

DOI: 10.18372/2310-5461.49.15287

УДК 004.415.28

**О. О. Писарчук**, д-р техн. наук, проф.,  
Національний технічний університет України  
«Київський політехнічний інститут імені Ігоря Сікорського»  
orcid.org/0000-0001-5271-0248  
e-mail: platinumpa2212@gmail.com;

**Ю. Г. Міронов**, аспірант  
Національний авіаційний університет.  
orcid.org/0000-0002-2291-5864  
e-mail: yuriymironov96@gmail.com

## СИСТЕМА ПІДТРИМКИ ПРИЙНЯТТЯ РІШЕНЬ З РОЗПІЗНАВАННЯ МЕДИЧНИХ ПАТОЛОГІЙ

### Вступ

За оцінками Всесірної організації охорони здоров'я (ВООЗ), щороку від 17 до 42 відсотків смертності новонароджених пов'язують з вродженими аномаліями. Серед факторів, що до цього призводять, є хромосомні аномалії та мутації [1]. Іншими проблемами пов'язаними з хромосомними аномаліями є можливість викиднів [2], невелика тривалість та низька якість життя. Але сучасна репродуктивна медицина дає можливість провести цитогенетичну діагностику та визначити наявність генетичних розладів [3]. Існує можливість проводити таку діагностику до зачаття дитини чи під час вагітності. На даний момент така діагностика проводиться вручну чи частково автоматично, залишаючи місце для помилок через людський фактор [4]. Іншою негативною рисою процесу ручної діагностики є те, що процес пошуку та ідентифікації патологій займає значну кількість часу, тому автоматизація даного процесу оптимізує використання людського ресурсу. Ризик помилки через людський фактор та часові затрати на процес діагностики являє собою проблему, яку вирішить автоматизація процесу діагностики. Дана робота ставить собі за мету аналіз процесу цитогенетичної діагностики та пошук способу автоматизації цього процесу.

### Аналіз останніх досліджень та публікацій

Проблема автоматизації розпізнавання хромосом вже була піднята в низці досліджень та публікацій.

“Development and evaluation of automated systems for detection and classification of banded chromosomes: Current status and future perspectives” за авторством Xingwei Wang та Bin Zheng може слугувати відправною точкою у вивчення проблематики автоматизації розпізнавання хромосомних аномалій.

Дана публікація складається з огляду предметної області та ідей про те, як можна реалізувати програмний засіб для розпізнавання хромосомних аномалій [5]. Але в цілому вона має теоретичний характер та не пропонує конкретної практичної реалізації розпізнавання хромосомних аномалій. Але, з іншого боку вона прогнозує визначну роль нейронних мереж та штучного інтелекту в розпізнаванні хромосомних аномалій.

“Deep Learning for Medical Image Processing: Overview, Challenges and Future” за авторством Muhammad Imran Razzak, Saeeda Naz та Ahmad Zaib розглядає можливі підходи до проблеми розпізнавання та обробки медичних зображень [6]. Основна ідея даного дослідження полягає в тому, що сфера охорони здоров'я значно відрізняється від будь-якої іншої через великий ризик, ціну помилки та складність підходів та процесів. Однак, згідно з думкою авторів, ці виклики можуть бути зустріті за допомогою сучасних алгоритмів глибокого навчання. Автори згадують комп'ютерний зір та його потенційну роль в обробці медичних даних — оскільки значна кількість даних являє собою візуальну інформацію, таку як рентгенівські знімки чи фотографії цифрового мікроскопу.

Водночас автори визнають, що у машинного та глибокого навчання є особливості застосування, через які їх застосування в медицині може бути ускладнено. До таких особливостей належать:

- проблема стандартизації вхідних даних — для кожної сфери медицини використовується низка різноманітних програмно-апаратних систем, і вони зазвичай не мають узгодженого між собою формату даних. Через це може бути складно зібрати вхідний матеріал для нейронних мереж;

- проблема приватності — медичні дані є дуже «чутливими», тому може бути важко зібрати та анонімізувати датасет;

- проблеми датасету — для коректної роботи нейронної мережі необхідна значна кількість даних, а для специфічної галузі медицини може бути складно їх зібрати. Окрім вже зазначеної вище проблеми приватності, складністю є рідкісні патології, що можуть бути не покриті датасетом;

Далі автори наводять приклади проблем, у яких були реалізовані системи на основі нейронних мереж. До таких галузей належать діабетична ретинопатія, розпізнавання пухлин та ін.

Також автори зазначають, що для розкриття повного потенціалу медичних систем побудованих на машинному навчанні необхідна глобальна взаємодія міжнародних медичних організацій та виробників галузевих цифрових рішень, оскільки це надасть можливість виробити єдині стандарти для роботи майбутніх систем.

“Deep Learning for Medical Image Processing: Overview, Challenges and Future” за авторством Muhammad Imran Razzak, Saeeda Naz та Ahmad Zaib описує перспективне майбутнє для підходів на основі машинного навчання та їхніх застосувань для медичної діагностики, але також зазначає їхні проблеми — залежність від великих датасетів. Це може бути значною проблемою, тому застосування машинного навчання в рамках даної роботи сумнівне.

