НАЦІОНАЛЬНИЙ ТЕХНІЧНИЙ УНІВЕРСИТЕТ УКРАЇНИ
«КИЇВСЬКИЙ ПОЛІТЕХНІЧНИЙ ІНСТИТУТ імені ІГОРЯ СІКОРСЬКОГО»

ФАКУЛЬТЕТ БІОМЕДИЧНОЇ ІНЖЕНЕРІЇ
(повна назва інституту/факультету)

кафедра БІОМЕДИЧНОЇ КІБЕРНЕТИКИ
(повна назва кафедри)

«До захисту допущено»
В.о. завідувачки кафедри
біомедичної кібернетики (БМК)

_____ **Світлана АЛХІМОВА**

"___" червня 2025р.

Дипломна робота

на здобуття ступеня бакалавра
за освітньо-професійною програмою
«Комп'ютерні технології в біології та медицині»
спеціальності *122 «Комп'ютерні науки»*
на тему: ***Розпізнавання зображень атопічного дерматиту за допомогою згорткової нейронної мережі***

Виконала: студентка **IV** курсу, групи БС-13
САМОРАЙ ДІАНА ОЛЕКСАНДРІВНА _____
(прізвище, ім'я, по батькові) (підпис)

Керівник: *професор каф. біомедичної кібернетики (БМК), д.б.н., к.т.н., Настенко Євген Арнольдович* _____
(посада, науковий ступінь, вчене звання, прізвище та ініціали) (підпис)

Консультант з розділів ДР: *асистент каф. БМК, Давидович Ілля Вікторович* _____
(назва розділу) (посада, вчене звання, науковий ступінь, прізвище, ініціали) (підпис)

Рецензент: *професор. каф. біомедичної інженерії , проф., д.т.н., Лебедєв Олексій Володимирович* _____
(посада, науковий ступінь, вчене звання, науковий ступінь, прізвище та ініціали) (підпис)

Засвідчую, що у цій дипломній роботі немає запозичень з праць інших авторів без відповідних посилань.
Студентка _____
(підпис)

Київ – 2025 року

Національний технічний університет України
«Київський політехнічний інститут імені Ігоря Сікорського»
Факультет біомедичної інженерії
Кафедра біомедичної кібернетики

Рівень вищої освіти – перший (бакалаврський)
Спеціальність – 122 «Комп'ютерні науки»
Освітньо-професійна програма «Комп'ютерні технології в біології та медицині»

ЗАТВЕРДЖУЮ
В.о. завідувачки кафедри БМК

_____ Світлана АЛХІМОВА
«__»__*травня*__2025 р.

ЗАВДАННЯ
на дипломну роботу студентці

САМОРАЙ ДІАНІ ОЛЕКСАНДРІВНІ

(прізвище, ім'я, по батькові)

1. Тема роботи ***Розпізнавання зображень атопічного дерматиту за допомогою згорткової нейронної мережі***

Керівник роботи
Настенко Євген Арнольдович, д.б.н., к.т.н., професор каф. БМК
(прізвище, ім'я, по батькові, науковий ступінь, вчене звання)

затверджені наказом по університету від «26»_*травня*_ 2025 р. №***1758-вс***_

2. Термін подання студентом роботи ***22-23 травня 2025р.***
3. Вихідні дані до роботи: *база зображень DermNet*.
4. Зміст роботи: *анотації (на двох мовах), вступ, теоретичні відомості щодо атопічного дерматиту та застосування генетичних алгоритмів і нейронних мереж у медицині, аналіз методів та інструментів, програмний застосунок для розпізнавання зображень атопічного дерматиту, висновки, список використаних джерел*.
5. Перелік ілюстративного матеріалу (із зазначенням плакатів, презентацій тощо): *34 рисунки, 15 таблиць, 14 слайдів (презентація з захисту ДР)*.
6. Консультанти розділів роботи

Розділ	Прізвище, ініціали та посада консультанта	Підпис, дата	
		завдання видав	завдання прийняв
Дипломної роботи	Давидович Ілля Вікторович, асистент каф. БМК		

7. Дата видачі завдання ***06 квітня 2025 року.***

Календарний план

№ з/п	Назва етапів виконання дипломної роботи	Термін виконання етапів роботи	Примітка
1	Отримати завдання за темою ДР на практику	До 24.12.2024	***виконано***
2	Переддипломна практика. Виконання практичної частини ДР та додаткових розділів	1-4 тиждень за графіком практики	***виконано***
3	Виконання розділів ДР («Теоретичні відомості», «Аналітична частина», «Практична частина»)	Протягом усієї практики	
4	Перевірка ДР науковим керівником	до 20.05.2025 року	
5	Подання в електронному вигляді ДР на перевірку нормоконтролера та плагіат (StrikePlagiarism.com). Доопрацювання ДР	Не пізніше 23.05.2025	
6	Отримати відгук від керівника ДР	Не пізніше 05.06.2025	
7	Надання пакету документів з ДР та супровідних до неї документів на засідання кафедри		
8	Подання ДР рецензенту. Отримання рецензії	09.06-13.06.2025	
9	Захист ДР в ЕК	*16.06-21.06.2025*	

Студент _____ **Діана САМОРАЙ**
(підпис) (ім'я, ПРІЗВИЩЕ)

Керівник ДР _____ **Євген НАСТЕНКО**
(підпис) (ім'я, ПРІЗВИЩЕ)

Нормоконтролер _____ **Галина КОРНІЄНКО**
(підпис) (ім'я, ПРІЗВИЩЕ)

АНОТАЦІЯ

Дипломна робота за темою «Розпізнавання зображень атопічного дерматиту за допомогою згорткової нейронної мережі» виконана студенткою кафедри біомедичної кібернетики ФБМІ *Саморай Діаною Олександрівною зі спеціальності 122 «Комп'ютерні науки» за освітньо-професійною програмою «Комп'ютерні технології в біології та медицині» та* складається зі: вступу; трьох розділів (*теоретичні відомості щодо атопічного дерматиту та застосування генетичних алгоритмів і нейронних мереж у медицині; аналітична частина з описом генетичного алгоритму та бібліотек, а також нейронних мереж; програмний застосунок для розпізнавання зображень атопічного дерматиту*), висновків до кожного з цих розділів; загальних висновків; списку використаних джерел, який налічує 50 джерел, та 1 додатка. Загальний обсяг роботи 73 сторінки.

Актуальність теми. Атопічний дерматит відноситься до групи хронічних захворювань шкіри, які важко вилікувати повністю. Це алергічне захворювання шкіри. Він може маскуватись під інші хвороби шкіри зі схожими симптомами. Тому для правильного підбору лікування важлива рання діагностика цього захворювання. Для оцінки ступеня тяжкості атопічного дерматиту використовують опитувальники, а також проводять діагностику та лабораторні дослідження. Використання комп'ютерних технологій та алгоритмів допоможуть прискорити діагностику цього захворювання та зменшити кількість помилок серед лікарів, в тому числі дерматологів.

Мета і завдання роботи.

Метою роботи є покращення розпізнавання зображень атопічного дерматиту на основі методів генетичного алгоритму та нейронних мереж та полягає у вирішенні наступних завдань:

1. Опрацювати теоретичну інформацію зі знайдених джерел про атопічний дерматит та застосування генетичних алгоритмів і нейронних мереж у медицині.

2. Проаналізувати методи в існуючих алгоритмах.
3. Сформувати вимоги до нового алгоритму на основі аналізу існуючих.
4. Реалізувати нейронну мережу і, можливо, генетичний алгоритм.
5. Оцінити ефективність роботи алгоритму.
6. Реалізувати програму та протестувати її на вибраних даних.

Використані методи. Для розробки системи в даній роботі використовувались такі методи:

- Python – високорівнева мова програмування, яка широко застосовується в галузі машинного навчання та аналізу даних;
- Google Colab – інтерактивне середовище розробки, що має широкий функціонал та може виконуватись як на центральному, так і на графічному процесорі, надає зручні інструменти для написання, налагодження та тестування коду, що значно спрощує процес розробки;
- TensorFlow – потужна бібліотека, що здатна виконувати низькорівневі обчислення і призначена для задач глибокого навчання;
- Keras – високорівнева оболонка для низькорівневих бібліотек, застосовується в машинному навчанні.

Отримані результати. У роботі були отримані результати на підставі реальних даних, взятих з відкритого джерела DermNet (URL: https://dermnetnz.org/) та було отримано програму, що з високою точністю може визначати захворювання шкіри з завантаженої фотографії (краще класифікує новоутворення).

Апробація результатів роботи. Не передбачено.

Публікації. Не заплановано.

Ключові слова. Атопічний дерматит, захворювання шкіри, генетичний алгоритм, розпізнавання зображень, алгоритм, інтелектуальні технології, Python, нейронні мережі, CNN.

Бібліографічний опис ДР.

Саморай Д. О. [Розпізнавання зображень атопічного дерматиту на руках за допомогою генетичного алгоритму та нейронних мереж]: дипломна роб.

бакалавра: 122 Комп’ютерні науки / Саморай Діана Олександрівна. – Київ, 2025. – 73 с.

ANNOTATION

The thesis on the topic "Recognition of images of atopic dermatitis using a convolutional neural network" was completed by a student of the Department of Biomedical Cybernetics of the FBME Samoray Diana Oleksandrivna, specialty 122 "Computer Science" under the educational and professional program "Computer Technologies in Biology and Medicine" and consists of: an introduction; three chapters (*theoretical information on atopic dermatitis and the application of genetic algorithms and neural networks in medicine; an analytical part with a description of the genetic algorithm and libraries, also neural networks; a software application for recognizing images of atopic dermatitis*), conclusions for each of these chapters; general conclusions; a list of references used, which includes 50 sources, and 1 appendix. The total volume of the work is 73 pages.

Relevance of the topic. Atopic dermatitis belongs to a group of chronic skin diseases that are difficult to cure completely. It is an allergic skin disease. It can be disguised as other skin diseases with similar symptoms. Therefore, early diagnosis of this disease is important for the correct selection of treatment. Questionnaires are used to assess the severity of atopic dermatitis, as well as diagnostics and laboratory tests. The use of computer technologies and algorithms will help speed up the diagnosis of this disease and reduce the number of errors among doctors, including dermatologists.

Objective and tasks of work.

Objective of work is improvement of recognition of images of atopic dermatitis based on methods of genetic algorithm and neural networks and is to solve following tasks:

1. To process theoretical information from found sources about the atopic dermatitis and using of genetic algorithms and neural networks in medicine.
2. To analyse methods in existing algorithms.
3. To form requirements for the new algorithm based on the analysis of the existing ones.

4. To realize neural network and, maybe, genetic algorithm.
5. To evaluate the effectiveness of algorithm work.
6. To realize program and test it on selected data.

Used methods. In this work were used next methods for development a system:

- Python – high-level programming language which is widely used in sphere of machine learning and data analysis;
- Google Colab – interactive development environment that has wide functionality and can execute both on central and graphical processors, provides convenient tools for writing, debugging and testing code, which greatly simplifiers the development process;
- TensorFlow – a powerful library that is able to execute low-level calculations and appointed for deep learning tasks;
- Keras – high-level shell for low-level libraries, used in machine learning.

Results obtained. The results were based on real dataset taken from open source DermNet (URL: https://dermnetnz.org/), and a program was developed that can predict skin disease from an uploaded photo (classifies tumors better).

Testing of the results. Not provided.

Publications. None are planned.

Keywords. Atopic dermatitis, skin diseases, genetic algorithm, images recognition, algorithm, intellectual technologies, Python, neural networks, CNN.

ЗМІСТ

ПЕРЕЛІК СКОРОЧЕНЬ, УМОВНИХ ПОЗНАЧЕНЬ, ТЕРМІНІВ

AhR – ариловий вуглеводневий рецептор (aryl hydrocarbon receptor)

ALEX2 – тест на алергію на латекс (allergy latex test 2)

CAD – хронічний актинічний дерматит (chronic actinic dermatitis)

CD – кластер диференціації (Cluster of Differentiation)

CLB – кластеризований грудкуватий фон (clustered lumpy background)

CNN – згорткова нейронна мережа (convolutional neural network)

CsA – циклоспорин А (cyclosporin A)

CTCL – шкірна Т-клітинна лімфома (cutaneous T-cell lymphoma)

FDA – нагляд за їжею та ліками (Food and Drug Administration)

FLG – ген філагрину (filaggrin gene)

GA – генетичний алгоритм (Genetic Algorithm)

GALA – генетичний алгоритм та автоматичне навчання (Genetic Algorithm and Learning Automata)

HLA – людський антиген лейкоцитів (Human Leukocyte Antigen)

IgE – імуноглобуліни класу Е

IL – інтерлейкіни (interleukins)

JAK – Янус-кіназа (Janus kinase)

LA – автоматичне навчання (Learning automata)

MDF – сімейство молекулярних дескрипторів (Molecular Descriptors Family)

MLR – множинна лінійна регресія (Multiple Linear Regression)

NR – відповідь відсутня (no response)

OAE – очне побічне явище (ocular adverse event)

PR – часткова відповідь (partial response)

PSO – оптимізація рою частинок (Particle Swarm Optimization)

SCCA – антиген плоскоклітинної карциноми (squamous cell carcinoma antigen)

SCORAD – оцінка атопічного дерматиту (scoring atopic dermatitis)

SGA – ройовий генетичний алгоритм (Swarm Genetic Algorithm)

TARC – тимусо- та активаційно-регульований хемокін (thymus- and activation-regulated chemokine)

Th – Т-хелперні клітини

Th_1 – Т-хелперні клітини 1-го типу

Th_2 – Т-хелперні клітини 2-го типу

ГА – генетичний алгоритм

ДНК – дезоксирибонуклеїнова кислота

ІЛ – інтерлейкіни

ЛДГ – лактатдегідрогеназа

ПП – програмний продукт

ТНФ-α – цитокін, синтезований Т-лімфоцитами та нейтрофілами

ХА – харчова алергія

ВСТУП

Актуальність теми. Атопічний дерматит відноситься до групи хронічних захворювань шкіри, які важко вилікувати повністю. Це алергічне захворювання шкіри. Він може маскуватись під інші хвороби шкіри зі схожими симптомами. Тому для правильного підбору лікування важлива рання діагностика цього захворювання. Для оцінки ступеня тяжкості атопічного дерматиту використовують опитувальники, а також проводять діагностику та лабораторні дослідження. Використання комп'ютерних технологій та алгоритмів допоможуть прискорити діагностику цього захворювання та зменшити кількість помилок серед лікарів, в тому числі дерматологів.

Мета і завдання роботи.

Метою роботи є покращення розпізнавання зображень атопічного дерматиту на основі методів генетичного алгоритму та нейронних мереж та полягає у вирішенні наступних завдань:

1. Опрацювати теоретичну інформацію зі знайдених джерел про атопічний дерматит та застосування генетичних алгоритмів і нейронних мереж у медицині.
2. Проаналізувати методи в існуючих алгоритмах.
3. Сформувати вимоги до нового алгоритму на основі аналізу існуючих.
4. Реалізувати нейронну мережу і, можливо, генетичний алгоритм.
5. Оцінити ефективність роботи алгоритму.
6. Реалізувати програму та протестувати її на вибраних даних.

Використані методи. Для розробки системи в даній роботі використовувались такі методи:

- Python – високорівнева мова програмування, яка широко застосовується в галузі машинного навчання та аналізу даних;

- Google Colab – інтерактивне середовище розробки, що має широкий функціонал та може виконуватись як на центральному, так і на графічному

процесорі, надає зручні інструменти для написання, налагодження та тестування коду, що значно спрощує процес розробки;

- TensorFlow – потужна бібліотека, що здатна виконувати низькорівневі обчислення і призначена для задач глибокого навчання;
- Keras – високорівнева оболонка для низькорівневих бібліотек, застосовується в машинному навчанні.

Отримані результати. У роботі були отримані результати на підставі реальних даних, взятих з відкритого джерела DermNet (URL: https://dermnetnz.org/) та було отримано програму, що з високою точністю може визначати захворювання шкіри з завантаженої фотографії (краще класифікує новоутворення).

Апробація результатів роботи. *Не передбачено.*

Публікації. *Не заплановано.*

Структура роботи

Дипломна робота за темою «Розпізнавання зображень атопічного дерматиту за допомогою згорткової нейронної мережі» виконана студенткою кафедри біомедичної кібернетики ФБМІ *Саморай Діаною Олександрівною зі спеціальності 122 «Комп'ютерні науки» за освітньо-професійною програмою «Комп'ютерні технології в біології та медицині»*, побудована за класичним типом та викладена на 73 сторінках машинописного тексту. Вона складається з: вступу; 3 розділів (*теоретичні відомості щодо атопічного дерматиту та застосування генетичних алгоритмів і нейронних мереж у медицині; аналітична частина з описом генетичного алгоритму та бібліотек, а також нейронних мереж; програмний застосунок для розпізнавання зображень атопічного дерматиту*), висновків до кожного з цих розділів; загальних висновків; списку використаних джерел, який налічує 50 джерел та 1 додаток (14 – на кирилиці, 36 – на латиниці). В роботі представлено 35 рисунків і 2 таблиці.

РОЗДІЛ 1
ТЕОРЕТИЧНІ ВІДОМОСТІ

1.1 Атопічний дерматит

У дерматологічній практиці найбільш розповсюдженим алергозом є атопічний дерматит. Про це свідчить щорічне зростання захворюваності в усьому світі[44].

Атопічний дерматит є хронічним запальним захворюванням шкіри, що характеризується порушеннями її бар'єрної функції й імунної відповіді, у багатьох випадках потребує персоналізованого підходу до діагностики та лікування. Початок захворювання на атопічний дерматит найчастіше відбувається в ранньому дитячому віці: вперше проявляється у віці 3–6 місяців у 45 % випадків; протягом першого року життя – у 60 %; до 5 років – у 85–90 % випадків. Атопічний дерматит зустрічається у осіб будь-якої статі і в різних вікових групах[44].

