання образів. Протягом останнього десятиліття різні методи розпізнавання образів застосовувалися до біомедичних даних для машинної клінічної діагностики та терапевтичної підтримки. Розробка нових методів розпізнавання образів і алгоритмів з високою ефективністю, з точки зору точності чи швидкодії, покращує результати лікування, дозволяючи лікарям своєчасно приймати більш обґрунтовані рішення. Це надзвичайно важливо, особливо, коли необхідно прийняти швидке клінічне рішення в стресовій обстановці, наприклад у відділеннях інтенсивної терапії [7].

Відправною точкою цього дослідження є документ [8], опублікований у 2018 році. У ньому автори розглядають можливість створення програмного забезпечення, що стане допоміжним при детектуванні малярії у польових умовах, використовуючи алгоритми класифікації за допомогою машинного навчання. Датасет, створений авторами документа на основі 150 знімків, отриманих за допомогою смартфона, приєднаного до звичайного світлового мікроскопа, використовується й у цій роботі. Автори документа виділили із зображень лише необхідні для розпізнавання малярійних плазмодіїв частини, тому надалі у нашій роботі ми зосередилися на розпізнаванні малярії на клітинному рівні. Загалом, авторам [8] вдалося досягти точності розпізнавання у 98,6 % на їхньому авторському датасеті. Для досягнення такого результату авторами було використано згорткову нейронну мережу зі складною архітектурою.

Задача визначення ураження малярією вирішується у [9]. Авторами запропоновано модель, яка виявляє малярію за знімками зразків крові пацієнтів, що отримані за допомогою світлового мікроскопу. Їхню модель засновано на простій нейронній мережі (feedforward neural network). Вона показує досить невелику точність у 73,3 %, причому для тестування використовується всього 15 зразків, що є недостатнім для об'єктивної оцінки точності алгоритму.

Подібну задачу було вирішено в [10]. Використовуючи датасет із 4100 зображень крові пацієнтів, автори класифікували зображення у два класи: інфіковано малярією та не інфіковано. Для класифікації було використано модель на основі глибокої мережі переконань (deep belief network), що стало першим застосуванням цього алгоритму для розпізнавання інфікування малярією. За результатами досліджень авторам вдалося досягти точності класифікації у 96,3 %.

Дуже значних результатів у розпізнаванні малярії вдалося досягти в [11]. Автори порівнювали можливості моделей, що ґрунтуються на методі опорних векторів, з моделями, які засновані на згорткових нейронних мережах. Та якщо за допомогою методу опорних векторів вдалося досягти точності класифікації приблизно у 92 %, то за допомогою відомої архітектури нейромереж GoogLeNet автори досягли точності у 98,1 %.

Ще одним документом, де розглядається застосування згорткових нейромереж для виявлення малярії є [12]. Запропонована авторами нейромережа досягає точності бінарної класифікації (інфіковані чи ні) зразків крові у 97,37 %.

Метод опорних векторів, який використовується в [11], є розповсюдженим алгоритмом машинного навчання з учителем, що використовується у задачах класифікації. До його переваг можна віднести його простоту. Однак, у розрізі поставленої задачі він має багато недоліків. Серед них необхідність попередньої обробки даних, оскільки цей алгоритм не може ефективно працювати з необробленими даними зображень. Найбільш важливим його недоліком є достатньо низька здатність алгоритму розпізнавати складні взаємозв'язки у вхідних даних, що призводить до порівняно низької точності класифікації, що й показано в [11].

Штучні нейронні мережі, в тому числі прості, що розглядаються у [9], глибинна мережа переконань [10], а також згорткові нейронні мережі [8, 11, 12] відрізняються високою здатністю виявлення складних зв'язків у вхідних даних, хоча для цього і доводиться підвищувати складність архітектури мережі, що призводить до великих витрат обчислювальних ресурсів для навчання та роботи таких моделей. Ці типи нейронних мереж, особливо згорткові, можуть приймати на вхід необроблені дані, досягаючи високих значень точності класифікації зображень.