“End-to-end chromosome karyotyping with data augmentation using GAN” за авторством Yirui Wu, Yisheng Yue, Xiao Tan, Wei Wang та Tong Lu пропонує метод каріотипування заснований на Генеративній змагальній мережі [7].

Автори роблять огляд основних складностей автоматизації каріотипування, таких як непередбачувані форми чи прилягання хромосом, та роблять заяву що традиційні алгоритми для розпізнавання даних є важкими для використання та неефективними для таких завдань. Вони пропонують використання нейронних мереж глибинного навчання. Однак, даний підхід вимагає великого обробленого датасету для навчання — збір такого датасету може бути складною задачею з багатьох причин, таких як конфіденційність та складність самих даних.

Можливим вирішенням даної проблеми є додавання нових даних за допомогою GAN — генеративної змагальної мережі. Основною ідеєю є застосування такої мережі для створення нових зображень, що будуть використовуватися при навчанні.

Фотографії клітин запропоновано використовувати в якості вхідних даних. Вони обробляються за допомогою декількох фільтрів та потім видобуваються з основного зображення. На рис. 1 зображено даний процес.

Даний підхід, хоча і є перспективним, не вирішує деяких проблем у розпізнаванні хромосом та хромосомних патологій, таких як розпізнавання прилягаючих хромосом.

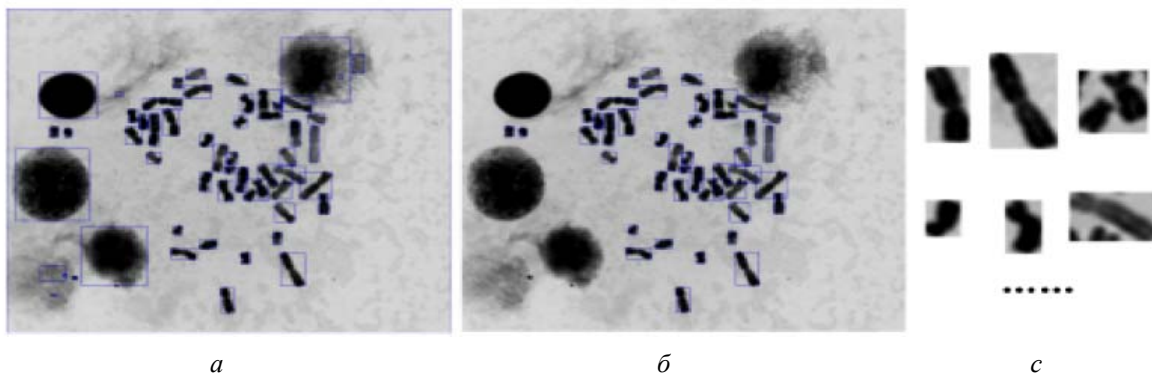


Рис. 1. *a* — результат розпізнавання; *b* — результат розпізнавання відфільтрованого зображення; *c* — регіони зображення з хромосомами

Провівши аналіз існуючих робіт, можливо зробити такі висновки:

- проблема хромосомного аналізу широко відома та на даний момент не має прикладного рішення;

- усі розглянуті публікації пропонують підхід до рішення проблеми за допомогою нейронних мереж;

- збір навчального датасету для нейронної мережі є важкою задачею через ряд причин —

проблеми конфіденційності, різні формати даних, ризик недостатнього покриття;

Це, в свою чергу, спонукає до пошуків інших шляхів розпізнавання хромосом та їхніх аномалій. Можливо, доцільною є спроба розробити алгоритм, що не залежить від датасету та не потребує навчання.

**Метою статті** є формування базового алгоритму з розпізнавання хромосомних аномалій та співставлення їх з патологіями,

та розробка прототипу програмного забезпечення на основі такого алгоритму.

### Викладення основного матеріалу

Перед створенням формального алгоритму з розпізнавання хромосомних патологій необхідно розглянути процес проведення цитогенетичного аналізу. Даний процес полягає в каріотипуванні пацієнта та співставленні його каріотипу з каріотипом здорової людини. Каріотип — це сукупність ознак повного набору хромосом, що ілюструється каріограмою —

зображенням хромосом організму, розміщених по парам та відсортованого.

Патології можна виявити через співставлення каріотипу пацієнта з каріотипом здорової людини. Зазвичай як каріотип здорової людини використовується ідеограма — схематичне зображення хромосоми людини без патологій (рис. 2).

Якщо певна хромосома не співпадає з її зображенням на ідеограмі — це означає наявність певної патології.