Атопічний дерматит і псоріаз є хронічними захворюваннями шкіри, що не піддаються вилікуванню відомими на сьогодні методами. Ці дерматози найпоширеніші[50].

Дерматологічний індекс якості життя виявився першим простим та інформативним методом визначення показників якості життя у хворих дерматологічного профілю. Перевагою цього методу є те, що його можна застосовувати при багатьох шкірних хворобах. Цей опитувальник містить 10 запитань, на кожне з яких є чотири можливі відповіді[50].

Опитувальник для визначення якості життя дерматологічних хворих Skindex здобув міжнародне визнання. Він складається з двох частин, що присвячені фізичному стану, та трьох частин, що присвячені психо-соціальному стану пацієнтів. У практичних дерматологічних закладах, наприклад, перевантаженій клініці чи поліклініці, треба використовувати

найкоротші варіанти опитувальників. Важливе значення мають також легкість використання та оцінки результатів опитування[50].

Атопічний дерматит (АД) — це хронічне запальне захворювання шкіри, що характеризується екзематозними ураженнями та інтенсивним свербінням, що часто суттєво впливає на повсякденну діяльність та якість життя пацієнтів та їхніх сімей[45].

Атопічний дерматит (АД) - це хронічний сверблячий запальний дерматоз, на який страждає приблизно 4% населення, причому його поширеність у західних країнах зростає. Його походження є багатофакторним, включаючи екологічні та генетичні фактори, а також імунні дисфункції та дефекти шкірного бар'єру. Шкірні аномалії уражених пацієнтів сприяють транскутанному проникненню алергенів, індукуючи посилену імунну відповідь Т-хелперів (Th)2 типу. Тому цитокіни Th2 типу, такі як IL-4 та IL-13, надмірно експресуються[6].

Причина виникнення ОАЕ, спричинених дупілумабом, поки що невідома, і немає біологічних маркерів для прогнозування їх виникнення. Їх виникнення асоціюється з тяжкістю АД, тривалістю захворювання, наявністю синдрому сухого ока, екземи повік або кон'юнктивіту, високим рівнем еозинофілів та IgE у сироватці крові на початковому етапі, а також харчовою алергією в анамнезі[6].

Атопічний дерматит (АД), хронічне, рецидивуюче, запальне захворювання шкіри, часто вражає дітей. АД може викликати сильний свербіж, що впливає на сон, настрій та якість життя пацієнтів та їхніх родин. Поширеність АД серед дітей/підлітків у світі коливається від 3% до 20%. Пацієнти з АД середнього та тяжкого ступеня, які не реагують на місцеве протизапальне лікування, мають обмежені альтернативи, включаючи фототерапію та системні імунодепресанти (зокрема, циклоспорин та метотрексат), які застосовуються для лікування АД у дітей без призначення лікаря[27].

Атопічний дерматит (АД) є найбільш ранньою стадією розвитку алергії, а вплив алергену через екзематозні ураження призводить до розвитку харчової алергії (ХА) на більш пізніх стадіях. Було проведено кілька досліджень із застосуванням зволожуючих кремів для первинної профілактики розвитку ХА, але жодне з них не призупинило розвиток ХА. Згодом почали проводитися дослідження вторинної профілактики ХА у немовлят, які вже мали екзему.[…]Діагностика АД у ранньому дитячому віці є особливо складною, оскільки свербіж важко розпізнати, а деякі шкірні захворювання проявляються схожими висипаннями, наприклад, контактний дерматит, себорейний дерматит та дерматит, пов'язаний з імунними порушеннями або дефіцитом поживних речовин[27].

Кілька біомаркерів, що використовуються в рутинній практиці, такі як сироватковий імуноглобулін Е (IgE), кількість еозинофілів у периферичній крові, лактатдегідрогеназа крові (ЛДГ), сироватковий хемокін, що регулюється тимусом і активацією (TARC), і сироватковий антиген плоскоклітинної карциноми (SCCA) 2, виявилися корисними для діагностики АД або оцінки ступеня тяжкості АД. Рівень IgE в сироватці крові використовується як допоміжний діагностичний засіб, причому високий рівень IgE вказує на схильність до екзогенного АД. Хоча вони не є специфічними для конкретного захворювання, інші показники, окрім сироваткового IgE, відображають стан АД[29].

Атопічний дерматит (АД) - це хронічне захворювання шкіри, що характеризується запаленням і рецидивуючим перебігом, часто пов'язане з іншими атопічними розладами, такими як алергічний риніт та астма. Його патогенез включає генетичну схильність, дисфункцію епідермального бар'єру та імунну дисрегуляцію, що призводить до свербіння, лущення та еритематозних уражень на згинальних поверхнях. Ці симптоми погіршують якість життя, спричиняючи порушення сну та психічні розлади. Сучасні методи лікування АД включають уникнення тригерів, місцеві/системні препарати та фототерапію[13].

Тапінароф, схвалений FDA агоніст AhR для лікування бляшкового псоріазу у дорослих, являє собою перспективний терапевтичний варіант для лікування АД[13].

У пацієнтів з атопічним дерматитом (АД) середнього та тяжкого ступеня тяжкості, які не відповідають на лікування дупілумабом 300мг/2тижні, у кількох реальних дослідженнях повідомлялося про відповідь на альтернативну схему лікування, що передбачає застосування дупілумабу[36].

Дупілумаб продемонстрував хороший профіль безпеки та ефективність протягом тривалого часу у пацієнтів з атопічним дерматитом (АД) середнього та тяжкого ступеня тяжкості в основних дослідженнях та дослідженнях у реальному житті[36].

Пацієнти, яким було призначено комбіновану терапію дупілумабом і CsA, продемонстрували принаймні PR і відсутність побічних ефектів при короткостроковому спостереженні. Цим 5 пацієнтам CsA вже призначався до дупілумабу, згідно з інструкцією для застосування дупілумабу у Франції, і був перерваний через PR або NR та/або клінічні або біологічні побічні ефекти[36].

Атопічний дерматит (АД) — одна з найактуальніших проблем сучасної медицини, що привертає пильну увагу дерматологів, педіатрів, алергологів, терапевтів, імунологів, сімейних лікарів. Це зумовлено значним поширенням цієї патології, чіткою тенденцією до зростання, зміною патоморфозу дерматозу, збільшення кількості випадків тяжких форм з розширенням площі ураження, недосконалістю методів лікування та профілактики і, як наслідок, обмеженням психологічної, соціальної та фізичної активності хворих. У практиці дерматовенеролога кожен третій пацієнт — хворий на АД. У загальній структурі дерматологічної захворюваності питома вага цієї хвороби становить від 15 до 30 % серед дітей та від 2 до 10 % серед дорослих[37].

Загальновідомо, що в розвитку атопічного дерматиту відіграють роль комплексні генетично зумовлені порушення, пов’язані зі схильністю до алергійних реакцій, опосередкованих імуноглобулінами класу Е, дефектом шкірного бар’єра і особливостями фізіології нервової системи. Отже, АД — це

хронічне алергійне захворювання, яке розвивається в осіб з генетичною схильністю до атопії, має рецидивуючий перебіг, характеризується сухістю, свербінням шкіри з підвищенням трансепідермальної втрати води[37].

В основі патогенезу АД лежать імунні механізми з переважанням ролі Т-лімфоцитів і клітин Лангерганса. Встановлено, що антиген зв'язується з високоафінними рецепторами IgE, який експресований на поверхні клітин Лангерганса і тучних клітин. Це активує перетворення Th0 на Th2, що супроводжується виділенням цитокінів, особливо ІЛ-4, і локальною гіперпродукцією IgE. Клітини Лангерганса є основними клітинами, відповідальними за IgE-залежне накопичення алергенів у шкірі та презентацію їх Т-клітинам. Їхня кількість у хворих на атопічний дерматит більша, ніж у здорових осіб[41].

До ускладнень уніфікування номенклатури алергійних шкірних хвороб належить те, що численні захворювання із різними патогенетичними механізмами мають маніфестації на шкірі. Тому сьогодні уніфіковані лише провідні шкірні хвороби: уртикарія, ангіоневротичний набряк, алергійна контактна екзема/дерматит, атопічна екзема/дерматит та екзантематозне медикаментозне ураження[41].

Сучасним терміном для визначення екзематозних реакцій гіперчутливості на шкірі, подібно до риніту для носа та астми для легенів, є «атопічна екзема/дерматит». Цей термін складається з двох частин, що дає змогу виділити одну форму екземи/дерматиту. Тут слово «атопічний» має інше значення, ніж уніфікований термін «атопія»[41].

Однією з вдалих, на наш погляд, спроб є вивчення імунофенотипової картини та цитокінового профілю периферійної крові хворих у гострій та хронічній стадіях розвитку атопічного дерматиту (АД). Гостра стадія АД характеризується імунологічними порушеннями в периферійній крові, пов'язаними зі збільшенням популяції клітин та посиленням експресії маркерів активації HLA-Dr і CD25, що супроводжується збільшенням концентрації цитокінів Th_2-профілю (інтерлейкінів-4, 5, 10). При хронічній

стадії АД імунологічні порушення менш виразні, пов'язані зі стійким збільшенням кількості CD19 та CD16 позитивних клітин, а також клітин, що експресують маркери CD25 і HLA-DR, збільшується у крові вміст цитокінів Th_1-профілю (інтерферону-γ та ТНФ-α)[41].

Обов'язковим патогенетичним напрямом у лікуванні алергодерматозів є зовнішня терапія, яка сприяє купіруванню запальних уражень, зменшенню свербежу та максимальному відновленню цілісності шкіри, що може прискорити та подовжити ремісію, запобігти рецидивам захворювання. Пацієнти з АД і екземою потребують постійного догляду за шкірою[43].

Останнім часом у дерматологічній практиці активно йде пошук нових методів неінвазійної терапії хворих на АД та екзему з урахуванням як фізіологічних, так і морфологічних параметрів шкіри. Мультифакторна концепція патогенезу цих захворювань та виявлення порушень бар'єрної функції шкіри обґрунтовують застосування у складі комплексної терапії фізіотерапевтичних методів[43].

Тваринні моделі важливі для вивчення механізмів захворювання та пошуку нових терапевтичних засобів. Однак, через гетерогенність та складність АД, наразі не існує жодної мишачої моделі, яка могла б повністю імітувати людську АД[32].

Численні фактори, включаючи ген філагрину (FLG), нейрозапалення, змінений склад ліпідів та мікробний дисбаланс, можуть сприяти розвитку АД. Тому важко повністю уявити патогенез, рівень запалення та клінічні особливості АД на тваринній моделі. Як важливий інструмент для дослідження захворювань людини, моделі на тваринах є важливим наріжним каменем для сприяння розвитку медицини. Зокрема, побудова моделі на мишах є простою, а миші мають високу доступність і низьку вартість і широко використовуються[32].

Дупілумаб - це людське моноклональне антитіло, яке блокує інтерлейкін 4 (IL-4) та інтерлейкін 13 (IL-13), і було доведено, що він є безпечним та корисним у лікуванні різних захворювань. Блокада ІЛ-4 та ІЛ-13 ефективно

знижує відповідь Т-хелперів 2, що, ймовірно, пояснює механізм дії при лікуванні атопічного дерматиту[13].

На рис. 1.1 зображено 74-річного афроамериканця з проявами атопічного дерматиту на руках.

Рисунок 1.1 – Випадок 1 пацієнт з гіперпігментованими, ліхеніфікованими бляшками на кистях та передпліччях, схожими на атопічний дерматит[13]

Хоча дупілумаб вважається безпечним препаратом і дуже корисним для лікування атопічного дерматиту, деякі побічні ефекти включають дерматит, псоріаз, артралгії, алопецію та шкірну Т-клітинну лімфому. Еозинофілія (абсолютна кількість еозинофілів >500/мм^3) нещодавно була описана як побічна дія дупілумабу, і детально описана як транзиторна і така, що минає самостійно в контексті лікування астми, атопічного дерматиту та хронічного риносинуситу[13]. Умовні позначення: мм^3 – кубічні міліметри.

Алергія на латекс може мати значний вплив на людей з атопічним дерматитом (АД), хронічним запальним захворюванням шкіри, що характеризується сухістю та свербінням шкіри, а також гострими загостреннями висипань. Пацієнти з атопією мають підвищений ризик алергії на латекс через пошкодження шкіри з порушеним епідермальним бар'єром, що дозволяє алергену легше проникати всередину[8].

Наразі немає досліджень, які б оцінювали результати специфічних IgE до молекулярних компонентів латексу за допомогою мультиплексного тесту ALEX2 Allergy Xplorer у пацієнтів з АД[8].

Тяжкість АД оцінювали відповідно до методу SCORAD, оцінюючи елементи топографії (уражену ділянку шкіри), критерії інтенсивності та суб'єктивні параметри. Для вимірювання ступеня атопічного дерматиту використовували правило дев'яток на передньому/задньому малюнку запальних уражень пацієнта. Ступінь вираженості оцінювали за шкалою від 0 до 100 балів. Інтенсивна частина індексу SCORAD складається з шести пунктів: еритема, набряк/папули, екскоріація, ліхеніфікація, кірки та сухість. Кожен пункт оцінюється за шкалою від 0 до 3 балів. Суб'єктивні показники включали щоденний свербіж та безсоння. Обидва суб'єктивні показники оцінювалися за 10-сантиметровою візуальною аналоговою шкалою, а максимальний суб'єктивний бал становив 20. Всі пункти були заповнені в оціночній формі SCORAD. Формула індексу SCORAD була наступною: A/5 + 7 B/2 + C. У цій формулі A визначається як діапазон (0-100 балів), B – як інтенсивність (0-18 балів), а C – як суб'єктивні симптоми (0-20 балів)[8].

Атопічний дерматит, що характеризується рецидивуючими сверблячими еритематозними бляшками, папулами та везикулами, частково опосередковується цитокінами Т-хелпери 2, включаючи інтерлейкін 4 та інтерлейкін 13. Біологічні препарати, такі як дупілумаб, та низькомолекулярні інгібітори Янус-кінази (JAK), такі як упадацитиніб, націлені на сигнальні шляхи цих цитокінів. Численні дослідження підтверджують потенціал дупілумабу у виявленні шкірної Т-клітинної лімфоми (CTCL) у пацієнтів з атопічним дерматитом, у яких спочатку діагностували атопічний дерматит[5].

Як видно з цього прикладу, діагностика CTCL викликає труднощі через те, що вона часто схожа на доброякісні шкірні захворювання, в тому числі атопічний дерматит. Дерматологи повинні бути пильними щодо розгляду діагнозу CTCL у пацієнтів з резистентним до лікування атопічним дерматитом та/або з еритродермією, що раптово виникла, особливо після початку лікування інгібіторами JAK, в даному випадку - упадацитинібом. При погіршенні перебігу рефрактерної еритродермічної екземи, незважаючи на лікування, слід негайно провести аналіз крові, включаючи мазок периферичної

крові та проточну цитофлуориметрію, особливо перед початком застосування нових біологічних препаратів[5].

Поява біологічних препаратів, спрямованих на цитокіни, значно змінила ландшафт лікування хронічних імуноопосередкованих запальних захворювань, таких як атопічний дерматит (АД) та псоріаз. Хоча ці методи лікування загалом безпечні та ефективні, терапевтичні маніпуляції на основі цитокінів можуть викликати побічні ефекти з боку імунної системи, ускладнюючи перебіг лікування та вибір наступних методів терапії[36].

Співіснування АД та псоріазу, двох різних хронічних запальних захворювань шкіри, іноді спостерігається, хоча й у невеликого відсотка пацієнтів. Літературні дані свідчать про те, що приблизно у 2% людей з АД може також спостерігатися псоріаз і навпаки, що підкреслює складний взаємозв'язок між цими захворюваннями. Поява біологічних препаратів значно покращила результати лікування обох захворювань завдяки впливу на специфічні цитокіни[36].

Отже, наші спостереження підкреслюють важливість визнання та вирішення унікальних проблем, пов'язаних з лікуванням АД та псоріазу, особливо в контексті біологічної терапії. Успішне застосування інгібіторів JAK для лікування побічних ефектів маніпуляцій з цитокінами дає цінне уявлення про потенціал цих препаратів для заповнення критичної терапевтичної прогалини для пацієнтів зі складними дерматологічними захворюваннями, що перетинаються[36].

Фотообтяжені дерматози - це шкірні захворювання, які можуть бути присутніми за відсутності світла, але загострюються під впливом оптичного випромінювання. Багато шкірних захворювань можуть загострюватися під впливом світла, в тому числі атопічний дерматит (АД)[9].

Фоточутливість при АД досліджувалася, але не була охарактеризована як об'єднуюча сутність, з повідомленнями про окремі стани фотопосилення АД, фоточутливого АД, фотозагострення АД, фоточутливої екземи і, що більш точно, хронічного актинічного дерматиту (CAD)[9].

1.2 Генетичні алгоритми в медицині

Генетичний алгоритм - це проста модель еволюції в природі, яка реалізована у виді комп'ютерної програми[42].

Генетичні алгоритми - це дуже популярні в даний час способи розв’язання задач оптимізації. У їхній основі лежить використання еволюційних принципів для пошуку оптимального розв’язання. Уже сама ідея виглядає досить інтригуючою і цікавою, щоб перетворити її в життя, а численні позитивні результати тільки розпалюють інтерес з боку дослідників[42].

Для обробки й аналізу даних база знань використовує одну з сучасних інтелектуальних технологій підтримки прийняття рішень. Це штучні нейронні мережі, генетичні алгоритми та апарат нечіткої логіки. Останній, до речі, найбільш приближений до моделей, якими користуються люди при прийнятті рішень[49].