У цілому, літературні дані вказують на перспективність використання згорткових нейронних мереж як в подібних завданнях зі сфери медицини, так і у задачі розпізнавання інфікування малярією за знімками крові пацієнтів. Дослідження, що порівнюють згорткові нейромережі з іншими моделями, показують перевагу згорткових нейромереж. У подальшому буде показана та протестована модифікована модель на основі згорткових нейронних мереж.

## Розробка моделі машинного навчання

Датасет [5] включає 27558 зображень різних розмірів. Однак, як вказано у дослідженні [13], де використовується той самий датасет, деякі з зображень класифіковані невірно. Приклад такого зображення наведено на рис. 1. І хоча у [5] це зображення класифіковано як не уражену малярією клітину, в [13] вказано, що клітина є інфікованою. Надалі в дослідженні буде використано виправлений набір даних з виправленнями з [13].

Формат вхідних даних з датасету не підходить для більшості моделей машинного навчання. Увесь датасет був перетворений з метою отримання двох наборів даних: набору з розміром зображень 50×50 та набору з розміром 100×100. Для перетворення було використано бібліотеку OpenCV on Wheels для мови Python.

Для вирішення задачі класифікації знімків було побудовано модифікацію

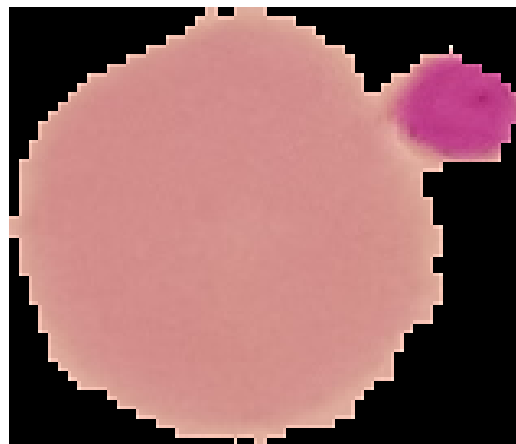


Рис. 1. Зображення з датасету, що мало неправильно призначений клас (було неправильно класифіковано) у [5]

згорткової нейронної мережі, архітектуру якої наведено в табл. 1. Графічно структуру наведено на рис. 2. Для програмної реалізації мережі використано бібліотеку TensorFlow для мови Python.

Таблиця 1. Конфігурація модифікації згорткової нейронної мережі

Тип шару	Вихідна форма (Output Shape)	Кількість параметрів для навчання
Rescaling	(None, 100, 100, 3)	0
Conv2D (6×6×3@4)	(None, 100, 100, 4)	436
MaxPooling2D (f = 2; s = 2)	(None, 50, 50, 4)	0
Conv2D (4×4×4@8)	(None, 50, 50, 8)	520
MaxPooling2D (f = 2; s = 2)	(None, 25, 25, 8)	0
Conv2D (4×4×8@16)	(None, 25, 25, 16)	2064
MaxPooling2D (f = 2; s = 2)	(None, 12, 12, 16)	0
Conv2D (4×4×16@32)	(None, 12, 12, 32)	8224
MaxPooling2D (f = 2; s = 2)	(None, 6, 6, 32)	0
Conv2D (4×4×32@64)	(None, 6, 6, 64)	32832
MaxPooling2D (f = 2; s = 2)	(None, 3, 3, 64)	0
Dropout (10 %)	(None, 3, 3, 64)	0
Flatten	(None, 576)	0
Dense (1024)	(None, 1024)	11214976
Dense (1024)	(None, 1024)	1049600
Dense (1024)	(None, 1024)	1049600
Dense (1024)	(None, 1024)	1049600
Sigmoid (1)	(None, 1)	1025

Мережа складається з 5-ти пар згорткових та агрегувальних шарів, одного dropout шару, а також з 5-ти повнозв'язних шарів.

Згорткові шари, що разом з агрегувальними розташовані на початку мережі, використовуються для побудови так званих карт особливостей, тобто матриць, що зберігають результати пошуку двовимірних шаблонів у результатах роботи попередніх шарів мережі. Особливістю згорткових шарів і їхньою відмінністю від повнозв'язних є той факт, що згорткові шари знаходять у вхідних даних патерни, які є інваріантними щодо перенесення. Це призводить до ефективного пошуку взаємозв'язків у двовимірних зображеннях. У згорткових шарах використовуються функції активації, які застосовуються до вихідних результатів роботи шару. У запропонованій моделі як функція активації для згорткових шарів використовується ReLu, що наведена у формулі (1). Згорткові шари містять матриці ваг, що застосовуються до вхідних даних. Кожна із ваг є параметром для навчання.