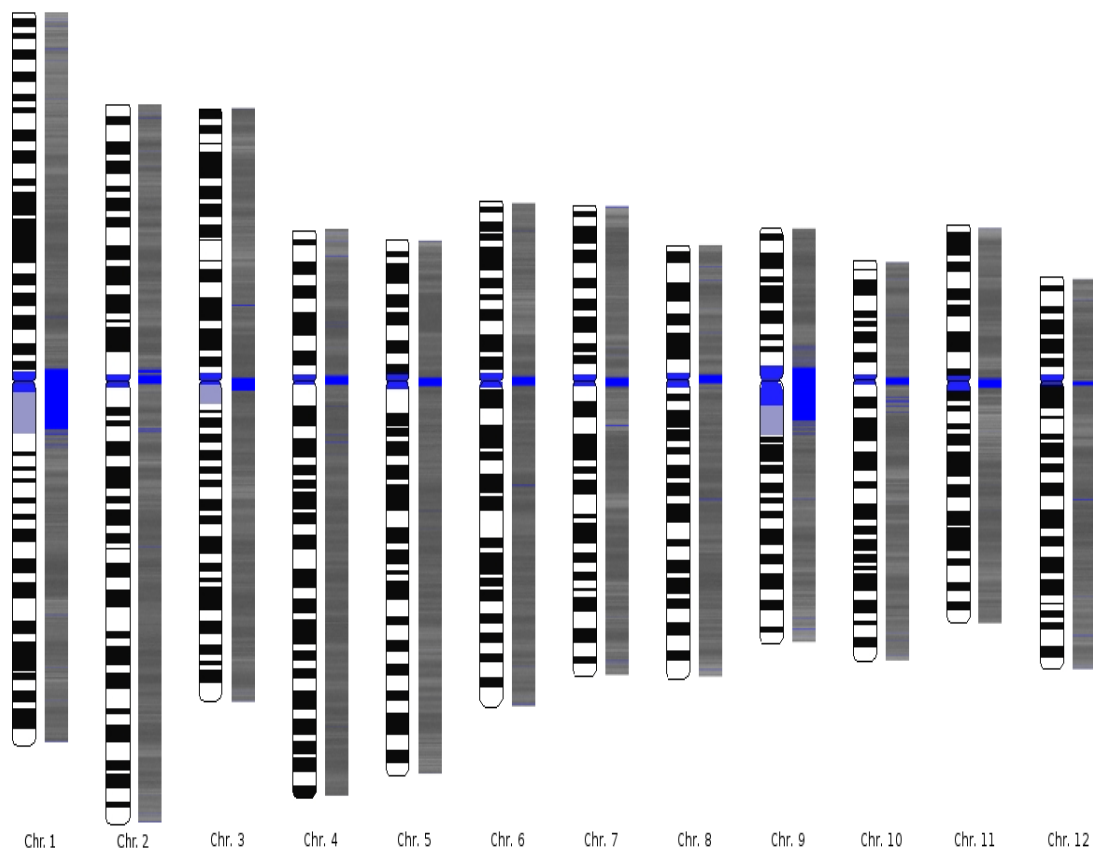


Рис. 2. Ідеограма хромосом 1–12

Існує декілька груп мутацій, що можуть відбутися з хромосомами:

- точкова мутація. Даний тип мутації включає в себе додавання чи відсутність одного нуклеотиду з РНК чи ДНК. Визначними прикладами такого типу мутації є дальтонізм та спиноцеребральна атраксія;
- делеція. Даний тип мутації включає в себе відсутність цілої частини хромосоми. Призводить до таких хвороб як синдром Вільямса;
- додаткова хромосома чи відсутня хромосома. Призводить до значних розладів, таких як синдром Дауна, чи до смерті до народження;
- тринуклеотидний повторюваний розлад — збільшена довжина геному;

Як приклад можна розглянути таку ситуацію: каріотип пацієнта містить одну додаткову 21 хромосому, що результує наявність трьох 21 хромосом — трисомії по 21.

Така конфігурація хромосом призводить до синдрому Дауна.

Визначивши робочий процес цитогенетичної діагностики, появляється можливість визначити формальні кроки алгоритму з розпізнавання хромосомних патологій. Такими кроками можуть бути:

- обробка каріограми за допомогою технології CV — розглядаючи цілу каріограму, необхідно виокремити об'єкти що є хромосомами, підрахувати та ідентифікувати їх;

- індивідуальна обробка кожної хромосоми за допомогою технології CV — на даному етапі необхідно розпізнати внутрішню структуру хромосоми та порівняти її з еталонними зразками;

- встановлення діагнозу — по результатам підрахунку кількості хромосом та схожості з еталонними зразками можна поставити діагноз.

Оскільки завдання є комплексним і складним, доцільно підійти до його вирішення ітеративно. У даній статті пропонується базовий алгоритм, кроки якого можливо з часом розширювати та покращувати, однак це не змінить базову послідовність кроків у вирішенні завдання.

Першим кроком у даному алгоритмі є загальний аналіз зображення. Виявлення як кількісної, так і структурної аномалій залежить від знання про всі наявні на зображенні хромосоми. Аналіз на наявність кількісних аномалій полягає в підрахунку кількості хромосом кожного типу. Аналіз на наявність структурних аномалій полягає в перегляді внутрішньої структури кожної окремої хромосоми. Отже, розпізнавання всіх хромосом на зображенні є необхідною складовою аналізу хромосомних аномалій. Даний крок включає загальну підготовку зображення, таку як налаштування контрастності та усування шуму. В перспективі під час даного кроку можна усувати складні об'єкти-перешкоди, такі як ядерець та розпізнавати суміжні хромосоми.