ГА - це метаевристичний метод, натхненний законами генетики, який намагається знайти корисні рішення для складних проблем. У цьому методі спочатку генеруються випадкові рішення (особини), кожна з яких містить кілька властивостей (хромосом). Відповідно до законів генетики, в хромосомах відбуваються кросинговери та мутації, що призводять до появи другого покоління особин з більш різноманітними властивостями[14].

Варто зазначити, що ГА відрізняються від алгоритмів оптимізації на основі похідних. Перш за все, ГА шукають популяцію точок у просторі розв'язків на кожній ітерації, тоді як класичні методи, засновані на похідних, шукають лише одну точку. Крім того, ГА вибирають наступну популяцію, використовуючи імовірнісні правила переходу та генератори випадкових чисел, тоді як алгоритми на основі похідних використовують детерміновані правила переходу для вибору наступної точки в послідовності[14].

У ГА можливість розмноження залежить від пристосованості особин. Чим кращі хромосоми вони мають (тобто ті, що мають кращі характеристики), тим більша ймовірність того, що вони будуть відібрані для розмноження в наступному поколінні. Існує кілька методів селекції, однак метою всіх методів є присвоєння індивідуумам значень збігів на основі функції збігів та відбір найбільш пристосованих. Генетичні зміни в хромосомах відбуватимуться шляхом кросинговеру та мутацій, що призведе до появи нового покоління[14].

ГА застосовуються для відбору ознак у дослідженнях, спрямованих на ідентифікацію області інтересу на мамограмах як нормальної або такої, що містить утворення, а також для диференціації доброякісних і злоякісних пухлин молочної залози на ультразвукових зображеннях[14].

Поява ДНК-мікрочипів проклала шлях до масового профілювання експресії генів, що може зробити революцію в галузі молекулярної діагностики та прогнозування. Однак отримання великих масивів даних створює статистичні та аналітичні проблеми, що зумовлює необхідність пошуку ключових предиктивних генів. Завдяки притаманній ГА здатності шукати і знаходити оптимальне рішення серед великих і складних можливих рішень з множинними одночасними взаємодіями, вони були застосовані для аналізу даних мікрочипів з декількох ліній ракових клітин[14].

ГА застосовуються в різних галузях серцево-судинної медицини. Атеросклеротичні бляшки є характерною ознакою більшості інфарктів міокарда та інсультів. Визначення механічних властивостей бляшок, таких як еластичність, дозволило б лікарям краще локалізувати та картографувати вразливі або нестабільні бляшки[14].

Для вибору найкращого набору клінічно значущих змінних-кандидатів використовувався ГА. Для валідації прогнозовані результати порівнювали зі спостережуваними показниками[14].

У клінічних лабораторіях регулярна ротація персоналу на основі їхніх навичок між різними установами є фундаментальною для підтримання

професійних навичок і компетентності. Для покращення планування ротації персоналу в клінічній лабораторії було застосовано ГА[14].

У загальному вигляді, генетичний алгоритм – це оптимізаційний метод, що базується на еволюції популяції особин. Кожна особина представлена у вигляді хромосоми й характеризується пристосованістю – функцією генів. Завдання оптимізації полягає в максимізації функції пристосованості. У процесі еволюції в результаті відбору та рекомбінації геномів (з використанням генетичних операторів кросинговеру, мутації, інверсії) відбувається пошук особин із найвищими пристосуваннями[39].

У медицині генетичні алгоритми застосовують для діагностики та прогнозування, під час оброблення зображень, у задачах складання розкладів та планування[39].

Імітація біологічної еволюції та використання її сили для адаптації - проблеми, які інтригують комп'ютерних науковців щонайменше три десятиліття. Генетичні алгоритми (ГА), винайдені Джоном Голландом у 1960-х роках, є найбільш широко використовуваними підходами до обчислювальної еволюції. У своїй книзі «Адаптація в природних і штучних системах» Холланд представив ГА в загальних теоретичних рамках адаптації в природі. Мотивація Голланда була здебільшого науковою - він намагався зрозуміти і пов'язати різні типи природних явищ, - але він також запропонував потенційні інженерні застосування ГА[16].

Одним з результатів такого зростання інтересу став поділ галузі ГА на кілька підвидів. Один з основних розділів - це дослідження ГА як інженерних інструментів і дослідження ГА як наукових моделей еволюційних процесів. Цей поділ приблизно паралельний поділу досліджень штучного інтелекту на роботу над інженерними інструментами і роботу над моделями пізнання. У світі ШІ, незважаючи на певний перетин між цими двома групами, зазвичай зрозуміло, до якого табору належить той чи інший проект[16].

Генетичні алгоритми (ГА) використовують принципи природного відбору та генетики для оптимізації і пошуку рішень. Процес роботи ГА

наступний: ініціалізація популяції випадкових рішень, оцінка кожного рішення за допомогою функції придатності, відбір кращих рішень для створення нового покоління через кросовер і мутацію, повторення процесу до досягнення оптимального рішення[38].

Хоча ламарківська еволюція дискредитована в біології, вона виявилася потужною концепцією в програмах штучної еволюції на комп'ютері. На відміну від життя в природі, комп'ютерні програми використовують дуже прості перетворення між генотипами і фенотипами, а інверсія фенотипів до відповідних генотипів часто є легко здійсненною. У випадку, коли генотипи є власними фенотипами, між ними не відбувається жодних перетворень[30].

Практичність еволюції Ламарка в генетичному алгоритмі залежить від проблеми, що досліджується. Ламарківська локальна оптимізація, як правило, підвищує відносну пристосованість популяції, а отже, прискорює ефективність пошуку батьківського генетичного алгоритму[30].

ГА неминучі, коли мова йде про сучасне використання даних і штучний інтелект, а їхньою головною перевагою є здатність вирішувати набагато складніші проблеми, ніж ті, які можна вирішити традиційними методами. У медицині застосування ГА не обмежується обробкою зображень, а включає дуже складне використання в радіології, онкології, кардіології, ендокринології, гінекології, педіатрії, хірургії, пульмонології, інфектології, радіотерапії, реабілітаційній медицині, ортопедії, неврології та фармакології - отже, майже в кожній галузі медицини[15].

Використання ГА в медицині можна пояснити на дуже спрощеному прикладі оптимізації терапії. Припустимо, що для лікування пацієнта доступні сім різних методів лікування, які можна комбінувати і які не взаємодіють один з одним. Кожна з них завдає організму вимірної шкоди. Ймовірність успіху кожної терапії та шкоди для організму наведені в табл. 1.1. Питання полягає в тому, скільки методів лікування слід застосувати, щоб досягти найвищої ймовірності успішного лікування з ймовірністю шкоди для організму, що не перевищує 20%[15].

Таблиця 1.1

Гіпотетичне лікування з асоційованими шансами успіху та шкоди для організму[15]

Терапія	Успіх	Шкода
Th_01	95	15
Th_02	90	10
Th_03	75	9
Th_04	60	8
Th_05	30	3
Th_06	20	1
Th_07	10	1

Генетичний алгоритм має здатність долати локальні екстремуми в процесі оптимізації, але він часто страждає від повільної швидкості збіжності[15].

Будучи одними з найперших евристичних методів, генетичні алгоритми знайшли широке застосування в багатьох наукових галузях. У ГА кожен можливий розв'язок $x_j = \{x_{1,j}, x_{2,j}, \ldots, x_{D,j}\}$ задачі називається «особиною» або «хромосомою», а вільні (оптимізаційні) скалярні змінні x_i вважаються «генами». Розмір M популяції особин, що розглядається в просторі пошуку на початку процесу розв'язання задається користувачем. Алгоритм починається з випадкового створення наборів генів для M особин, а потім оцінює цільову функцію $f(x_j)$ для кожної особини[2].

Було запропоновано новий гібридний евристичний алгоритм, названий ройовим генетичним алгоритмом (SGA), який вкладає цикли оптимізації рою частинок (PSO) в генетичний алгоритм (GA), щоб підвищити ефективність останнього у швидкому досягненні глобального оптимуму. Мета полягала в тому, щоб подолати недоліки кожного алгоритму, скориставшись можливостями PSO і об'єднавши їх з відомими дослідницькими здібностями ГА[2].

Генетичні алгоритми (ГА) продемонстрували значні переваги в багатопороговій оптимізації для сегментації зображень, з наступними ключовими перевагами[17]:

(1) Здатність розв'язувати складні задачі ГА ефективно розв'язують складні задачі, імітуючи природний відбір і генетичні механізми. При сегментації зображень ГА кодують порогові значення у вигляді генів і досліджують простір рішень за допомогою операцій кросинговеру і мутації, знаходячи найкращу комбінацію порогових значень для різних характеристик зображення[17].

(2) Баланс між дослідженням та експлуатацією ГА забезпечують хороший баланс між дослідженням нових рішень та експлуатацією існуючих. Вони спрямовують пошук високоякісних рішень за допомогою фітнес-функції, зберігаючи при цьому різноманітність популяції, уникаючи передчасної збіжності до локальних оптимумів[17].

(3) Підтримання різноманітності ГА підтримують різноманітність рішень протягом усього еволюційного процесу за допомогою операцій відбору, кросинговеру та мутацій. Це допомагає досліджувати різні області простору рішень, запобігаючи ранній збіжності до субоптимальних рішень, особливо при роботі з медичними зображеннями з мультимодальними характеристиками[17].

(4) Можливість глобального пошуку ГА мають можливість виконувати глобальний пошук, підтримуючи різноманітну популяцію, забезпечуючи широкий діапазон пошуку і уникаючи застрягання поблизу локальних оптимумів, що особливо важливо для складних, мультимодальних структур на медичних зображеннях[17].

(5) Адаптивність ГА можуть налаштовувати свої параметри на основі вмісту зображення відповідно до його особливостей[17].

Порівняно з традиційними евристичними алгоритмами, ГА демонструють чудову продуктивність у багатопороговій оптимізації та складних задачах сегментації зображень[18].

Генетичний алгоритм не тільки скорочує час обробки даних розпізнавання поведінки, але й збільшує обсяг обробки початкових даних. Генетичний алгоритм виконує багатовимірну кластеризацію відповідно до

початкового обсягу даних і маркує їх з часом, щоб сформувати безперервний ланцюжок даних[18].

Генетичний алгоритм успадковує переваги самого генетичного алгоритму, тобто ідею та процес розв'язання оптимізаційної задачі, використовуючи квантову характеристику для компенсації недостатньої різноманітності популяції, завдяки чому покращується просторовий пошук та швидкість збіжності алгоритмів, досягаючи кращих результатів оптимізації, ніж традиційний генетичний алгоритм. Генетичні алгоритми широко використовуються в різних типах оптимізаційних задач, а їхня обчислювальна продуктивність є кращою за традиційні алгоритми, що дозволяє вирішувати широкий спектр практичних завдань у різних дисциплінах[23].

Основна робота квантових генетичних алгоритмів полягає в еволюційному оновленні квантових обертових воріт, але традиційні квантові генетичні алгоритми використовують стратегію з фіксованим кутом повороту, а напрямок обертання квантових воріт визначається відповідно до таблиці пошуку, яка включає в себе оцінку декількох умов і впливає на швидкість збіжності алгоритму[23].

Генетичні алгоритми мають характеристики автономного відбору, автономної оптимізації, автономної адаптації та популяційної еволюції, і особливо підходять для великомасштабної складної оптимізації та нелінійних оптимізаційних задач, які важко розв'язати за допомогою традиційних алгоритмів пошуку. З цих причин генетичні алгоритми були розроблені в галузі комп'ютерних технологій і успішно використовуються в багатьох сферах, таких як обробка зображень, оптимальне керування, машинне навчання та штучний інтелект[23].

Застосування генетичних алгоритмів (ГА) добре відомі і далекосяжні. Завдяки своїй універсальності, ГА широко і успішно використовуються для оптимізації практичних задач, таких як визначення довгої послідовності пар основ у генетичній базі даних, планування свердлильних робіт на заводі з

виробництва друкованих плат та інтелектуальний аналіз даних, серед інших[21].

Хромосоми можуть складатися з двійкових рядків або дійсних значень. Бінарно-кодовані ГА (БКГА) мають хромосоми з 0 та 1. Хоча БКГА є більш традиційним методом і підходить для оптимізаційних задач малого та середнього розміру, він не підходить для задач великої розмірності, оскільки вимагає більше обчислювального часу та пам'яті. Реально-кодовані ГА (РКГА) використовують реальні значення, що дозволяє зменшити обчислювальний час і пам'ять порівняно з БКГА, роблячи оптимізацію багатовимірних і високоточних задач більш доцільною[21].

Мутація - це природне явище, яке може виникнути під час будь-якої реплікації хромосом. Включення мутації в ГА можна вважати необов'язковим кроком, але загалом було встановлено, що це збільшує різноманітність популяції. Це дозволяє ГА досліджувати перспективні області пошукового простору. Основна перевага впровадження мутацій в ГА полягає в уникненні передчасної збіжності, коли ГА потрапляє в пастку локального оптимуму. Однак оператор мутацій має і свої недоліки, які полягають в уповільненні процесу навчання. У минулому мутації мали форму точкових, кадрових і транслокаційних мутацій, які передбачають заміну, перемикання або зсув двійкових бітів, у випадку двійкових хромосом, що кодуються двійковим кодом[21].

На етапі селекції до ГА було внесено різноманітні модифікації. Багато уваги було приділено вдосконаленню операторів кросинговеру, але було проведено менше досліджень щодо вдосконалення операторів мутацій, які складають дуже перспективну, хоча і малодосліджену галузь[21].

Генетичні алгоритми мають великий потенціал для оптимізації нелінійних функцій у багатовимірних просторах, оскільки внутрішня паралельна структура процесу оптимізації є високоефективною для одночасного дослідження декількох місць у просторі пошуку та уникнення локальних екстремумів. Вони можуть бути використані для двійкових або

дійсних кодованих задач, і багато специфічних операторів розмноження/мутації були розроблені для створення конкретних алгоритмів для обробки широкого спектру оптимізаційних задач[7].

Роль генетичного алгоритму полягала в тому, щоб гарантувати, що синтетичні CLB-зображення матимуть статистичні властивості, подібні до реальних зображень. Хоча цей момент був необхідний, наприклад, для майбутніх експериментів з модельними спостерігачами, він, безумовно, не був достатньою умовою для використання їх у психофізичних експериментах з детектування[7].

Розроблено та впроваджено генетичний алгоритм для оптимізації взаємозв'язків «структура-активність». Генетичний алгоритм був розроблений для роботи з родинами молекулярних дескрипторів і протестований на родині молекулярних дескрипторів. Метою генетичного алгоритму була оптимізація множинних лінійних регресій з чотирма дескрипторами для прогнозування коефіцієнта розподілу октанол-вода (вираженого в логарифмічній шкалі) для серії з 206 поліхлорованих біфенілів. Релевантні для еволюції фактори були параметризовані під час реалізації еволюційної програми[19].

Методологія роботи генетичних алгоритмів передбачає початкове виділення (випадковим чином або за допомогою стратегії) вибірки хромосом з генетичного матеріалу - в даному випадку масиву членів MDF - від X_1 до X_p, який потрапляє в сорт для проведення еволюційного процесу. Генетичний алгоритм працює з вибіркою, яка змінюється (частково) в кожному поколінні. Кожен набір ‘n’ дескрипторів (де n - порядок кратності для MLR) є точкою в просторі пошуку і можливим рішенням. Операторами, які змінюють генетичний код, є кросинговер і мутація[19].

Генетичний алгоритм - це евристичний алгоритм пошуку та метод оптимізації, натхненний природною еволюцією. Згідно з літературними джерелами, існує кілька евристичних алгоритмів пошуку на основі ГА, які були використані в селекції генів[24].

У цьому розділі представлено алгоритм GALA як гібридний алгоритм. GALA використовує переваги як GA, так і LA. Кожна хромосома, в якій позиції генів абсолютно випадкові, має значення пристосованості, що обчислюється за допомогою функції пристосованості. Іншими словами, GA виставляє оцінку хромосомі. Найдостойніша хромосома буде згенерована, якщо ми присвоїмо оцінку розташуванню генів у хромосомі. Для цього використовується LA, в якому кожен автомат еквівалентний хромосомі, а кожна дія еквівалентна гену. Місця генів визначаються за допомогою операторів винагороди та покарання. Ця проблема збільшує швидкість збіжності[24].

Оператори селекції та елітизму передають кількість хромосом наступному поколінню.[…]У генетичному алгоритмі існують різні умови для завершення роботи алгоритму[24].

1.3 Нейронні мережі

Нейронні мережі – це моделі обчислень, натхненні структурою і функціонуванням біологічних нейронних мереж, основним компонентом яких є нейрони мозку[46].

Штучний нейрон – це математична модель, що імітує роботу свого біологічного аналога. Хоча він має простіший вигляд порівняно із реальним нейроном, основні ідеї функціонування залишилися без змін: отримання вхідних сигналів, їх обробка та формування вихідного сигналу[46].

Нейронні мережі широко використовуються в обробці природних мов, аналітичних системах, медицині, інформаційних технологіях та інших галузях.

Висновки до розділу 1

У цьому розділі було опрацьовано джерела з двох тем: атопічний дерматит і генетичний алгоритм у медицині. Проаналізовані дослідження доводять перспективність використання генетичних алгоритмів у різних

галузях медицини. Це дозволяє полегшити діагностику захворювань. Поєднання генетичних алгоритмів з нейронними мережами дозволять покращити точність результатів.

Атопічний дерматит є хронічним захворюванням, яке важко вилікувати, характеризується лущенням шкіри, свербежем та почервонінням. Причиною його виникнення може бути підвищення рівня IgE у сироватці крові, також може спостерігатись алергічна реакція. Крім того, симптоми цього захворювання можуть виникати і при інших хворобах шкіри. Для лікування атопічного дерматиту застосовують місцеві або системні препарати, фототерапію, а для досягнення ремісії рекомендують уникнення тригерів.