Агрегувальні шари використовуються для зменшення розмірності карт особливостей. На відміну від згорткових і повноз'єднаних шарів агрегувальні шари не містять параметрів для навчання, а застосовують до вхідних даних жорстко задану операцію. Зазвичай як операція використовується вибір середнього чи максимального значення на кожній із заданих ділянок у вхідній мапі особливостей. У випадку запропонованої моделі використовується операція вибору максимального значення, яку наведено у формулі (4), де  $X$  — матриця значень з деякої частини вхідної мапи особливостей.

Шар dropout випадково встановлює вивід деяких нейронів попереднього шару в нульове значення під час навчання мережі, що допомагає запобігти перенавчанню. Значення інших виводів, для яких не встановлено нульове значення, масштабуються на  $1/(1 - \text{значення dropout})$ , щоб сума всіх вихідних значень шару не змінювалася. У поточній мережі значення dropout встановлене у 10 %, що було підібрано емпіричним шляхом.

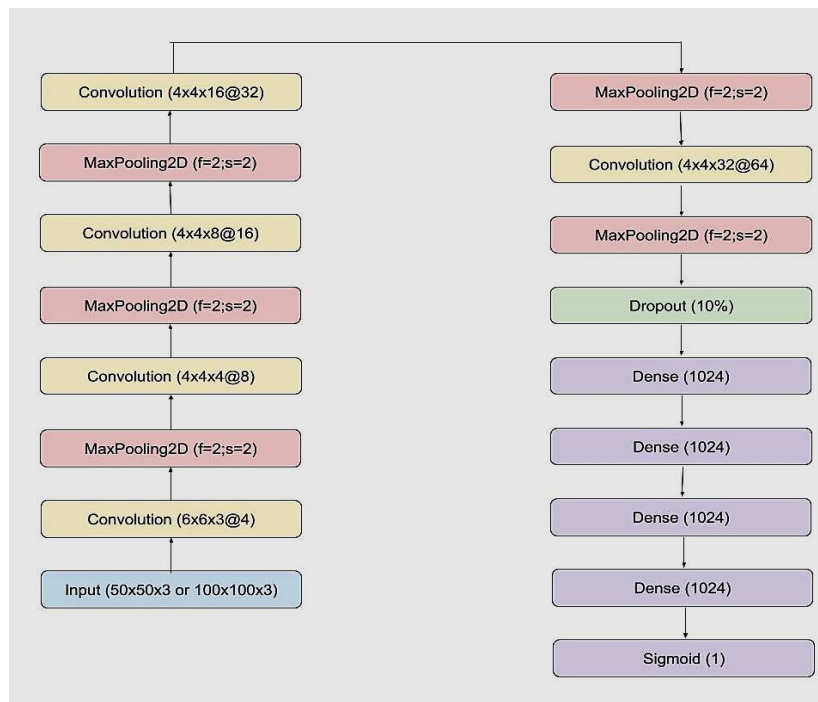


Рис. 2. Структура мережі, зображена графічно. Блакитний колір — вхідний шар; жовтий — згорткові шари; червоний — агреговані шари; зелений — дропаут шар; синій — повнозв'язні шари

Повноз'єднані шари, що зазвичай розташовуються після згорткових, агрегаційних шарів чи dropout-шарів, у випадку запропонованої моделі розташовані між dropout-шаром і вихідним шаром мережі. Математичне представлення повнозв'язного шару наведено у формулі (3), де  $f_{act}$  — використана функція активації, у даному випадку — ReLu, що наведена у формулі (1); kernel та bias — параметри для навчання; input — матриця вхідних даних з попереднього шару.

В останньому повнозв'язному шарі використовується функція Sigmoid, яку наведено у формулі (2). Sigmoid використовується для перетворення вихідних значень нейромережі у значення від 0 до 1, де 0 означає відношення до нульового класу, 1 — до першого.