Результатом даного кроку буде зображення придатне до розпізнавання контурів хромосом.

Другим кроком є розпізнавання внутрішньої структури хромосоми. Даний крок необхідно застосувати до кожної з хромосом наявних на зображенні. У рамках даного кроку необхідно проаналізувати бенди хромосом. Бенди — смуги, що виникають у процесі бендингу та ілюструють структуру хромосоми. Бендинг використовується для візуального визначення структури хромосом, тому його застосовують під час «ручного» визначення хромосомних аномалій. Також його можна використовувати в межах даного алгоритму.

Третім кроком є порівняння кожної розпізнаної хромосоми з її ідеограмою. Результатом такого порівняння для кожної хромосоми буде певна «дельта», що буде відповідати певній мутації — наприклад, транслокації чи делеції. Результатом цілого кроку буде набір таких «дельт». Маючи його, буде можливо поставити діагноз.

Четвертим кроком буде власне постановка діагнозу. Маючи «дельти» з минулого кроку, необхідно лише знайти збіг з хромосомними

захворюваннями. Також варто зазначити, що за наявності «дельти» та відсутності збігу з відомими захворюваннями, скоріш за все, має місце смертельна патологія. Таким патологіям зазвичай не дають назви через те, що смертність при таких патологіях близька до 100 %.

Кроки алгоритму зображені на рис. 3.

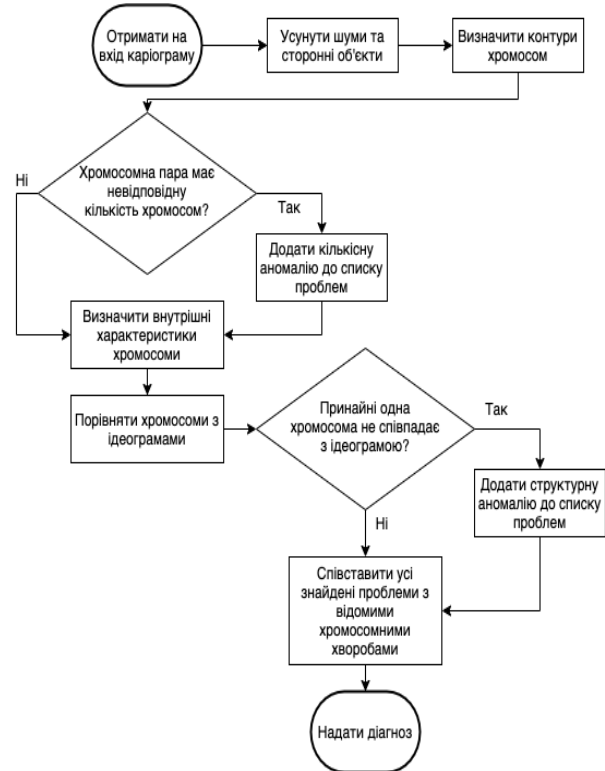


Рис. 3. Блок-схема загального алгоритму

Сформувавши формальні кроки алгоритму, можна розробити прототип ПЗ, що його реалізує. Такий прототип відповідатиме таким вимогам:

- вхідними даними для програми мають бути зображення хромосом людини. Для proof-of-concept прототипу будуть взяті каріограми — зображення уже впорядкованих хромосом;

- результатом роботи програми має бути діагноз про стан хромосом людини: «людина здорова» чи «людина має певне хромосомне захворювання»;

- архітектура даної програми повинна бути модульною, оскільки кожний окремий крок алгоритму має простір для зміни та модернізації. Зміни в одному з кроків не повинні вплинути на інші;

Принцип роботи прототипу полягає в розпізнаванні груп хромосом на зображенні каріограми. Каріограма людини, зображена на рис. 4, а, має такі властивості: на ній зображено згруповані та впорядковані хромосоми людини. «Групи» хромосом відмічені розміткою під кожною групою. Це дає можливість розпізнати групи — проміжний результат розпізнавання

зображено на рис. 4, б. Варто звернути увагу на пусті групи Y та ?. Наявність чи відсутність Y-хромосоми означає стать людини: у осіб чоловічої статі присутня одна X та одна Y

хромосома, а у осіб жіночої статі присутні дві X хромосоми. ?-група зарезервована під матеріали, що не підлягають класифікації — наприклад, маркерні хромосоми.