Генетичні алгоритми моделюють процеси біологічної еволюції. Вони мають значний потенціал для використання лікарями у діагностиці захворювань, в тому числі розпізнавання зображень. За їх допомогою можна передбачити взаємодію ліків та визначити їхню ефективність, а також вирішити інші завдання.

Нейронні мережі імітують функціонування біологічних нейронів і застосовуються в різних галузях, в тому числі в медицині.

РОЗДІЛ 2
АНАЛІТИЧНА ЧАСТИНА

2.1 Робота генетичного алгоритму

Генетичні алгоритми імітують процес еволюції. Вони використовуються для рішення задач оптимізації і моделювання шляхом послідовного підбору, комбінування і варіації шуканих параметрів з використанням механізмів, що нагадують біологічну еволюцію[38].

Генетичний алгоритм використовує три операції: мутацію, селекцію і кросинговер.

Схрещування двох генотипів передбачає вибір частини з потоку генів, що підлягають схрещуванню (випадковим чином або за допомогою стратегії), і значення частин міняються місцями, утворюючи двох нащадків. Мутація генотипу передбачає зміну значення одного (або декількох) генів на інше допустиме значення зі списку можливих значень для даного гена. Як при кросинговері, так і при мутації утворюються нащадки. Відбір генотипів - це операція, яка викликає мутацію і кросинговер, базується на стратегії і використовує функцію оцінки (оцінка відбору). Принаймні частина нащадків є життєздатними (дескрипторами), тобто здатними стати частиною життєздатного рішення (MLR) у наступному поколінні (поколіннях). Життєздатні дескриптори замінюють частину вибірки в процесі виживання. Як і процес відбору, процес виживання використовує функцію оцінки (оцінка виживання) і використовує стратегію. Мета еволюції фіксується під час еволюції за допомогою функції оцінки (об'єктивної оцінки). Особини, які дають найкращу об'єктивну оцінку в кожному поколінні (потрапляють в найкращу MLR), відмічаються[19].

На рис. 2.1 показано схематичне зображення генетичного алгоритму.

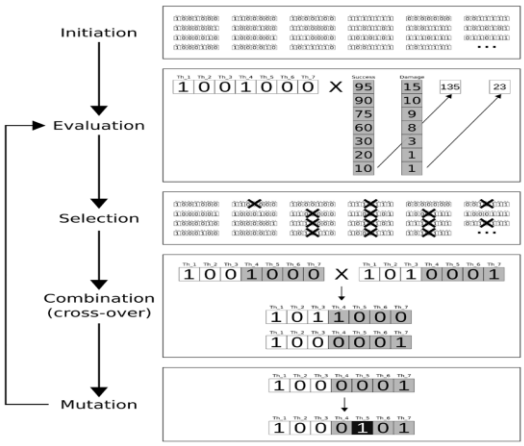


Рисунок 2.1 – Схематична ілюстрація законів генетичного алгоритму[26]

Генетичний алгоритм може бути визначений режимом судження «ЯКЩО». При правилі обмеження Z процес кластеризації нейромережевого алгоритму виглядає наступним чином[18]:

$$\text{IF: } x_i \in g_{ij} \text{ and } Z(x) = C(x_i, x_{i-1}),$$
$$\text{then } y = \sum_{i=1}^{n} y_i = \sum_{i=1}^{n} \overline{Z(x_i) \cdot \lambda(x_i)}, \tag{2.1}$$

де $\lambda(x_i)$ – функція кластеризації, g_{ij} – набір кластеризації, M(x) – функція обмежень, $C(x_i, x_{i-1})$ – відношення між будь-якими сусідніми даними x, та y – результат кластеризації. Вхідна частина генетичного алгоритму є чіткою, частина обробки є нечіткою, а вихідна частина є чіткою, тому вихідний результат може бути визначений нечітким методом для отримання вихідної комбінації[18].

Припускаючи, що будь-яка вхідна змінна є x_i, відношення належності між кожною вхідною змінною x_i та вихідною змінною y_i можна отримати за допомогою правила обмеження Z, як показано в наступній формулі[16]:

$$C \cdot g_{ij} = \sum_{i,j=1}^{n} \exp\left\{\frac{(x_i - c_{ij})}{b_{ij}}\right\}. \tag{2.2}$$

де c_{ij} та b_{ij}, відповідно, центр та ступінь приналежності функції приналежності; C – функція відношень, а g_{ij} – нечітка множина[16].

Кластеризуючи наведені вище відношення приналежності, можна отримати неперервний оператор кластеризації, як показано в наступній формулі[18]:

$$C \cdot g_{ij} = \delta \cdot \sum_{i,j,k=1}^{n} g_{ij}^{k}(x), \tag{2.3}$$

де δ – коефіцієнт кластерного коригування, а k – коефіцієнт відхилення. Згідно з розрахунком кластеру, можна отримати вихідне значення кластеру, як показано в наступній формулі[18]:

$$y = \frac{\left[\delta \cdot \sum_{i,j,k=1}^{n} g_{ij}^{k}(x) \cdot f\left(P_j(x)\right)\right]}{\max \sum_{i,j=1}^{n} g_{ij}^{k}(x)}. \tag{2.4}$$

Схема роботи генетичного алгоритму наведена на рис. 2.2. В ній описано таку послідовність дій: спочатку ініціюється популяція, далі оцінюється рівень збігів і, якщо ми дійшли до критерію зупинки, то генерація популяції завершується, інакше сортуємо популяцію, здійснюємо генетичні операції (селекцію, мутації, кросинговер) і переоцінюємо рівень збігів, тоді повертаємось до критерію зупинки.

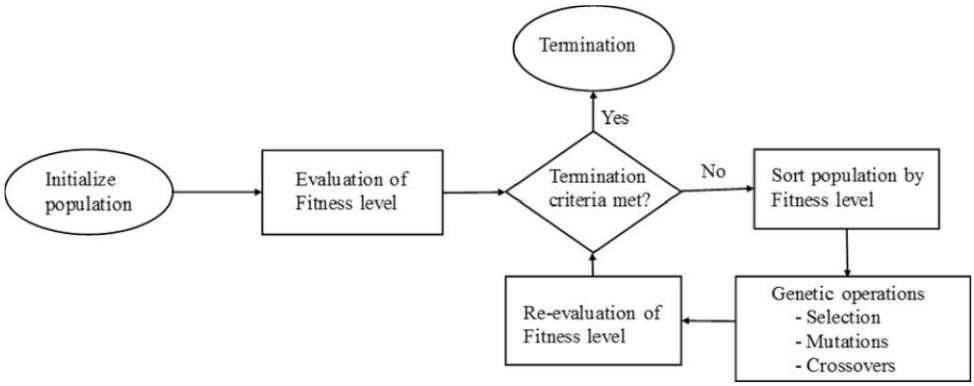


Рисунок 2.2 – Типова діаграма генетичного алгоритму[2]

Фреймворк генетичного алгоритму поєднує в собі кілька операцій селекції, мутації та кросинговеру(див. рис. 2.3). Стрілками показано переходи.

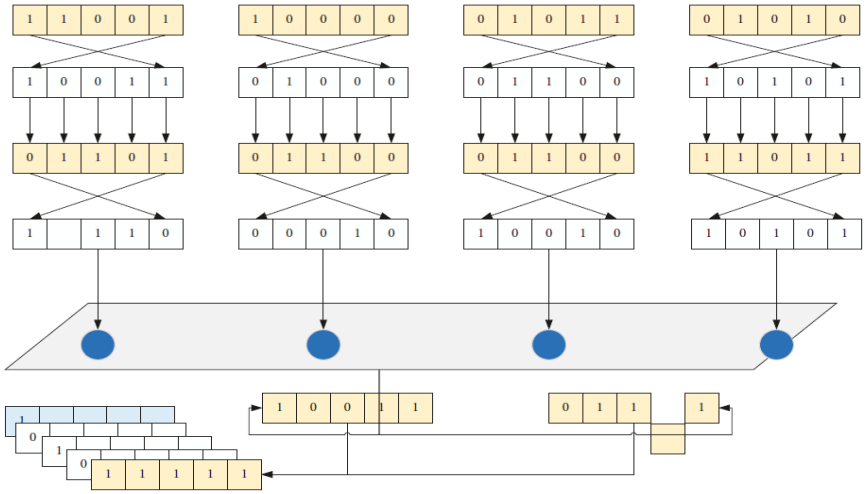


Рисунок 2.3 – Фреймворк генетичного алгоритму[23]

2.2 Згорткові нейронні мережі (CNN)

Один з найпоширеніших підходів – це використання згорткової нейронної мережі (CNN).

Згорткова нейронна мережа (CNN) - це варіант моделі нейронної мережі, який був особливо розроблений для обробки двовимірних зображень[4], хоча він також може бути застосований для одно- та тривимірних даних. Ідея згорткового шару, який становить основу CNN, полягає в застосуванні операції, відомої як «згортка»[4].

«Згортка» в контексті CNN – це лінійна дія, що включає перемноження ваги на вхідні дані, подібно до того, як це відбувається у звичайній нейронній мережі. Отже, існуючи в рамках традиційних нейронних мереж, згорткові мережі спеціалізуються на обробці більш складних даних, таких як зображення[4]. Нижче зображено принцип роботи CNN(див. рис. 2.4).

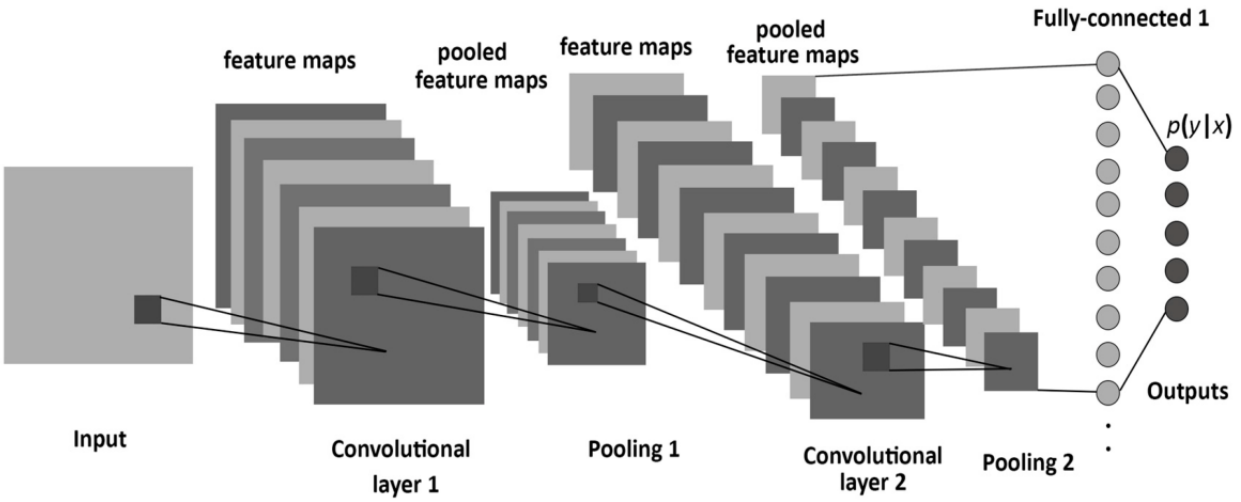


Рисунок 2.4 – Принцип роботи CNN[3]

CNN часто використовується в розпізнаванні медичних зображень, у тому числі захворювань шкіри. Ці нейронні мережі дозволяють підвищити точність діагностики. До недоліків цього алгоритму можна віднести великий обсяг пам’яті, що витрачається на розв’язання завдання, недостатня точність передбачення даних, обмеженість на певному наборі даних.

2.3 Опис бази даних

У цій роботі використовується медична база даних для подальшого використання в роботі генетичного алгоритму та поєднання його з нейронною мережею.

DermNet - це некомерційне, незалежне медичне видавництво, місія якого полягає в тому, щоб зробити достовірну інформацію про шкіру доступною для всіх[11].

База даних DermNet містить інформацію майже про всі захворювання шкіри і налічує понад 20 тисяч зображень. Ці зображення можна використати для навчання нейронних мереж, розпізнавання захворювань за допомогою штучного інтелекту, в алгоритмах машинного навчання.

Нижче наведено приклад зображення з цієї бази (див. рис. 2.5).

Рисунок 2.5 – Атопічна екзема руки[11]

2.4 Інструменти та бібліотеки

Для реалізації генетичних алгоритмів та моделей машинного навчання зазвичай використовують наступні бібліотеки та інструменти:

- DEAP – новий фреймворк еволюційних обчислень для швидкого створення прототипів та тестування ідей[10];
- Sklearn-genetic-opt: використовує еволюційні алгоритми з пакету deap для вибору набору гіперпараметрів, які оптимізують (max або min) оцінки перехресної перевірки, його можна використовувати як для задач регресії, так і для задач класифікації[33];
- Google Colab – середовище розробки та виконання коду[48];
- PyTorch: бібліотека машинного навчання, яка надає широкі можливості для побудови та навчання моделей глибокого навчання[20];
- OpenCV: бібліотека комп’ютерного зору, яка використовується для обробки зображень[26];
- NumPy: бібліотека, яка надає об'єкт багатовимірного масиву, різноманітні похідні об'єкти (такі як замасковані масиви та матриці), а також набір процедур для швидких операцій над масивами, включаючи математичні, логічні, маніпуляції з фігурами, сортування, вибірку, введення/виведення, дискретні перетворення Фур'є, основи лінійної алгебри, базові статистичні операції, випадкове моделювання та багато іншого[25];

— Pandas: швидкий, потужний, гнучкий і простий у використанні інструмент аналізу та маніпулювання даними з відкритим вихідним кодом, побудований на основі мови програмування Python[29];
— Matplotlib: бібліотека для візуалізації даних, використовується для створення графіків та діаграм[22].

2.5 Мова програмування Python

Python – це об'єктно-орієнтована мова програмування високого рівня, призначена для самого широкого кола завдань. За її допомогою можна обробляти різні дані, створювати зображення, працювати з базами даних, розробляти Web-сайти та додатки з графічним інтерфейсом. Python є кросплатформенною мовою, що дозволяє створювати програми, які будуть працювати у всіх операційних системах[31].

Ця мова програмування швидка, проста у використанні та універсальна. А ще вона динамічна та об’єктно-орієнтована. Програмувати на цій мові можна в будь-якому доступному середовищі.

Висновки до розділу 2

У цьому розділі було описано роботу генетичного алгоритму, бібліотеки для роботи з цим алгоритмом, а також найпоширеніші типи нейронних мереж. Ці інструменти використовуються для діагностики захворювань шкіри.

Зокрема, CNN зазвичай використовується для визначення характерних ознак на зображеннях, таких, як форма, текстура, контур та інші, і не враховує послідовність у часі.

Генетичний алгоритм використовує три операції: селекцію, мутацію і кросинговер. Він також використовується для розпізнавання медичних зображень. Для програмування використовується мова Python.

Отже, поєднання генетичного алгоритму та нейронних мереж може забезпечити більш точну діагностику хвороб шкіри.

РОЗДІЛ 3
ПРАКТИЧНА ЧАСТИНА

3.1 Формування основних вимог до нового алгоритму

Спираючись на дані з попереднього розділу, можна сформулювати такі вимоги до алгоритму:

1. Алгоритм повинен бути навчений на великій кількості якісних фото захворювань шкіри. Для роботи було знайдено базу даних [10], що налічує понад 10000 зображень різних захворювань шкіри.
2. Алгоритм повинен поєднувати в собі генетичний алгоритм та нейронні мережі. Для цього найкраще підходить CNN. Генетичний алгоритм повинен відбирати і використовувати найкращі моделі. Комбінація генетичного алгоритму і нейронних мереж дозволить підвищити точність розпізнавання медичних зображень. Для коректного навчання моделі всі фото повинні бути розділені на три категорії: навчальні, валідаційні та тестові (метод Train-Valid-Test)[35].

Навчальна вибірка – набір даних, які використовуються для навчання моделлю, тобто для підгонки параметрів для задачі машинного навчання[35].

Валідаційна вибірка – набір даних, які надаються для надання неупередженої оцінки моделі, підігнаної до навчального набору даних під час налаштування гіперпараметрів моделі[35].

Тестова вибірка – набір даних, що надаються для забезпечення неупередженої оцінки остаточної моделі, підігнаної до навчального набору даних[35].

3. Модель алгоритму повинна мати визначену архітектуру. Модель повинна включати комбінацію генетичного алгоритму і CNN для ефективної обробки зображень шкіри. CNN використовується для виявлення характерних ознак на зображеннях, у той час як генетичний алгоритм

забезпечує обробку зображень за допомогою генерації найкращого покоління.

4. Після розробки повинна бути забезпечена оцінка ефективності алгоритму. Після навчання моделі її ефективність повинна бути перевірена за допомогою валідаційних даних та оцінена за допомогою метрик, таких як точність (precision), повнота (recall) та F1-міра.

   Для оцінки метрик використовуються такі змінні[1]:

   — TP (True Positive) – кількість правильно класифікованих позитивних зразків (у даному випадку захворювання шкіри)[1];

   — TN (True Negative) – кількість правильно класифікованих негативних зразків (здорова шкіра)[1];

   — FP (False Positive) – кількість неправильно класифікованих позитивних зразків (хибно-позитивних)[1];

   — FN (False Negative) – кількість неправильно класифікованих негативних зразків (хибно-негативних)[1].