Для навчання мережі використовується алгоритм Adam з параметром «learning rate» зі значенням у 0,0005.

$$f(x) = \max(0, x), \quad (1)$$

$$f(x) = \frac{e^x}{e^x + 1}, \quad (2)$$

$$f(\text{output}) = f_{\text{act}}(\text{input} \cdot \text{kernel} + \text{bias}), \quad (3)$$

$$f(X) = \max(x_i), x_i \in X, \quad (4)$$

Вихідними даними роботи мережі є належність вхідного зображення до одного з двох класів, тобто виконується бінарна класифікація.

Для навчання нейромережі використовується 80 % вхідних даних з датасету, а інші 20 % використовуються для валідації.

Запропонована модель має такі відмінності від моделі, запропонованої у роботі [8]: наявність dropout-шару перед набором повнозв'язних шарів, що зменшує ефект перенавчання моделі; 5 пар згорткових і агрегованих шарів, замість трьох у [8]; наявність 4 повнозв'язних шарів, що мають по 1024 нейрони кожний, замість 2 по 64 нейрони у [8]. Більш складна архітектура дозволяє забезпечити більш високе значення точності класифікації.

## Експерименти та результати

Було проведено навчання нейромережі на двох наборах даних: з розміром зображень  $50 \times 50$  та з розміром  $100 \times 100$ . Результати навчання мереж протягом 30 epoch наведено на рис. 3 та рис. 4.

За результатами тестувань нейромережа досягла таких максимальних значень точності класифікації: 97,59 % для датасету із зображеннями  $50 \times 50$ ; 98,15 % для датасету із зображеннями  $100 \times 100$ . Чутливість і специфічність класифікації склали 97,21 % та 97,96 % для датасету із зображеннями  $50 \times 50$ ; 98,12 % та 98,18 % для датасету із зображеннями  $100 \times 100$ . Як можна бачити на рис. 3 та рис. 4, починаючи з 15 епохи значення loss-функції не ставало меншим, натомість воно зростало. Разом із цим значення точності класифікації залишалось у деякому діапазоні, не показуючи подальшого зростання. Зважаючи на ці показники, можна говорити про те, що цей результат є найкращим для розробленої архітектури нейромережі.

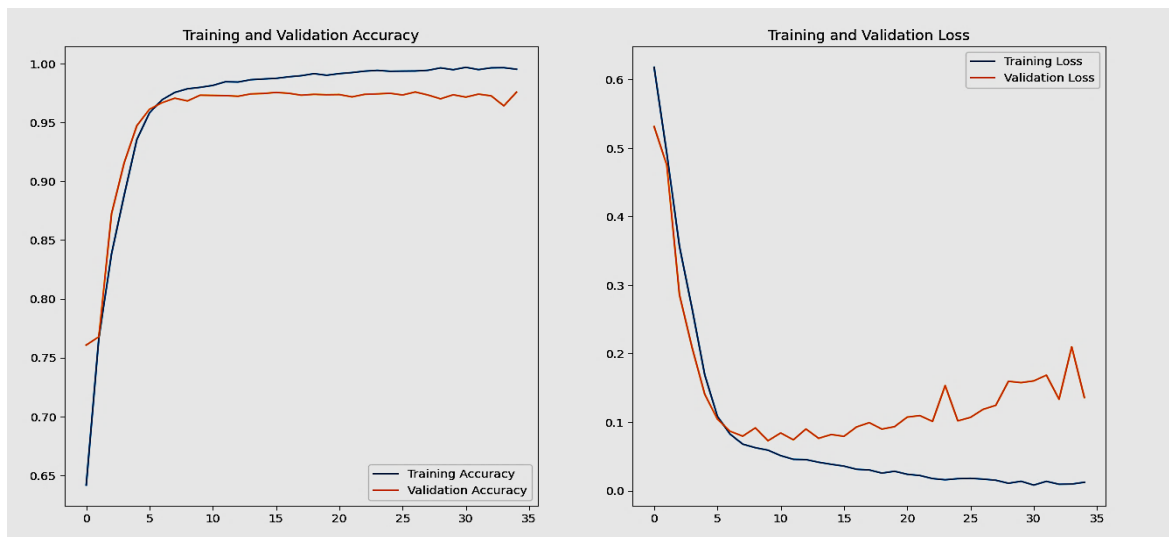


Рис. 3. Результати навчання мережі на наборі даних з розміром зображень  $50 \times 50$