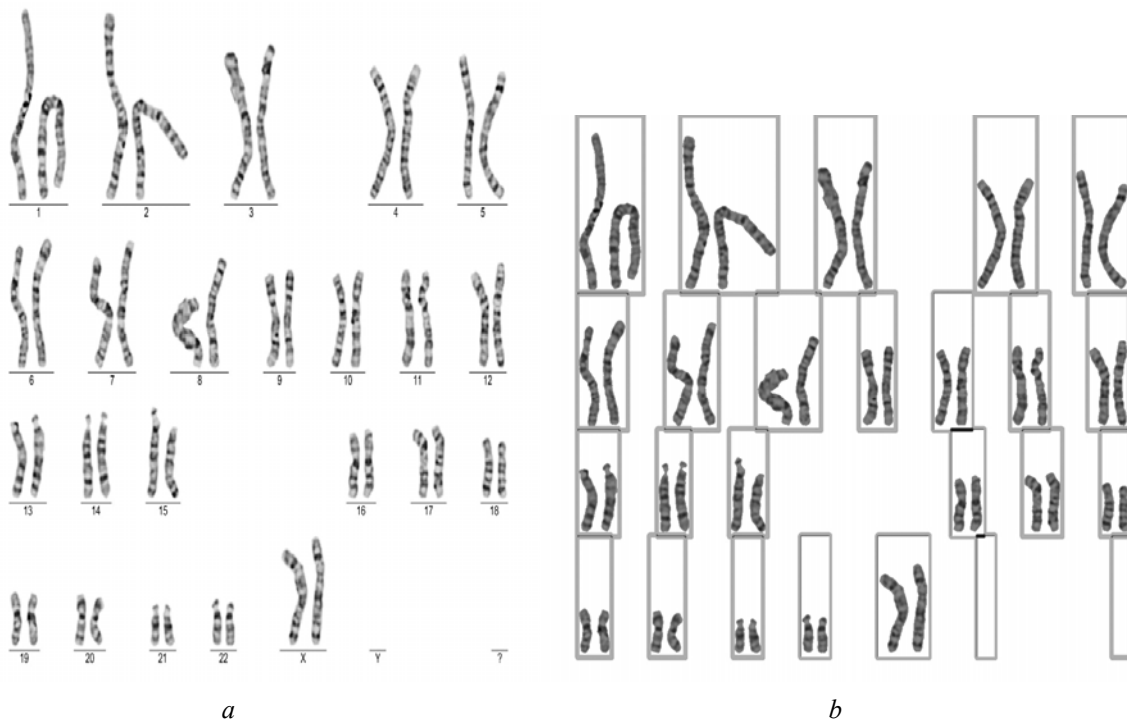


Рис. 4. а — приклад вхідних даних — ідеограма людини; б — розпізнані групи

Маючи розпізнані групи хромосом, застосовується розпізнавання контурів для виявлення хромосом у кожній групі. Розпізнавши контури хромосом у кожній групі, можна провести підрахунок та виявити кількісні аномалії — тобто аномальну кількість хромосом тієї чи іншої групи.

При подальшій розробці та розширенні функціоналу можливо додавати додаткові функції — наприклад, порівняння кожної хромосоми в певній групі з її ідеограмою (див. рис. 2). Це дасть можливість перевіряти коректність формування каріограми.

При достатньому розвитку алгоритму буде можна працювати не тільки з впорядкованими даними, а також зі знімками електронного мікроскопу, без попередньої обробки лаборантом-діагностом.

Для реалізації прототипу було обрано Python, оскільки дана мова програмування є популярною для реалізації наукових задач та має багату інфраструктуру. Для роботи з зображеннями було обрано OpenCV, оскільки дана бібліотека містить реалізацію багатьох алгоритмів для роботи з зображеннями. Структурна схема прототипу зображена на рис. 5.

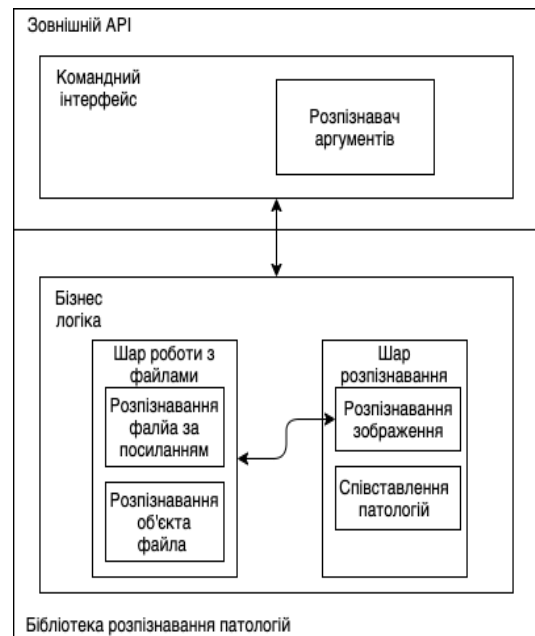


Рис. 5. Структурна схема прототипу ПЗ

Ідея прототипу полягає в загальній перевірці концепції, тому в рамках даної реалізації будуть розглянуті тільки кількісні хромосомні аномалії. В якості вхідних даних, як було зазначено вище, будуть використані вже упорядковані зображення хромосом.