Точність (precision) в контексті моделі визначається як відсоток коректно визначених випадків з усіх, які модель віднесла до визначеного класу (формула 3.1). Тобто це частка випадків, що дійсно належать визначеному класу відносно всіх, що модель віднесла до цього класу[1].

$$Precision = \frac{TP}{TP+FR} \tag{3.1}$$

Повнота (recall) є мірою істинно позитивних класифікацій. Вона демонструє, яку частину об’єктів, які насправді входять в позитивний клас, модель здатна правильно визначити (формула 3.2)[1]:

$$Recall = \frac{TP}{TP+FN} \tag{3.2}$$

F1-міра (F1-score) – це гармонічне середнє між точністю та повнотою. Вона забезпечує збалансовану оцінку ефективності моделі (формула 3.3)[1]:

$$F = \frac{2 \times precision \times recall}{precision + recall} \tag{3.3}$$

5. Алгоритм повинен бути експлуатаційно простим. Розроблений алгоритм повинен бути легким у використанні для лікарів і медичного персоналу. Інтерфейс користувача повинен бути зрозумілим та інтуїтивно зрозумілим, щоб спростити процес діагностики та зробити його доступним для фахівців з різним рівнем.
6. Алгоритм повинен надавати точні та достовірні результати, які відповідають дійсному стану захворювання шкіри на основі медичних зображень.
7. Алгоритм повинен бути швидким та ефективним, щоб забезпечити швидку діагностику та рішення щодо захворювання шкіри.

Загалом, очікуваний від роботи результат – точна, ефективна та надійна система, яка може допомогти у ранньому виявленні захворювань шкіри, в тому числі атопічного дерматиту, сприяючи швидкому та ефективному лікуванню.

3.2 Побудова діаграм роботи програмного забезпечення

Побудова діаграм роботи програмного забезпечення здійснюється за допомогою інструмента AllFusion Process Modeler. За його допомогою побудована контекстна діаграма IDEF0 та створена функціональна модель програмного додатку.

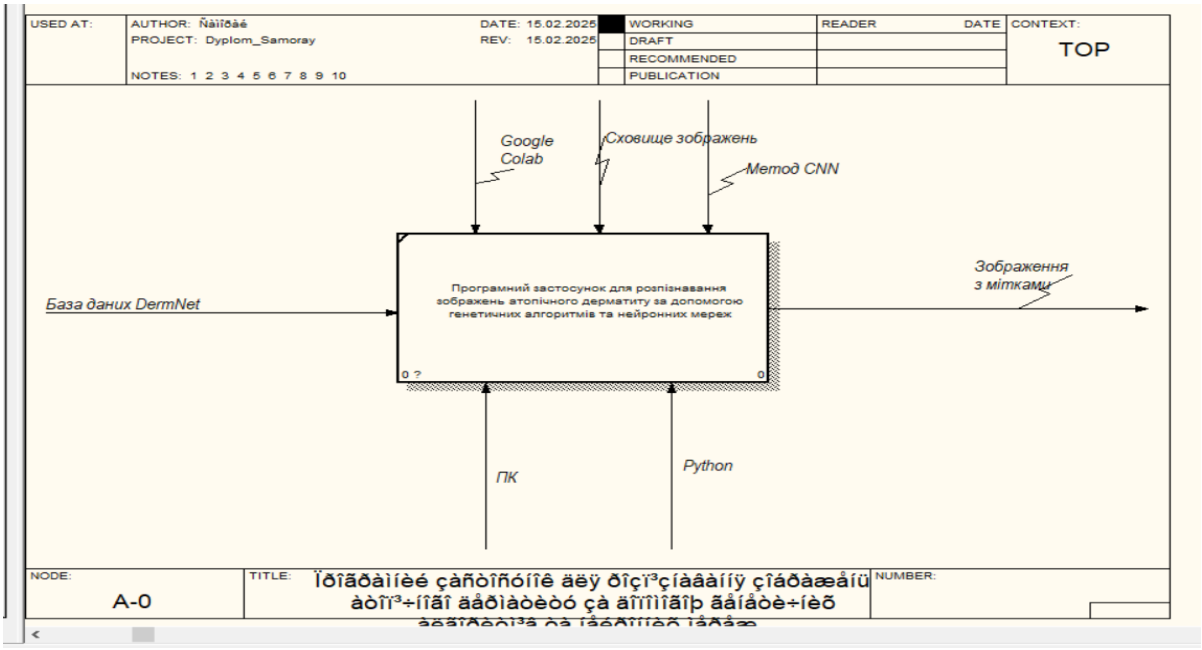


Рисунок 3.1 – Контекстна діаграма IDEF0

На вході маємо базу даних, а на виході отримуємо класифіковані зображення з мітками. На рисунку (див. рис. 3.1) вище наведені всі методи, які використовуються для розробки даного програмного застосунку.

Далі йде діаграма декомпозиції першого рівня, що відображає роботу ПП, розбиту на підпроцеси. На вхід ПП потрапляє база даних з медичними зображеннями (в даному випадку DermNet). В першу чергу йде налаштування параметрів візуалізації. Далі йде налаштування параметрів для генетичного алгоритму та нейронної мережі. Потім створюються набори для тренування та валідації моделі, в кінці модель оцінюється автоматично. Вихідними даними є зображення з мітками. Це все показано на рис. 3.2.

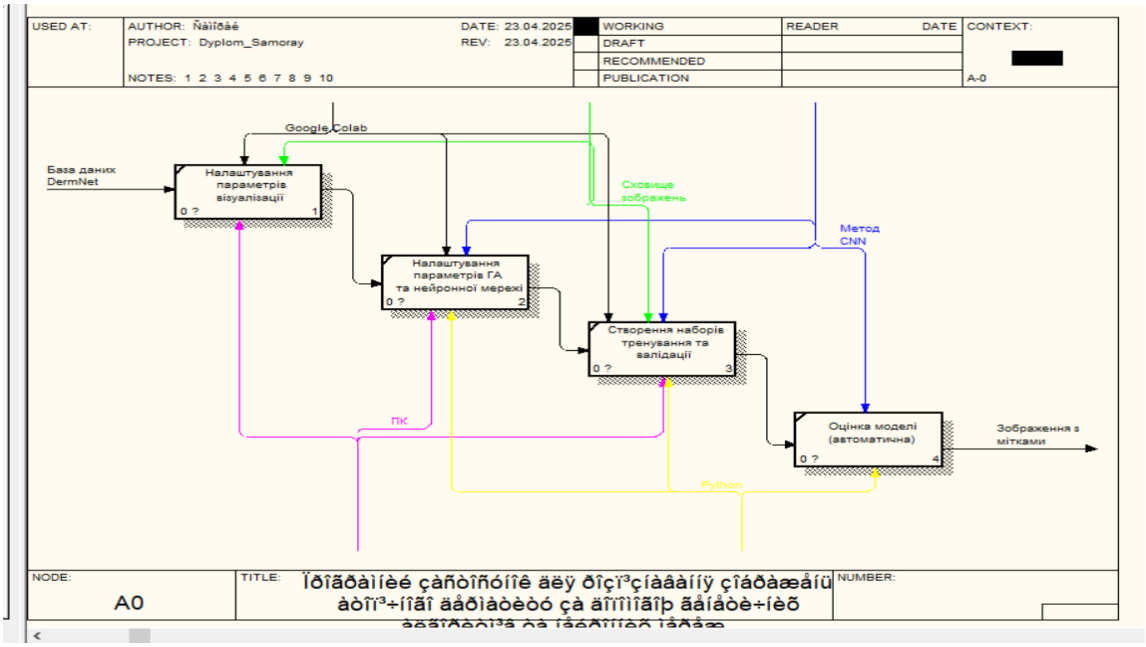


Рисунок 3.2 – Основні етапи роботи програмного забезпечення

Наведені вище діаграми показують основні етапи розробки програмного забезпечення та логіку його роботи.

3.3 Підбір методів для розв’язання завдання

Даний алгоритм поєднує в собі ознаки генетичного алгоритму та нейронних мереж. Модель взято з існуючого програмного забезпечення та налаштовано під свою задачу. Згорткова нейронна мережа тут є головним інструментом та використовується для розпізнавання та обробки зображень, а також використовує мітки. Мітки необхідні для правильного розпізнавання того чи іншого зображення та позначення його категорії. Це важливо для медичної сфери, щоб правильно визначити діагноз.

Тут використовується функція активації ReLU (Rectified Linear Unit). Функція активації, яка повертає вхід, якщо він позитивний, і 0, якщо він негативний: f(x)=max(0,x)[46].

Ще одна функція активації – це функція Softmax.

Softmax – це активаційна функція, яка часто використовується в нейронних мережах для задач класифікації декількох класів. Вона перетворює набір вхідних чисел у набір чисел у діапазоні від 0 до 1, які в сумі дають 1[46]. Формула Softmax для вектора $z=[z_1, z_2, \ldots, z_k]$[46]:

$$\sigma(z)_j = \frac{e^{z_j}}{\sum_{i=1}^{k} e^{z_i}} \tag{3.4}$$

де: $\sigma(z)_j$ – результат softmax для j-го компонента вектора[46];
e – основа натурального логарифму[46].

Функції активації дозволяють прискорити обчислення в нейронних мережах, а також підвищити продуктивність.

Мережа CNN використовує операцію «згортка», що означає скалярний добуток ваг і вхідних даних. Так звана згортка, описана під час використання нейронних мереж, насправді є взаємною кореляцією.

TensorFlow – це найпопулярніший інструмент глибокого навчання, який має широке застосування в багатьох галузях, в тому числі і в медицині. Ця бібліотека є API низького рівня, призначеним для виконання операцій з тензорами.

Keras – це бібліотека нейронної мережі з відкритим вихідним кодом, високорівнева оболонка API для низькорівневого API, здатна працювати поверх TensorFlow, CNTK або Theano[47]. Вона проста у використанні, підходить для створення невеликої мережі, а також широко застосовується в різних галузях.

3.4 Розробка моделі

Модель використовує згорткову нейронну мережу (CNN) та генетичний алгоритм для рішення задачі розпізнавання зображень. Їх поєднання дозволяє зекономити пам’ять та час виконання алгоритму, а також досягти високої точності навчання. Основним блоком є блок CNN, а додатковим – генетичний

алгоритм. В даному випадку генетичний алгоритм доповнює та оптимізує роботу нейронної мережі.

Для навчання використовуються дані з бази DermNet у вигляді зображень. Ця база має понад 100 колекцій зображень, серед них використовуються три з зображеннями двох захворювань. Колекція зображень атопічного дерматиту містить 89 зображень, серед них використовуються 61, інша того самого захворювання – 11 зображень, серед них використовуються всі, а колекція базальноклітинної карциноми – майже 100 і серед них використовуються 93 зображення. Усі зображення мають розмір 640x480 пікселів, перебувають у горизонтальному положенні. Там використовується колірна схема RGB (основні кольори: червоний, зелений, синій).

Ця модель використовує дві функції активації: ReLU та Softmax.

Модель Sequential є послідовною моделлю (рис. 3.3), далі вона використовує згорткову нейронну мережу, максимальний пулінг та функцію активації ReLU.

```
#old_own
model = Sequential()
model.add(Conv2D(64, (3, 3), input_shape=input_shape))
model.add(Conv2D(64, (3, 3)))
model.add(Activation('relu'))
```

Рисунок 3.3 – Модель згорткової нейронної мережі

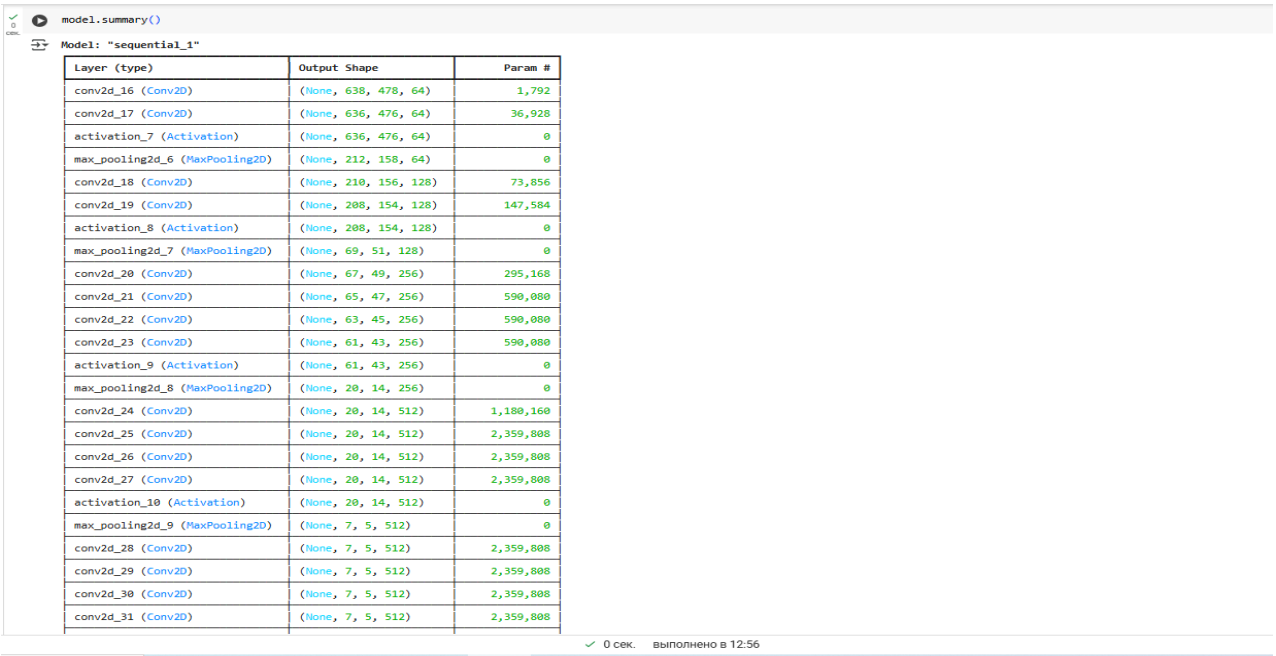
У програмі використовуються 5 основних функцій. Вони представлені в табл. 3.1.

Таблиця 3.1

Опис функцій програми

№ пункту	Назва функції	Призначення
1	ImageDataGenerator	Генерує зображення
2	flow_from_directory	Зчитує дані з папки
3	compile	Компілює модель
4	fit	Передає дані навчання та перевірки у модель
5	evaluate	Оцінює модель за допомогою тестових даних

Повний вивід моделі відбувається за допомогою функції model.summary (див. рис. 3.4).



```
model.summary()
```

Model: "sequential_1"

Layer (type)	Output Shape	Param #
conv2d_16 (Conv2D)	(None, 638, 478, 64)	1,792
conv2d_17 (Conv2D)	(None, 636, 476, 64)	36,928
activation_7 (Activation)	(None, 636, 476, 64)	0
max_pooling2d_6 (MaxPooling2D)	(None, 212, 158, 64)	0
conv2d_18 (Conv2D)	(None, 210, 156, 128)	73,856
conv2d_19 (Conv2D)	(None, 208, 154, 128)	147,584
activation_8 (Activation)	(None, 208, 154, 128)	0
max_pooling2d_7 (MaxPooling2D)	(None, 69, 51, 128)	0
conv2d_20 (Conv2D)	(None, 67, 49, 256)	295,168
conv2d_21 (Conv2D)	(None, 65, 47, 256)	590,080
conv2d_22 (Conv2D)	(None, 63, 45, 256)	590,080
conv2d_23 (Conv2D)	(None, 61, 43, 256)	590,080
activation_9 (Activation)	(None, 61, 43, 256)	0
max_pooling2d_8 (MaxPooling2D)	(None, 20, 14, 256)	0
conv2d_24 (Conv2D)	(None, 20, 14, 512)	1,180,160
conv2d_25 (Conv2D)	(None, 20, 14, 512)	2,359,808
conv2d_26 (Conv2D)	(None, 20, 14, 512)	2,359,808
conv2d_27 (Conv2D)	(None, 20, 14, 512)	2,359,808
activation_10 (Activation)	(None, 20, 14, 512)	0
max_pooling2d_9 (MaxPooling2D)	(None, 7, 5, 512)	0
conv2d_28 (Conv2D)	(None, 7, 5, 512)	2,359,808
conv2d_29 (Conv2D)	(None, 7, 5, 512)	2,359,808
conv2d_30 (Conv2D)	(None, 7, 5, 512)	2,359,808
conv2d_31 (Conv2D)	(None, 7, 5, 512)	2,359,808

0 сек. выполнено в 12:56

Рисунок 3.4 – Підсумок моделі

Шлях, у якому зберігається модель, записаний у функції model.save. Детальніше показано на рис. 3.5.

```
#model.save('testsave12'+str(epochs)+'.h5')
model.save('save_own_dataaug6'+str(epochs)+'-vgg_like.h5')
label_map=(train_generator.class_indices)
print(label_map)
```

```
WARNING:absl:You are saving your model as an HDF5 file via `model.save()` or `keras.saving.save_model(model)`. This file format is considered leg
{'.ipynb_checkpoints': 0, 'class1': 1, 'class2': 2}
```

Рисунок 3.5 – Шлях збереження моделі

Дані моделі зберігаються як індекси в змінній label_map, що означає збереження міток у вигляді карти. Функція присвоює класу 1, що позначає атопічний дерматит, мітку 1, клас 2 позначає базальноклітинну карциному та отримує мітку 2, а мітку 0 має клас перевірки (checkpoints).

3.5 Реалізація алгоритму

Цей додаток розробляється на мові Python, оскільки вона легка для вивчення, має широкий спектр застосування і дуже зручна для розробки графічного інтерфейсу.

Даний програмний продукт використовує генетичний алгоритм та згорткову нейронну мережу для більш ефективного розпізнавання зображень. Тут використовується багато параметрів для налаштування моделі. Напрямок, у якому застосовується цей програмний продукт, – це медицина.

Нейронні мережі є головним інструментом у цій програмі, а генетичний алгоритм – допоміжним. Поєднання цих двох підходів підвищує ефективність роботи програми і скорочує час обчислень.