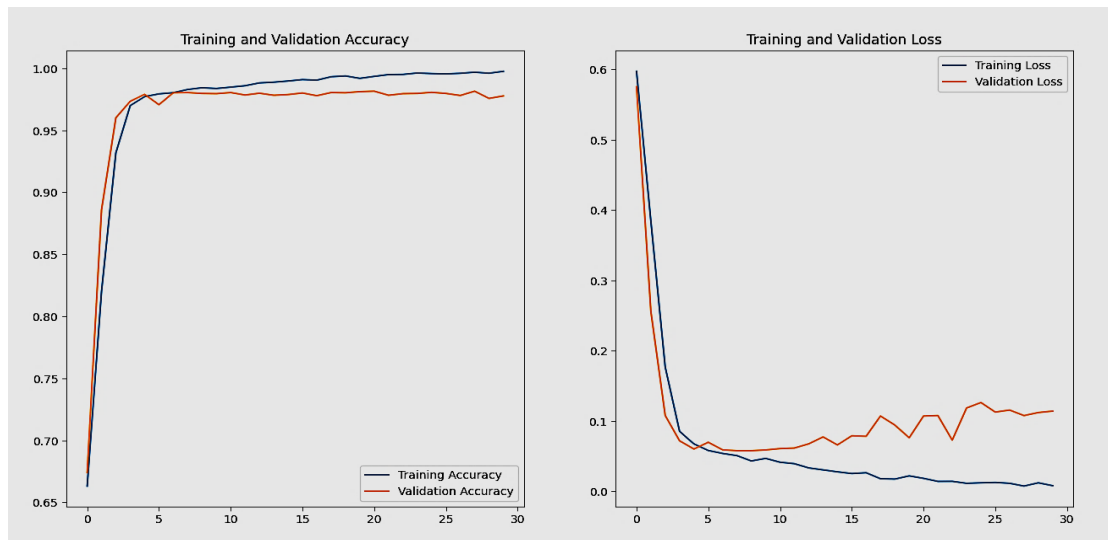


Рис. 4. Результати навчання мережі на наборі даних з розміром зображень  $100 \times 100$

Порівняння отриманих результатів точності нейромережі з результатами інших робіт наведено в табл. 2.

Таблиця 2. Порівняння результатів точності нейромережі з результатами інших робіт

Модель машинного навчання	Точність класифікації	Чутливість класифікації	Специфічність класифікації	Використаний алгоритм
Модель на основі нейронної мережі прямого розповсюдження [9]	73,3 %	85,0 %	Дані відсутні	Проста нейронна мережа
Модель на основі згорткової нейромережі [8] (на клітинному рівні)	98,6 %	98,1 %	99,2 %	Згорткова нейронна мережа
Модель на основі глибокої нейромережі переконань [10]	96,3 %	97,6 %	95,9 %	Deep belief network
Модель на основі методу опорних векторів [11]	91,66 %	Дані відсутні	Дані відсутні	Метод опорних векторів (SVM)
Модель на основі згорткової нейромережі [11]	98,13 %	Дані відсутні	Дані відсутні	Згорткова нейронна мережа
Модель на основі згорткової нейромережі [12]	97,37 %	96,9 %	97,7 %	Згорткова нейронна мережа
Запропонована модель (датасет із зображеннями $50 \times 50$ )	97,59 %	97,21 %	97,96 %	Згорткова нейронна мережа
Запропонована модель (датасет із зображеннями $100 \times 100$ )	98,15 %	98,12 %	98,18 %	Згорткова нейронна мережа

## Обговорення результатів

Метод опорних векторів, на відміну від глибоких методів, до яких відносяться нейромережі, не може обробляти багато шарів представлення даних. Таким чином,



цей метод не може виявити глибоких взаємозв'язків у вихідних даних. Це обумовлює той факт, що за даними [11], наведеними в табл. 2, модель на основі SVM не досягла прийнятних значень (вище 95 %) точності класифікації.