Прототип було оформлено як програмну бібліотеку. Таку бібліотеку можна використовувати як з інтерфейсу командного рядка, так і підключати до неї графічний чи веб-інтерфейс. Бібліотека складається з трьох шарів:

- зовнішній програмний інтерфейс. Цей шар є точкою входу в код бібліотеки. Він складається із обробки аргументів з командного рядка та класу-фасаду, що може бути використаний при розробці застосунку на основі даної бібліотеки;

- шар роботи з файлами. Даний шар ізолює логіку зберігання та оброблення зображень. Він необхідний оскільки файл може бути переданий у бібліотеку як посиланням у файлової системі, так і об'єктом (наприклад, якщо він прийшов

з web-апі). Інші шари працюють із файловою абстракцією, що надається цим шаром;

- шар розпізнавання. Більшість бізнес-логіки знаходиться в цьому шарі. Він складається з декількох взаємозамінних модулів, що займаються тією самою задачею (розпізнаванням зображень) за допомогою різних інструментів: Canny edge detection, Laplacian edge detection, blob detection, ridge detection.

Ці модулі закликані показати ефективність різних підходів порівнянні між собою. В результаті розпізнавання контурів кожним із інструментів видається результат розпізнавання — діагноз для пацієнта;

Діаграма класів наведена на рис. 6.

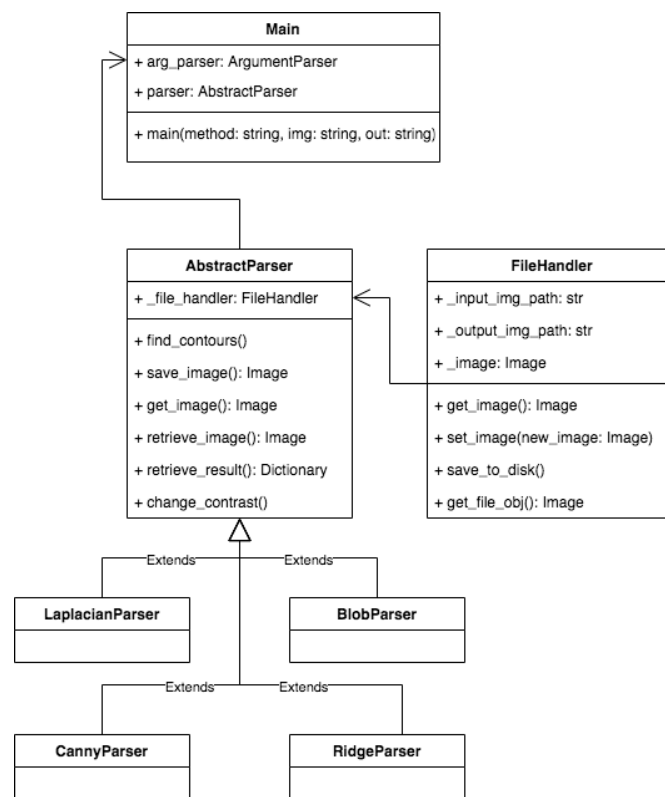


Рис. 6. Діаграма класів програми-прототипу

Далі для ознайомлення пропонується демонстрація роботи програми: Приклад вхідних даних уже було наведено на рис. 4, а, але для демонстрації пропонується каріограма з патологією — синдромом Едвардса.

Ознакою такого синдрому є трисомія (три хромосоми в групі) по 18, що видно на рис. 7.

На рис. 8 продемонстровано результат роботи програми-прототипу. Аргументами для виконання програми є відносний шлях до вхідного файлу (такому як на рис. 4, а чи рис. 7) та відносний шлях до вихідного файлу з визначеними контурами (як на рис. 4, б). У виводі програма показує загальну кількість хромосом та деталі-

зацію по групам. У 18-й групі знайдено 3 хромосоми замість двох. Наприкінці виконання показано діагноз — синдром Едвардса.

На даному етапі програма-прототип здатна надійно розпізнавати кількісні хромосомні аномалії на основі каріограми людини. Результати виконання програми прототипу наведено в таблиці. У рамках тестування прототипу було задіяне вибірку з 45 каріотипів — 20 каріотипів без виявлених патологій та 25 каріотипів з 4-ма різними патологіями. Загальна точність розпізнавання в рамках вибірки становить 93,33 %. За результатами тестування не виявлено жодного *false negative*, але 3 із 20 каріотипів без патології дали *false positive* результат.