Для досягнення високої точності модель навчається не тільки на зображеннях атопічного дерматиту, але й на зображеннях інших захворювань шкіри. Для їх розпізнавання використовуються мітки, що дозволяють виділити ознаки. Вони дозволяють впорядкувати дані та полегшують їх розпізнавання. Дані розділені на три вибірки: навчальну, тренувальну та валідаційну.

Спочатку відбувається імпорт усіх необхідних бібліотек (див. рис. 3.6). Для роботи з програмним забезпеченням використовується бібліотека TensorFlow, що призначена для роботи з даними. Вона застосовується в багатьох галузях, в тому числі і медицині.

```
#Імпорт усіх необхідних бібліотек
import tensorflow as tf
from tensorflow import keras
from tensorflow.keras.preprocessing.image import ImageDataGenerator
from tensorflow.keras.models import Sequential
from tensorflow.keras.layers import Conv2D, MaxPooling2D,ZeroPadding2D,Convolution2D
from tensorflow.keras.layers import Activation, Dropout, Flatten, Dense
from tensorflow.keras import optimizers
from tensorflow.keras import models
from tensorflow.keras.applications import VGG16
from tensorflow.keras.preprocessing import image
from tensorflow.keras.models import Model, Sequential
from tensorflow.keras.layers import Dense, Flatten, Dropout
from tensorflow.keras import backend as K
from tensorflow.keras.preprocessing.image import ImageDataGenerator
from tensorflow.keras.layers import Input
from tensorflow.keras.callbacks import ModelCheckpoint, EarlyStopping
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
```

Рисунок 3.6 – Імпорт необхідних бібліотек

Метод ImageDataGenerator генерує зображення, Conv2D використовує двовимірну згортку, оскільки йде робота з зображеннями. MaxPooling2D використовує механізм уваги для виділення найважливіших характеристик зображення. EarlyStopping визначає критерій ранньої зупинки.

Зображення з кожної вибірки завантажується з окремої папки: для тренувальної вибірки використовується папка train_dir, для валідаційної – val_dir, а для тестувальної – test_dir. У всіх трьох вибірках розміри зображення дорівнюють 640x480 пікселів (рис. 3.7).

```
# Каталог з даними для навчання
train_dir = '/content/nn/train/'
# Каталог з даними для перевірки
val_dir = '/content/nn/val/'
# Каталог з даними для тестування
test_dir = '/content/nn/test/'
# Розміри зображення
img_width, img_height = 640, 480
```

Рисунок 3.7 – Шляхи завантаження зображень та розміри зображення

Для налаштування розміру зображень були використані змінні img_width та img_height.

В цій моделі 15 епох, розмір міні-вибірки дорівнює 8, розмірність тензора input_shape записано у вигляді (img_width, img_height, 3). Кількість каналів на зображенні 3 (див. рис. 3.8).

```
# Розмірність тензора на основі зображення для вхідних даних у нейронну мережу
# backend Tensorflow, channels_last
input_shape = (img_width, img_height, 3)
# Кількість епох
epochs = 15
# Розмір міні-вибірки
batch_size = 8
```

Рисунок 3.8 – Розмірність тензора, кількість епох та розмір міні-вибірки

Створено каталоги з підкаталогами, що позначають два класи. Підкаталог atopic_dermatitis означає клас зображень атопічного дерматиту, а bcc – клас зображень базальноклітинної карциноми. Детально каталоги та їхній вміст показано на рис. 3.9.

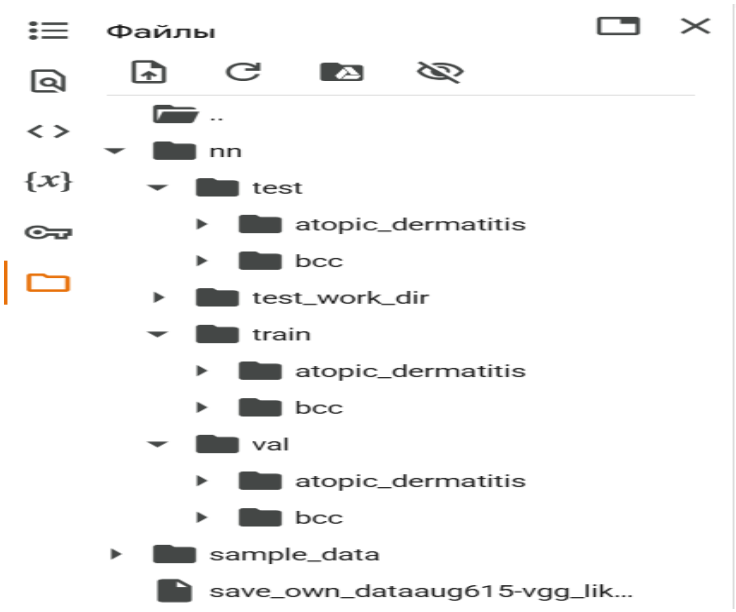


Рисунок 3.9 – Створені каталоги з підкаталогами

За допомогою параметрів функції ImageDataGenerator проведено аугментацію (розширення) даних. Результат роботи генераторів зображений на рис. 3.10. Вони показують, скільки зображень знайдено в кожній директорії і до яких класів вони належать.

```
Found 96 images belonging to 3 classes.
Found 45 images belonging to 3 classes.
Found 24 images belonging to 3 classes.
```

Рисунок 3.10 – Результат пошуку зображень у директоріях

У тренувальну вибірку входять 96 зображень, що належать до 3 класів, у валідаційну – 45 зображень, а в тестувальну – 24 зображення.

Далі показано шари моделі. Один з фрагментів наведений на рис. 3.11, де Flatten означає зменшення розмірності тензора, Dropout(0.4) – рівень вилучення 40%, Dense – щільність шару, Activation – функція активації.

```
[7]  model.add(MaxPooling2D(pool_size=(3, 3),padding='same'))
     model.add(Dense(4096))
     model.add(Flatten())
     model.add(Dense(1000))
     model.add(Activation('relu'))
     model.add(Dropout(0.4))
     model.add(Dense(3))
     model.add(Activation('softmax'))
```

Рисунок 3.11 – Шари моделі (фрагмент)

Усі шари показано на рис. 3.12.

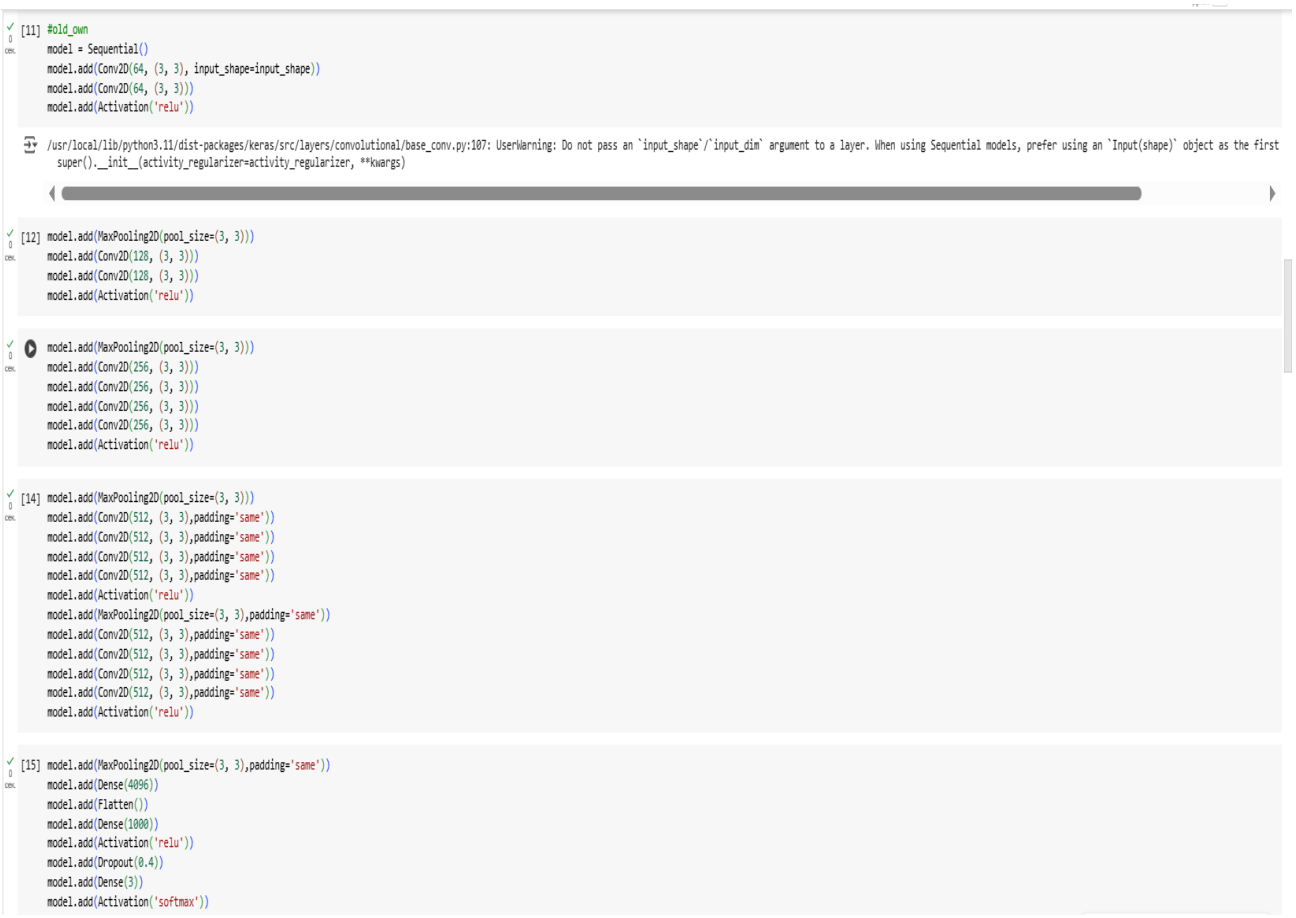


Рисунок 3.12 – Шари моделі

Модель навчається на тренувальних та валідаційних даних. Результат її роботи показаний на рис. 3.13.

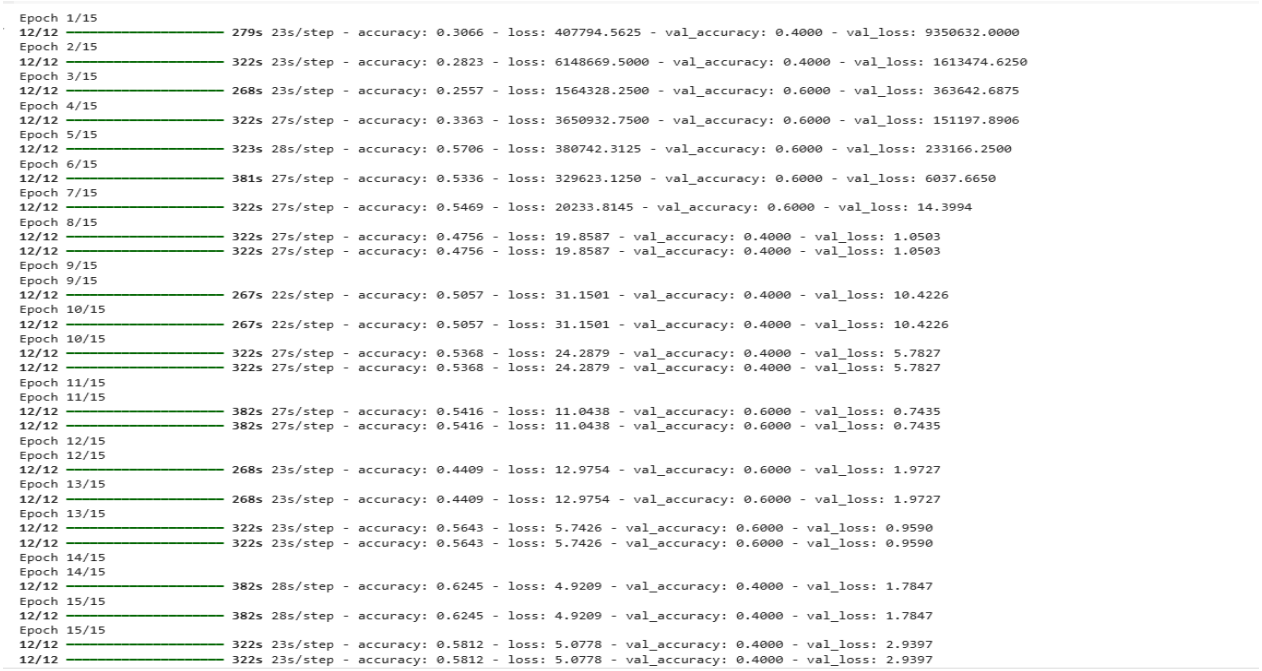


Рисунок 3.13 – Результат навчання моделі на 15 епохах

Модель оцінюється на тестових даних за допомогою функції evaluate. Ці оцінки виводяться у вигляді scores та відображають точність моделі на тестовій вибірці (див. рис 3.14).

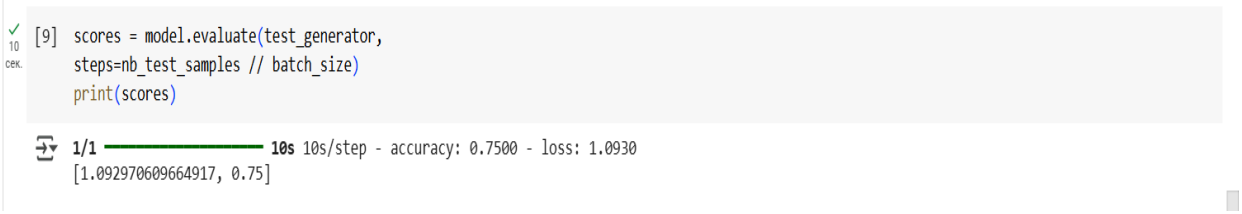


Рисунок 3.14 – Оцінка моделі на тестових даних

Створена додаткова папка test_work_dir для позначення робочої тестової вибірки, що містить також 10 зображень. Функція work_generator призначена для практичної перевірки моделі (див. рис. 3.15).

Рисунок 3.15 – Створення додаткової папки та практична перевірка моделі

Модель зберігається у форматі .h5 у сесійному сховищі. На рис. 3.16 показаний шлях її збереження.

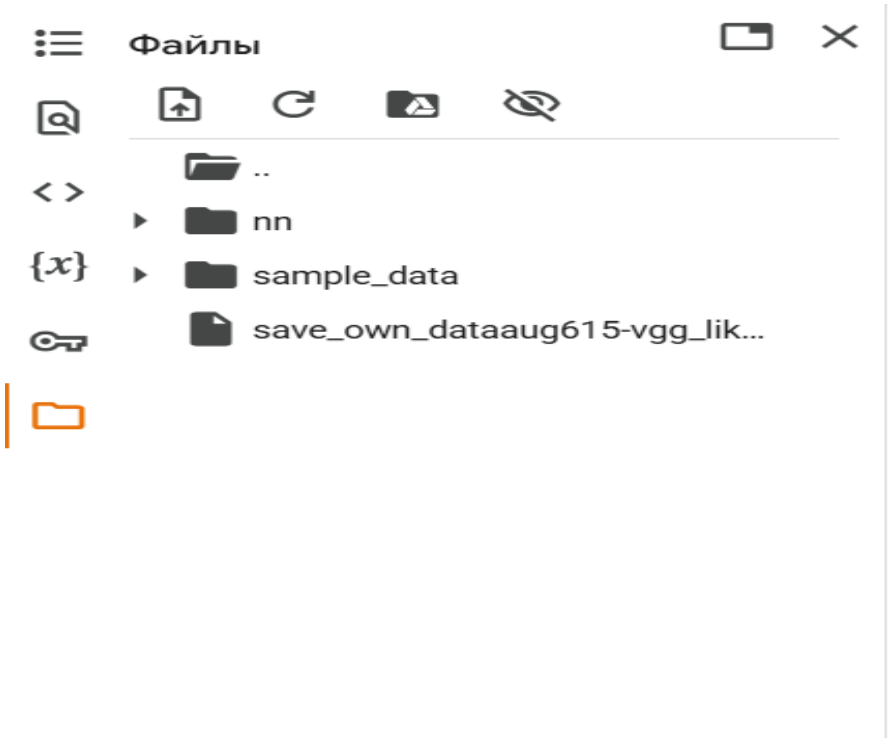


Рисунок 3.16 – Збережена модель

Для візуалізації зміни втрат та точності моделі під час навчання побудовані графіки для валідаційної та тестувальної вибірок. Вони показують результат тренування моделі.

Для побудови графіків точності та втрат написані дві окремі функції: plot_hist для графіка точності моделі, а для графіка втрат – plot_loss.

Для навчання використовується оптимізатор Adam зі швидкістю навчання learning_rate=0,001 (10^{-3}).З кожним кроком точність на тренувальній та валідаційній вибірках зростає, а втрати зменшуються. Графіки показані на рис. 3.17-3.18.