Більшу ефективність демонструють моделі, які ґрунтуються на нейронних мережах. Зокрема, усі моделі, які засновані на Deep belief network і згорткових нейронних мережах, показують точність класифікації більшу за 95 %, що можна побачити в табл. 2. Це пояснюється застосуванням, так званих, глибоких методів, тобто побудовою багатошарових моделей, що здатні виявляти більш складні взаємозв'язки у вхідних даних.

Однак, модель на основі Deep belief network з роботи [10] поступається точністю усім моделям, заснованим на згорткових нейронних мережах. Це пояснюється тим, що саме згорткові нейронні мережі є одним із найбільш ефективних алгоритмів машинного навчання у сфері обробки зображень.

Запропонована у цій роботі модель показує один із найкращих результатів точності класифікації (98,15 %) на датасеті, зображення з якого приведені для розміру 100×100 пікселів. За даними табл. 2 видно, що запропонована модель показує точність класифікації на рівні найкращих моделей з розглянутих вище літературних даних. І хоча точність класифікації для моделі з роботи [8] залишається вищою, запропонована модель випереджає її за значенням чутливості класифікації. Для таких хвороб як малярія значення чутливості є дуже важливим, оскільки висока чутливість вказує на низьку кількість хибно негативних результатів, що дозволяє точніше виявляти тих, хто уражений хворобою, і починати лікування вчасно.

## **Висновки**

У рамках роботи розв'язано задачу побудови моделі машинного навчання для розпізнавання ураження малярією за фотографіями зразків крові пацієнтів. У результаті аналізу літературних даних встановлено, що подібна задача може бути вирішена за допомогою моделей, заснованих на різних відомих алгоритмах: методі опорних векторів, глибинної мережі переконань, згорткової нейромережі. Однак, розглянуті дані вказують на те, що найбільший потенціал у цій і подібних сферах мають згорткові нейронні мережі, на основі яких вирішено розробляти модель.

Було розроблено модель машинного навчання на основі модифікованої згорткової нейронної мережі. Вона протестована на двох наборах даних, що були отримані на основі простої попередньої обробки публічно доступного датасету [5]: набір із зображеннями розміром 50×50 і набір із зображеннями розміром 100×100. Використовувалася виправлена версія датасету, оскільки в оригінальному датасеті були допущені помилки в попередній класифікації навчальних даних [13–20].

У результаті тестування мережі вдалося досягти точності класифікації у 96,68 % для датасету із зображеннями 50×50, 98,08 % для датасету із зображеннями 100×100, що є порівняно великим показником для подібної задачі на клітинному рівні. Порівняння з результатами подібних досліджень наведено у табл. 2.

Отримані для запропонованої моделі значення чутливості класифікації (98,12 %) є найвищими серед усіх наведених подібних досліджень.

Роботу було проведено за підтримки держбюджетного науково-дослідницького проекту Національного університету «Запорізька політехніка» «Інтелектуальні методи та засоби діагностування та прогнозування стану складних об'єктів» (номер державної реєстрації 0122U000972).