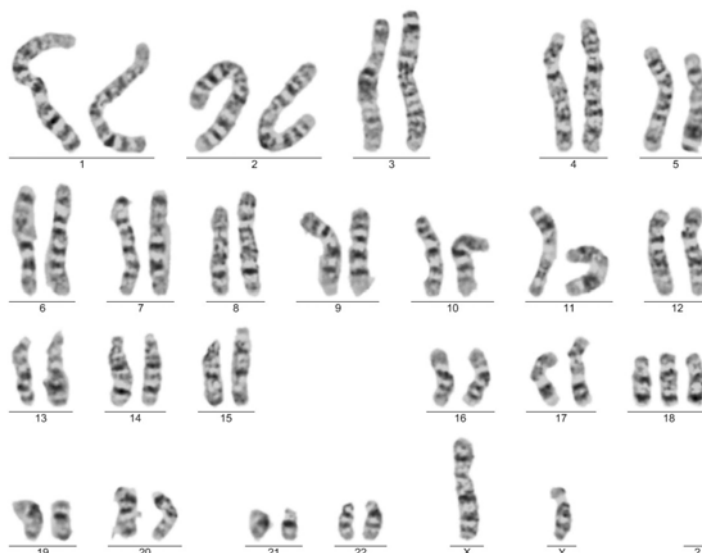


Рис. 7. Каріограма синдрому Едвардса

```
(.venv) Yuriis-MacBook-Pro:src yurii$ ipython recognition/main.py tris18.jpg tris18-res.jpg canny
INFO:root:Args parsed
INFO:root:Path obtained
INFO:root:Image read
INFO:root:File parsed
INFO:root:Contrast changed to: alpha 0.5, beta: 40
INFO:root:Edges obtained
INFO:root:Contours found
INFO:root:Number of chromosomes detected = 47
INFO:root:1 chromosomes amount: 2
INFO:root:2 chromosomes amount: 2
INFO:root:3 chromosomes amount: 2
INFO:root:4 chromosomes amount: 2
INFO:root:5 chromosomes amount: 2
INFO:root:6 chromosomes amount: 2
INFO:root:7 chromosomes amount: 2
INFO:root:8 chromosomes amount: 2
INFO:root:9 chromosomes amount: 2
INFO:root:10 chromosomes amount: 2
INFO:root:11 chromosomes amount: 2
INFO:root:12 chromosomes amount: 2
INFO:root:13 chromosomes amount: 2
INFO:root:14 chromosomes amount: 2
INFO:root:15 chromosomes amount: 2
INFO:root:16 chromosomes amount: 2
INFO:root:17 chromosomes amount: 2
INFO:root:18 chromosomes amount: 3
INFO:root:19 chromosomes amount: 2
INFO:root:20 chromosomes amount: 2
INFO:root:21 chromosomes amount: 2
INFO:root:22 chromosomes amount: 2
INFO:root:X chromosomes amount: 1
INFO:root:Y chromosomes amount: 1
INFO:root:['Edwards syndrome'] detected
INFO:root:File saved
(.venv) Yuriis-MacBook-Pro:src yurii$
```

Назва вхідного файлу

Назва вихідного файлу

Загальна кількість хромосом на каріограмі (норма - 46)

аномальна кількість хромосом у групі

Визначення діагнозу

Рис. 8. Результат роботи програми

Таблиця

Результати виконання програми прототипу

| Характеристика вхідного матеріалу        | Кількість унікальних одиниць матеріалу | Результат виконання  | Відсоток успіху |
|--|--|--|-----------------|
| Не виявлено хромосомних патологій        | 20                                     | 17 із 20 зразків розпізнано успішно. У 3 випадках розпізнавання контурів не було здатне виявити хромосому через особливості кольорів зображень | 85 %            |
| Синдром Едвардса (трисомія 18 хромосоми) | 4                                      | У всіх випадках розпізнавання пройшло успішно  | 100 %           |

Закінчення таблиці

| Характеристика вхідного матеріалу     | Кількість унікальних одиниць матеріалу | Результат виконання                           | Відсоток успіху |
|---------------------------------------|--|---|-----------------|
| Синдром Дауна (трисомія 21 хромосоми) | 14                                     | У всіх випадках розпізнавання пройшло успішно | 100 %           |
| Трисомія 22 хромосоми                 | 3                                      | У всіх випадках розпізнавання пройшло успішно | 100 %           |
| Трисомія Х хромосоми                  | 4                                      | У всіх випадках розпізнавання пройшло успішно | 100 %           |
| Середній зважений відсоток успіху:    |  |   | 93,33 %         |

Варто зазначити, що дані *false positive* результати не є наслідками деякої слабкості в алгоритмі — їхньою причиною є недостатнє калібрування параметрів при розпізнаванні контурів (рис. 9). З цього випливає, що реальний відсоток успіху на великих вибірках ніколи не буде 100 %, оскільки завжди є вірогідність подібного збою.