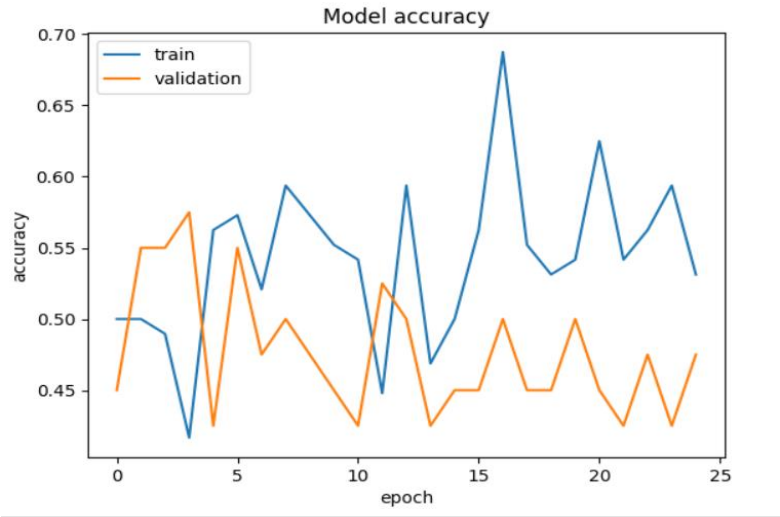


Рисунок 3.17 – Графік точності моделі

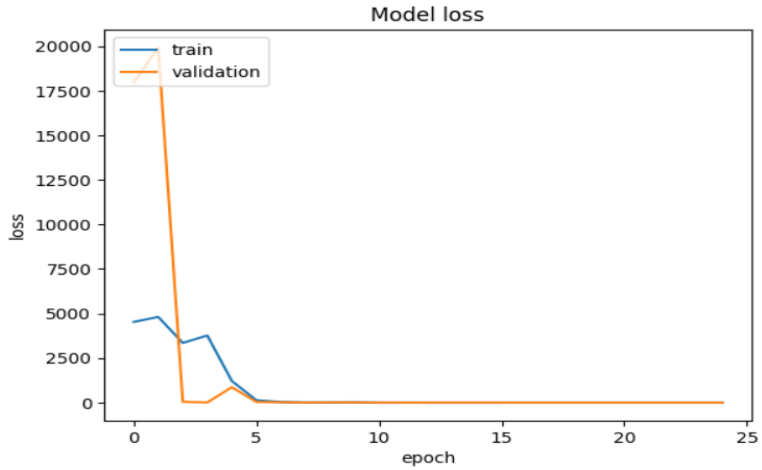


Рисунок 3.18 – Графік втрат моделі

Втрати моделі на першому кроці великі як на тренувальній, так і на валідаційній вибірці, далі з кожною епохою зменшуються. Максимальна точність на тренувальній вибірці складає 60%, а на валідаційній – також 60%.

Генетичний алгоритм у цій програмі використовується для налаштування архітектури і параметрів CNN.

Перевагами розробленої моделі є забезпечення достатньої точності на тренувальній вибірці (83%), можливість працювати на невеликій вибірці даних і класифікувати зображення. Основний недолік моделі полягає в тому, що вона має недостатню точність для валідаційної вибірки (50%). Ще один

недолік – повільна швидкість роботи (понад 1 год).

Матриця плутанини (confusion_matrix) показує, наскільки правильно модель визначила належність об’єктів до того чи іншого класу. Значення на діагоналі вказують кількість правильно класифікованих об’єктів, і що воно більше, то краще. Значення матриці поза діагоналлю вказують на помилки.

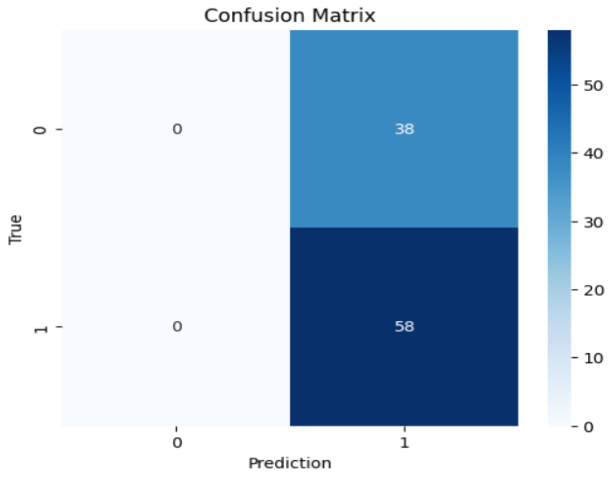


Рисунок 3.19 – Матриця помилок для тренувальної вибірки

На рис. 3.19 вказано, що модель правильно віднесла до класу 1 усі 58 зображень базальноклітинної карциноми, решта зображень належить до класу 0 та визначена неправильно як клас 1. Це відображає матриця помилок для тренувальної вибірки. На рис. 3.20 бачимо матрицю помилок для валідаційних даних. Модель правильно визначила 21 зображення базальноклітинної карциноми до класу 1, а всі зображення атопічного дерматиту помилково віднесла до класу 1.

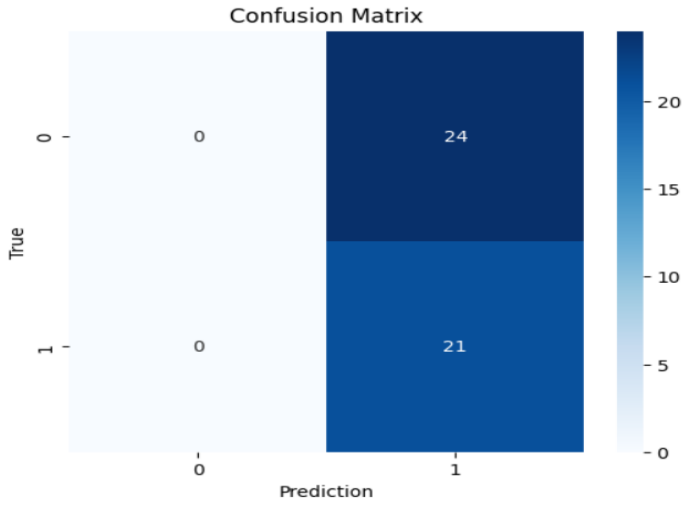


Рис. 3.20 – Матриця помилок для валідаційної вибірки

Метрики оцінюють якість моделі. Точність (precision) виявляє відсоток правильно класифікованих об’єктів з тих, що модель віднесла до даного класу. Повнота означає частку істинно позитивних зразків, а f1-score – гармонічне середнє між точністю та повнотою. Ці всі показники вказані на рис. 3.21. Точність моделі складає 58%. Точність для класу 1 складає 25%, а для класу 2 – 60%. Повнота для класу 1 дорівнює 3%, а для класу 2 – 95%, значення F1-міри для класу 1 і класу 2 складає відповідно 5% і 73%.

	precision	recall	f1-score	support
1	0.25	0.03	0.05	38
2	0.60	0.95	0.73	58
accuracy			0.58	96
macro avg	0.42	0.49	0.39	96
weighted avg	0.46	0.58	0.46	96

Рисунок 3.21 – Метрики для оцінки якості моделі на тренувальній вибірці

Далі наведено метрики для оцінки якості моделі на валідаційній вибірці. Точність моделі складає 49% (рис. 3.22). Точність для класу 1 складає 100%, а для другого – 48%. Повнота для класу 1 становить 4%, а для класу 2 – 100%, значення F1-міри дорівнює 8% і 65% відповідно.

	precision	recall	f1-score	support
1	1.00	0.04	0.08	24
2	0.48	1.00	0.65	21
accuracy			0.49	45
macro avg	0.74	0.52	0.36	45
weighted avg	0.76	0.49	0.34	45

Рисунок 3.22 – Метрики для оцінки якості моделі на валідаційній вибірці

Як видно з рисунків, модель краще справляється з класом 2, тобто з базальноклітинною карциномою, тому її краще застосовувати для діагностики новоутворень шкіри, в тому числі злоякісних.

Повний код алгоритму наведений в окремому файлі, а посилання на нього – в додатку А.

3.6 Тестування алгоритму

Цей підрозділ містить приклади, на яких тестується модель. Вони вибрані з реальної медичної бази даних. Для кращих результатів доцільно розділити набір даних на навчальну, тестувальну та валідаційну вибірки. Так можна уникнути перенавчання моделі та досягти кращих результатів.

Для тестування було завантажено 72 зображення атопічного дерматиту та 93 зображення базальноклітинної карциноми. Серед них 24 зображення належать до тестувальної вибірки, 96 – до навчальної і 45 належать до валідаційної.

На рис. 3.23 показано одне з зображень тестової вибірки. Це один з прикладів тестових зображень. Тут зображено ознаки атопічного дерматиту на руках, що характеризуються червоними плямами і лущенням шкіри.

Рисунок 3.23 – Приклад зображення з тестової вибірки (атопічний дерматит)[11]

Приклад зображення з тренувальної вибірки показаний на рис. 3.24. Це зображення базальноклітинної карциноми, синьо-сірого ураження з коричневими вкрапленнями на світлій шкірі.

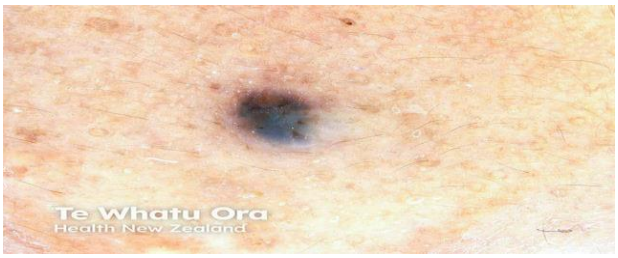


Рисунок 3.24 – Приклад зображення з тренувальної вибірки (базальноклітинна карцинома)[11]

До валідаційної вибірки належить зображення, як на рис. 3.25. Тут так само, як і на рис. 3.23, зображені ознаки атопічного дерматиту, але тут присутнє лущення шкіри пальців без почервоніння.

Рисунок 3.25 – Приклад зображення з валідаційної вибірки (атопічний дерматит)[11]

На вхід подається зображення, а на виході отримуємо мітки, тобто клас, до якого модель віднесла це зображення. Помилки у визначенні міток показує так звана матриця помилок. Продемонструємо це на тренувальній вибірці.

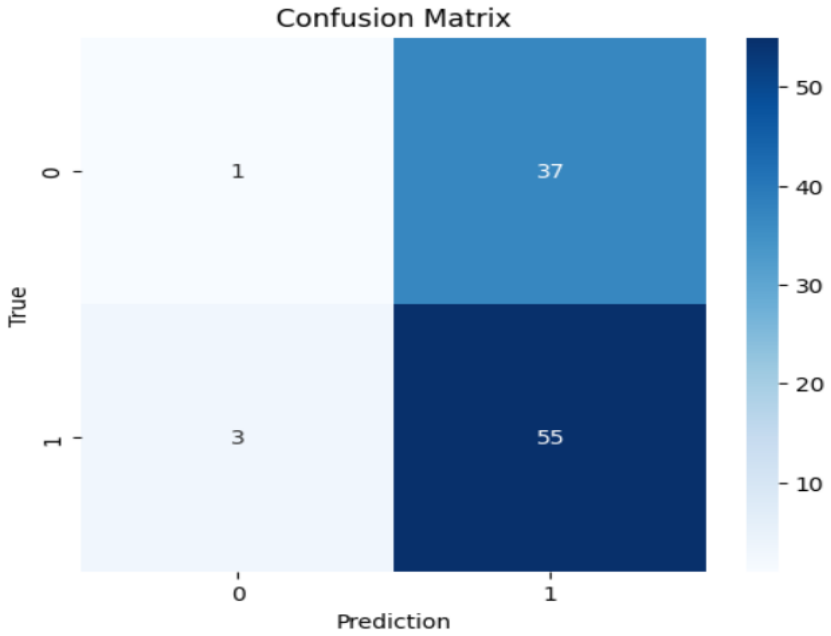


Рисунок 3.26 – Приклад матриці помилок для тренувального набору даних

На рис. 3.26 показано, що серед 58 зображень базальноклітинної карциноми (клас 1) правильно класифіковано 55 зображень, 3 помилково віднесені до класу 0. Серед 38 зображень атопічного дерматиту 1 зображення класифіковане правильно (належить до класу 0), а решта – помилково віднесені до класу 1. Модель краще класифікує злоякісні новоутворення шкіри, про що свідчить висока точність на цих даних. На зображеннях атопічного дерматиту результати гірші, що означає низьку точність та якість моделі на цих даних. Для покращення результатів можемо замінити зображення на зображення інших захворювань шкіри, наприклад, меланому чи дерматофіброму. Точність на цих даних складе не менше 80%.

Я експериментувала з кількістю епох. Наведені вище результати навчання моделі показані для 15 епох. На рис. 3.27 показані результати для 25 епох навчання.

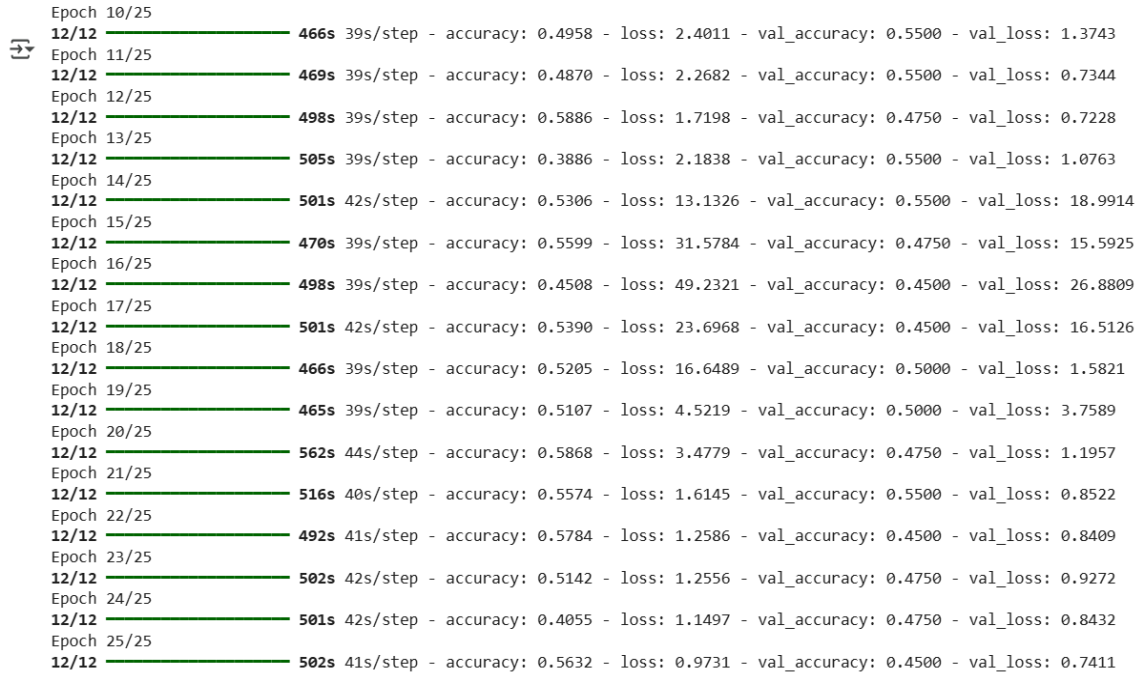


Рисунок 3.27 – Результат навчання моделі на 25 епохах

Переваги моєї моделі полягають у тому, що вона швидше працює на невеликих наборах даних, демонструє високу точність на зображеннях базальноклітинної карциноми (60% і більше), має високу повноту (95%) на цих даних, може працювати з різними класами зображень. Недоліками є низька швидкість роботи (може займати більше 2 год), недостатня точність на валідаційній вибірці, а також те, що модель погано розпізнає ознаки атопічного дерматиту.

3.7 Розрахунок економічного ефекту

Метою даного розділу було вивчення програмного продукту, який призначений для використання згорткової нейронної мережі для розпізнавання зображень захворювань шкіри, в тому числі атопічного дерматиту.

Після ідентифікації основних функцій програмного продукту була створена морфологічна карта, яка представлена на рис. 3.28.

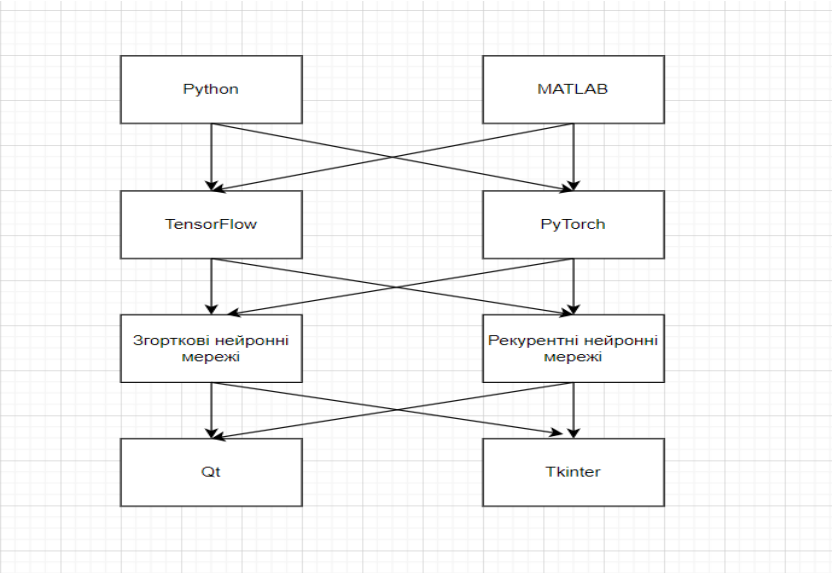


Рисунок 3.28 – Морфологічна карта

Далі було розглянуто та порівняно різні варіанти реалізації поставленої задачі, а також проведено аналіз для вибору оптимального рішення, зважаючи на характеристики програмного продукту та економічні фактори. Для цього було використано функціонально-вартісний аналіз з метою вибору найкращого рішення[40].

Було визначено чотири варіанти реалізації продукту, з яких найбільш ефективним виявився другий варіант, що передбачає використання мови програмування Python, фреймворку TensorFlow для роботи зі згортковими нейронними мережами та графічного інтерфейсу на базі Tkinter. Витрати на його реалізацію складають 487754.23 грн.

Повний варіант наведено у звіті з практики.

3.8 Безпека життєдіяльності та охорона праці

Головною метою цього розділу є виявлення та оцінка можливих ризиків та шкідливих виробничих факторів, які можуть виникнути на робочих місцях під час тестування програмного забезпечення[40].

У рамках переддипломної практики було розроблено план приміщення для кабінету лікаря-дерматовенеролога (рис. 3.28). Також були проаналізовані потенційні небезпеки, пов’язані з цим приміщенням.