1. Noppadon Tangpukdee, Chatnapa Duangdee, Polrat Wilairatana and Srivicha Krudsood. Malaria Diagnosis: A Brief Review. *Korean J Parasitol.* 2009. Vol. 47, No. 2. P. 93–102. doi:10.3347/kjp.2009.47.2.93.
2. World Malaria Report 2021. URL: <https://www.who.int/teams/global-malaria-programme/reports/world-malaria-report-2021>
3. Nicastrì, Emanuele & Bevilacqua, Nazario & Sane Schepisi, Monica & Paglia, Maria & Meschi, Silvia & Ame, Shaali & Mohamed, Jape & Mangi, Sabina & Fumakule, Robert & Di Caro, Antonino & Capobianchi, Maria R. & Kitua, Andrew & Molteni, Fabrizio & Racialbuto, Vincenzo & Ippolito, Giuseppe. Accuracy of Malaria Diagnosis by Microscopy, Rapid Diagnostic Test, and PCR Methods and Evidence of Antimalarial Overprescription in Non-Severe Febrile Patients in Two Tanzanian Hospitals. *The American journal of tropical medicine and hygiene.* 80. 712–7. (2009). doi:10.4269/ajtmh.2009.80.712.
4. Handelman G.S., Kok H.K., Chandra R.V., Razavi A.H., Lee M.J., & Asadi H. eDoctor: machine learning and the future of medicine. *Journal of internal medicine.* 2018. **284**(6). P. 603–619. doi: 10.1111/joim.12822
5. Malaria Cell Images Dataset. URL: <https://www.kaggle.com/datasets/iarunava/cell-images-for-detecting-malaria>
6. Mehra, Neha, and Surendra Gupta. Survey on multiclass classification methods. *International Journal of Computer Science and Information Technologies.* 2013. Vol. 4(4). P. 572–576.
7. Asgari S., Scalzo F., Kasprócz M. Pattern Recognition in Medical Decision Support. *Biomed Res Int.* 2019 Jun 13; 2019:6048748. doi: 10.1155/2019/6048748.
8. Rajaraman S, Antani SK, Poostchi M, Silamut K, Hossain MA, Maude RJ, Jaeger S, Thoma GR. Pre-trained convolutional neural networks as feature extractors toward improved malaria parasite detection in thin blood smear images. *PeerJ.* 6:e4568. (2018). doi:10.7717/peerj.4568
9. Ross, Nicholas & Pritchard, Charles & Rubin, David & Duse, Adriano. Automated image processing method for the diagnosis and classification of malaria on thin blood smears. *Medical & biological engineering & computing.* 44. 427-36. (2006). doi: 10.1007/s11517-006-0044-2
10. Bibin D., Nair M.S., and Punitha P. Malaria Parasite Detection from Peripheral Blood Smear Images Using Deep Belief Networks. *In IEEE Access.* 2017. Vol. 5. P. 9099–9108. doi: 10.1109/ACCESS.2017.2705642
11. Dong Y., et al. Evaluations of deep convolutional neural networks for automatic identification of malaria infected cells. *IEEE EMBS International Conference on Biomedical & Health Informatics (BHI).* 2017. P. 101–104. doi: 10.1109/BHI.2017.7897215.
12. Liang Z., et al. CNN-based image analysis for malaria diagnosis. 2016 *IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM),* 2016. P. 493–496. doi: 10.1109/BIBM.2016.7822567.
13. Fuhad KMF, Tuba JF, Sarker MRA, Momen S, Mohammed N, Rahman T. Deep Learning Based Automatic Malaria Parasite Detection from Blood Smear and its Smartphone Based Application. *Diagnostics* (Basel). 2020 May 20;10(5):329. doi: 10.3390/diagnostics10050329.
14. 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. In: 2nd International Workshop on Informatics and Data-Driven Medicine, *CEUR Workshop Proceedings,* 2019. P. 340–353. ISSN: 16130073.
15. 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.** P. 6–16. doi: 10.15587/1729-4061.2019.180897.
16. 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. **2.** P. 46–55. doi: 10.15587/1729-4061.2019.164789.

17. Oliinyk A., Fedorchenko I., Stepanenko A., Rud M., Goncharenko D. Implementation of Evolutionary Methods of Solving the Travelling Salesman Problem in a Robotic Warehouse. *Lecture Notes on Data Engineering and Communications Technologies*. 2021. **48**. P. 263–292. doi: 10.1007/978-3-030-43070-2\_13.

18. Tkachenko R., Izonin I., Greguš ml. M., Tkachenko P., and Dronyuk I. Committee of the SGTM Neural-Like Structures with Extended Inputs for Predictive Analytics in Insurance. *Communications in Computer and Information Science*. 2019. **1054**. P. 121–132. doi: 10.1007/978-3-030-27355-2\_9.

19. 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; CEUR Workshop Proceedings. Zaporizhzhia; Ukraine; 15 April 2019 – 19 April 2019. Vol. 2353. P. 211–226. ISSN: 16130073.

20. Alsayaydeh J.A., Nj M., Syed S.N., Yoon A.W., Indra W.A., Shkarupylo V., and Pellipus C. Homes appliances control using Bluetooth. *ARPN Journal of Engineering and Applied Sciences*. 2019. Vol. 14(19). P. 3344–3357.

Надійшла до редакції 20.01.2023