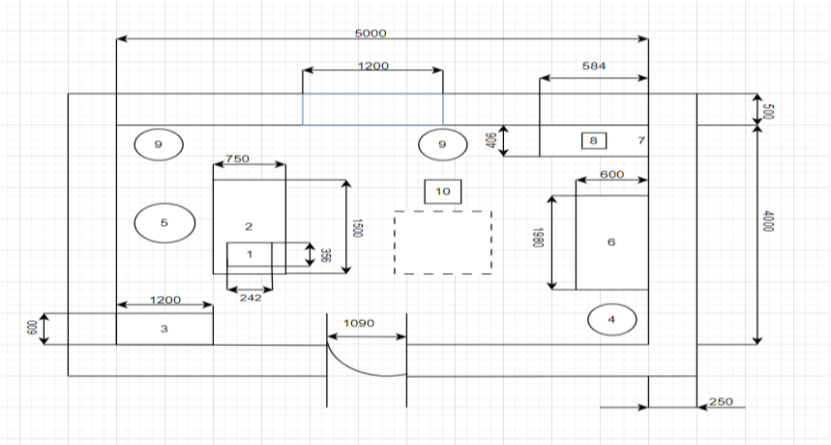


Рисунок 3.28 – Схема медичного кабінету

В ході виконання розділу з охорони праці було визначено та оцінено найбільш небезпечні фактори, які були присутні на робочому місці – кабінеті лікаря-дерматовенеролога. Під час дослідження були виявлені та оцінені основні фактори ризику: мікроклімат, біологічна, пожежна та електрична небезпеки. Також були досліджені можливі причини цих небезпек і прийняті відповідні заходи для їх усунення[40].

В результаті цих заходів було забезпечено дотримання правил з вищенаведених небезпек. Таким чином, були вжиті необхідні засоби для зменшення ризиків та забезпечення безпечних умов праці в кабінеті дерматовенеролога[40].

Повний варіант наведено у звіті з практики.

Висновки до розділу 3

У цьому розділі розроблено програму для розпізнавання зображень атопічного дерматиту. Вона призначена для розпізнавання зображень захворювань шкіри і призначення міток для них. Тут використовується мова програмування Python. Описано шляхи завантаження зображень, створено тренувальну, навчальну і валідаційну вибірки, проведено оцінку точності моделі з використанням згорткової нейронної мережі і генетичного алгоритму.

На графіках показано втрати та точність на тренувальній та валідаційній вибірках. Програма розпізнає зображення та класифікує їх. Модель краще класифікує зображення новоутворень шкіри, про що свідчать метрики та показники точності. Тут можливе використання генетичного алгоритму, але дана модель чудово працює і без нього.

Головним інструментом є нейронна мережа CNN, що реалізується за допомогою бібліотек TensorFlow і Keras. Генетичний алгоритм є допоміжним і не обов’язковим інструментом.

Отримані такі результати: точність на тренувальній вибірці складає 58%, а на валідаційній – 47%. Середнє значення F1-score для тренувальної вибірки дорівнює 39%, а для валідаційної – 36%, зважене середнє має значення відповідно 46% і 34%.

Також було проведено функціонально-вартісний аналіз програмного забезпечення та проведено економічний аналіз варіантів розробки. Кращим виявився другий з заробітною платою 487754,23 грн.

Розглянуто план медичного кабінету для діагностики захворювань шкіри. Проаналізовано й оцінено основні фактори ризику: пожежна небезпека, електронебезпека, мікроклімат та біологічні фактори. Приміщення в основному відповідає вимогам.

Всі вимоги до алгоритму виконано.

ЗАГАЛЬНІ ВИСНОВКИ

Результати роботи

У даній роботі було досліджено проблему розпізнавання зображень атопічного дерматиту за допомогою генетичного алгоритму та нейронних мереж. Розглянуто теоретичні аспекти виявлення атопічного дерматиту, а також принцип роботи генетичного алгоритму та нейронних мереж. Проаналізовано підходи до використання згорткових нейронних мереж для діагностики захворювань шкіри.

У практичній частині розроблено програму на основі CNN з використанням бібліотек TensorFlow і Keras для розпізнавання зображень шкірних захворювань. Досягнуто точності класифікації 58% на тестовому наборі даних після 25 епох навчання, що відповідає мінімальній точності. Також додано метрики для оцінки ефективності моделі.

Дана програма може бути використана для розпізнавання новоутворень шкіри (як доброякісних, так і злоякісних), де вона буде давати високу точність. Саме на цих даних модель дає найкращі результати.

Подальший розвиток цієї технології потребуватиме використання більш якісних навчальних даних, поглибленої валідації результатів, підвищення точності, а також вдосконалення методів інтерпретації та пояснення прогнозів моделі для забезпечення довіри з боку фахівців та користувачів.

Висновки

Дослідження демонструє перспективність застосування згорткових нейронних мереж для розпізнавання зображень атопічного дерматиту та інших захворювань шкіри. Такі системи потенційно можуть знайти застосування у сфері дерматології як допоміжний інструмент для швидкої діагностики захворювань шкіри та використання персоналізованого підходу до підбору лікування.

СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ

1. Agrawal S. How to split data into three sets (train, validation, and test) And why? [Електронний ресурс] / Samarth Agrawal. – 2021. Режим доступу до ресурсу: https://arxiv.org/abs/1803.10417
2. Aivaliotis-Apostolopoulos P., Loukidis D. Swarming genetic algorithm: A nested fully coupled hybrid of genetic algorithm and particle swarm optimization. PLOS ONE. 2022. 17(9), e0275094. DOI: https://doi.org/10.1371/journal.pone.0275094.
3. Albelwi S. A Framework for Designing the Architectures of Deep Convolutional Neural Networks [Електронний ресурс] / S. Albelwi, A. Mahmood. – 2017. – Режим доступу до ресурсу: https://www.mdpi.com/1099-4300/19/6/242.
4. Brownlee J. How Do Convolutional Layers Work in Deep Learning Neural Networks? [Електронний ресурс] / Jason Brownlee // Deep Learning for Computer Vision. – 2019. – Режим доступу до ресурсу: https://machinelearningmastery.com/convolutional-layers-for-deep-learning-neural-networks/.
5. Bui T. S., Turney K. C., Moresi J. M., Jampel R. M. Upadacitinib unmasks cutaneous T-cell lymphoma in atopic dermatitis. JAAD Case Reports. 2024. 52, 88–90. DOI: https://doi.org/10.1016/j.jdcr.2024.07.031.
6. Cassagne M., Galiacy S., Kychygina A., et al. Superficial Conjunctival Cells from Dupilumab-Treated Patients with Atopic Dermatitis with Ocular Adverse Events Display a Transcriptomic Psoriasis Signature. Journal of Investigative Dermatology. 2024 Sep 19. 1-16. DOI: https://doi.org/10.1016/j.jid.2024.08.024.
7. Castella C., Kinkel K., Descombes F., et al. Mammographic texture synthesis: second-generation clustered lumpy backgrounds using a genetic algorithm. Optics Express. 2008. 16(11), 7595. DOI: https://doi.org/10.1364/oe.16.007595.
8. Čelakovská J., Čermákova E., Andrýs C., Boudkova P., Krejsek J. Sensitization to latex and food allergens in atopic dermatitis patients according to ALEX2 Allergy Xplorer test. Molecular Immunology. 2024. 175, 89–102. DOI: https://doi.org/10.1016/j.molimm.2024.09.002.
9. Chaiyabutr C., Dawe R., Lesar A., Ibbotson S. H. Continuum of light sensitivity in atopic dermatitis: A retrospective analysis of 139 cases in Scotland. Journal of the American Academy of Dermatology. 2024. 91(6), 1086–1093. DOI: https://doi.org/10.1016/j.jaad.2024.07.1502.
10. DEAP Documentation [Електронний ресурс] – Режим доступу до ресурсу: https://deap.readthedocs.io/en/master/.

11. DermNet [Електронний ресурс] – Режим доступу до ресурсу: https://dermnetnz.org/.
12. Fardos M., Cheedalla N., Watson A. R., Esguerra D. Tapinarof in Atopic Dermatitis: A Comprehensive Scoping Review of Clinical Efficacy and Safety. JAAD Reviews. 2024 December 10. 1-25. DOI: https://doi.org/10.1016/j.jdrv.2024.12.001.
13. Fonseca G., Reddy S., Mayo T. Prolonged hypereosinophilia associated with dupilumab for atopic dermatitis: A case series and review of literature. JAAD Case Reports. 2024. 53, 160–162. DOI: https://doi.org/10.1016/j.jdcr.2024.08.003.
14. Ghaheri A., Shoar S., Naderan M., Hoseini S. S. The Applications of Genetic Algorithms in Medicine [Електронний ресурс]// Oman Medical Journal. – 2015. 30(6), 406–416. Режим доступу до ресурсу: https://doi.org/10.5001/omj.2015.82.
15. Hackenberger B. K. Genetics without genes: application of genetic algorithms in medicine. Croatian Medical Journal. 2019. 60(2), 177–180. DOI: https://doi.org/10.3325/cmj.2019.60.177.
16. Handbook of genetic algorithms [Електронний ресурс]//Elsevier. – 1998. – Режим доступу до ресурсу: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0004370298000162.
17. Huang T., Yin H., Huang X. Improved genetic algorithm for multi-threshold optimization in digital pathology image segmentation. Scientific Reports. 2024. 14(1). DOI: https://doi.org/10.1038/s41598-024-73335-6.
18. Intelligence and Neuroscience, C. Retracted: A Prediction Model Analysis of Behavior Recognition Based on Genetic Algorithm and Neural Network. Computational Intelligence and Neuroscience. 2023. 2023(1). Portico. DOI: https://doi.org/10.1155/2023/9840187.
19. Jantschi L., Bolboaca S. D., Sestras R. E. Recording Evolution Supervised by a Genetic Algorithm for Quantitative Structure-Activity Relationship Optimization. Applied Medical Informatics. 2010. 26(2), 89-100.
20. Jwalapuram N. A Gentle Introduction to PyTorch Library for Deep Learning [Електронний ресурс] / Narasimha Jwalapuram. – 2021. – Режим доступу до ресурсу: https://www.analyticsvidhya.com/blog/2021/04/.
21. Kanwal M. S., Ramesh A. S., Huang L. A. Using computation to enhance diagnosis and therapy: a novel mutation operator for real-coded adaptive genetic algorithms. F1000Research. 2013. 2, 139. DOI: https://doi.org/10.12688/f1000research.2-139.v1.
22. Matplotlib: Visualization with Python [Електронний ресурс] – Режим доступу до ресурсу: https://matplotlib.org/.

23. Mi T. Comprehensive Planning of Laboratory Equipment Based on Genetic Algorithms. Computational Intelligence and Neuroscience. 2022. 2022, 1–11. DOI: https://doi.org/10.1155/2022/5242251.
24. Motieghader H., Najafi A., Sadeghi B., Masoudi-Nejad A. A hybrid gene selection algorithm for microarray cancer classification using genetic algorithm and learning automata. Informatics in Medicine Unlocked. 2017. 9, 246–254. DOI: https://doi.org/10.1016/j.imu.2017.10.004.
25. NumPy [Електронний ресурс] – Режим доступу до ресурсу: https://numpy.org/.
26. OpenCV [Електронний ресурс] – Режим доступу до ресурсу: https://opencv.org/.
27. Ozawa M et al., Efficacy of corneal squamous cell carcinoma antigen-1 in early infancy in predicting atopic dermatitis and food allergy: A prospective study, Allergology International, 2024. DOI: https://doi.org/10.1016/j.alit.2024.11.005.
28. Paller A. S., de Bruin-Weller M., Marcoux D., Baselga E., et al. Real-world treatment outcomes of systemic treatments for moderate-to-severe atopic dermatitis in children aged less than 12 years: 2-year results from PEDIatric STudy in Atopic Dermatitis. Journal of the American Academy of Dermatology. 2024. DOI: https://doi.org/10.1016/j.jaad.2024.09.046.
29. Pandas [Електронний ресурс] – Режим доступу до ресурсу: https://pandas.pydata.org/.
30. Practical Handbook of Genetic Algorithms [Електронний ресурс]. – 2019. – Режим доступу до ресурсу: https://www.taylorfrancis.com/books/edit/10.1201/9780429128356/practical-handbook-genetic-algorithms-lance-chambers.
31. Python у шкільному курсі інформатики. Основи програмування: навчальний посібник/В. М. Ракута – Чернігів, 2020. – 160 с.
32. S. Ye, L. Zhu, T. Ruan, J. Jia, X. Mo, F. Yan, J. Liu, Y. Zhang, D. Chen Comparative study of mouse models of atopic dermatitis. HELIYON. 2025. DOI: https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2025.e41989.
33. Sklearn-genetic-opt [Електронний ресурс] – Режим доступу до ресурсу: https://sklearn-genetic-opt.readthedocs.io/en/stable/.
34. Strizzolo R., Seneschal J., Soria A., et al. Real-life management of atopic dermatitis patients with an inadequate response to on-label use of dupilumab. World Allergy Organization Journal. 2024 July 7. 17(7), 1-10. DOI: https://doi.org/10.1016/j.waojou.2024.100923.
35. Tschandl P. The HAM10000 dataset, a large collection of multi-source dermatoscopic images of common pigmented skin lesions [Електронний ресурс] / Philipp Tschandl. – 2018. – Режим доступу до ресурсу: https://arxiv.org/abs/1803.10417.

36. Tsunoda M., Adachi T., et al. Successful treatment of the dupilumab-induced psoriatic dermatitis/arthritis and atopic dermatitis with a JAK inhibitor: A case report and literature review. Journal of Allergy and Clinical Immunology: Global. 2024. 3(4), 100323. DOI: https://doi.org/10.1016/j.jacig.2024.100323.
37. Андрашко Ю. В., Цідило І. Г., Чечерська Т. І. Клінічний досвід використання препарату «Протопік» у лікуванні хворих на атопічний дерматит//Украинский журнал дерматологии, венерологии. – Ужгород, 2010. – №4. – С. 21-22.
38. Бурда А. С., Прудіус М. А., Стефанюк Я. Г., Фомічов О. О. Методи обробки та інтелектуального аналізу даних з використанням штучних імунних систем//Національний університет "Полтавська політехніка імені Юрія Кондратюка" National University "Yuri Kondratyuk Poltava Polytechnic". – Харків, 2024. – С. 93-96.
39. Глибовець М. М., Гороховський С. С., Гулаєва Н. М., Кирієнко О. В. Про необхідність інтеграції досліджень у галузі медицини, біології та комп'ютерних наук//Наукові записки. – 2007. – С. 5-9.
40. Дипломна робота бакалавра: організація, вимоги до структури, зміст та оформлення [Електронний ресурс]: навч. пос. для здобувачів ступеня бакалавра за освіт. програмою «Комп'ютерні технології в біології та медицині» спец. 122 Комп'ютерні науки / КПІ ім. Ігоря Сікорського; уклад.: О.С. Коваленко, О.А. Аверьянова, Г.А. Корнієнко. – Київ: КПІ ім. Ігоря Сікорського, 2025. – 84 с.
41. Іщейкін К. Є., Степаненко В. І., Кайдашев І. П. Атопічний дерматит чи синдром атопічної екземи/дерматиту: pro та contra. Погляди на механізми розвитку алергії та атопії//Український журнал дерматології, венерології, косметології. – Полтава, 2007. – №4. – С. 11-16.
42. Кононюк А. Ю. Нейроні мережі і генетичні алгоритми – К.: «Корнійчук», 2008. – 446 с.
43. Кутасевич Я. Ф., Олійник І. О., Стулій О. М., Зюбан І. В. Оцінка ефективності комплексного лікування хворих на атопічний дерматит і екзему з використанням фонофорезу з емолєнтом//Дерматологія та венерологія. – 2019. – №4, випуск 86. – С. 18-22.
44. Лебедин А. М., Мітасова К. В. ДОСЛІДЖЕННЯ СТАНУ ЗАХВОРЮВАНОСТІ НА АТОПІЧНИЙ ДЕРМАТИТ У ДІТЕЙ В УКРАЇНІ//Г87 Громадське здоров'я в Україні: проблеми та способи їх вирішення. – Харків, 2021. – С. 130-131.
45. Мозирська О. В. Клінічний досвід застосування дитячого опитувальника дерматологічного індексу якості життя (CDLQI) у дітей з атопічним дерматитом//Здоров'я дитини. – Київ, 2022. – Том 17, №2. – С. 32-36.

46. Нейронні мережі. Частина 1. Вступ до нейронних мереж [Електронний ресурс]: навч. пос. для здобувачів ступеня бакалавра за освіт. програмою «Комп'ютерні технології в біології та медицині» спец. 122 «Комп'ютерні науки»/КПІ ім. Ігоря Сікорського; уклад.: І.В. Федорін; - Київ: КПІ ім. Ігоря Сікорського, 2023. – 225 с.
47. Підручник Keras: що таке Keras? Як встановити в Python [Приклад] [Електронний ресурс] – Режим доступу до ресурсу: https://www.guru99.com/uk/keras-tutorial.html
48. Середовище Google Colab [Електронний ресурс] – Режим доступу до ресурсу: https://colab.research.google.com/.
49. Сілагін О., Тягній М. Інтелектуальні технології ідентифікації в медицині//Комп'ютерні технології та Інтернет в інформаційному суспільстві. – Doctoral dissertation, ВНТУ, 2018. – С. 206-207.
50. Чернишов, П. В. Порівняльна оцінка якості життя хворих на атопічний дерматит і псоріаз//Укр. журн. дерматології, венерології, косметології. – К., 2009. – №3 – С. 10-12.

ДОДАТОК А

Посилання на код програми

https://colab.research.google.com/drive/1H0YDAgd72WLfJTpeddBYewbf_T3ENJbx#scrollTo=vRROcFSxtR73