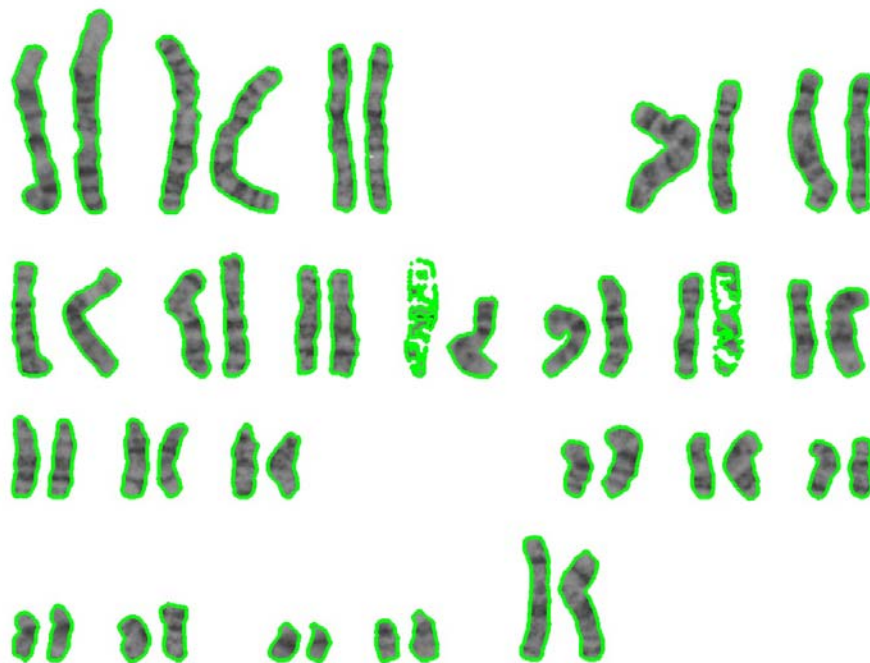


Рис. 9. Приклад збою в роботі розпізнавання контурів

### Висновки

У статті розглянуто проблему розпізнавання хромосомних аномалій. Було проаналізовано робочий процес діагностики хромосомних аномалій та проведено огляд матеріалів, що можуть стати інформацією на вході для алгоритму.

Було розглянуто існуючі підходи до проблеми автоматизації розпізнавання хромосомних аномалій та зроблено висновок, що для даної проблеми на момент написання статті не існує повного прикладного рішення. Було високорівнево описано кроки алгоритму, що може вирішити дану проблему.

Сформовані таким чином кроки алгоритму дозволяють поступово підходити до вирішення окремих кроків, оскільки кожний крок є ізольованим і вирішуватиме окремі, досить різні задачі. Було реалізовано прототип програми, що працює з каріограмами та визначає кількісні хромосомні аномалії. Прототип написано таким чином, що його можна поступово поширювати та додавати нові перевірки, що дозволять більш точно знаходити хромосомні аномалії.

### ЛІТЕРАТУРА

- [1] Boyle B., Addor M., Arriola L., et al. (2018). Estimating Global Burden of Disease due to congenital anomaly: an analysis of European



- data. *Archives of Disease in Childhood — Fetal and Neonatal Edition*. 103:F22-F28. Doi.org/10.1136/archdischild-2016-311845 (eng)
- [2] Pal, A. K., Ambulkar, P. S., Waghmare, J. E., Wankhede, V., Shende, M. R., & Tarnekar, A. M. (2018). Chromosomal Aberrations in Couples with Pregnancy Loss: *A Retrospective Study*. *Journal of human reproductive sciences*, 11(3), 247–253. Doi.org/10.4103/jhrs.JHRS\_124\_17/
- [3] Riegel M. (2014). Human molecular cytogenetics: From cells to nucleotides. *Genetics and molecular biology*, 37(1 Suppl), 194–209. Doi.org/10.1590/s1415-47572014000200006 (eng)
- [4] Lundsteen, C., Lind, A. M., & Granum, E. (1976). Visual classification of banded human chromosomes. I. Karyotyping compared with classification of isolated chromosomes. *Annals of human genetics*, 40(1), 87–97. Doi.org/10.1111/j.1469-1809.1976.tb00167.x (eng)
- [5] Wang, X., Zheng, B., Wood, M., Li, S., Chen, W., & Liu, H. (2005). Development and evaluation of automated systems for detection and classification of banded chromosomes: current status and future perspectives. *Journal of Physics D*, 38, 2536-2542. Doi.org/10.1088/0022-3727/38/15/003
- [6] Razzak M.I., Naz S., Zaib A. (2018) Deep Learning for Medical Image Processing: Overview, Challenges and the Future. In: Dey N., Ashour A., Borra S. (eds) Classification in BioApps. Lecture Notes in Computational Vision and Biomechanics, vol 26. Springer, Cham. Doi.org/10.1007/978-3-319-65981-7\_12
- [7] Y. Wu, Y. Yue, X. Tan, W. Wang and T. Lu, (2018). "End-To-End Chromosome Karyotyping with Data Augmentation Using GAN," 25th IEEE International Conference on Image Processing (ICIP), Athens, 2018, pp. 2456-2460, Doi.org/10.1109/ICIP.2018.8451041

**Писарчук О. О., Міронов Ю. Г.**

## **СИСТЕМА ПІДТРИМКИ ПРИЙНЯТТЯ РІШЕНЬ З РОЗПІЗНАВАННЯ МЕДИЧНИХ ПАТОЛОГІЙ**

У даній публікації розглядається проблема автоматизації процесу розпізнавання хромосомних аномалій. Огляд існуючих публікацій за суміжними темами показав необхідність подальших досліджень через актуальність та недостатню вивченість теми.

Було розглянуто предмету область - як теоретичні засади розпізнавання хромосомних патологій, так і власне процес лабораторної діагностики хромосомних патологій. Була проведена класифікація основних видів хромосомних аномалій.

На основі огляду предметної області було виведено формальний алгоритм виявлення хромосомних аномалій. Версія алгоритму, наведена в публікації, є високорівневою та буде доповнюватися. Разом з алгоритмом розпізнавання хромосомних аномалій також були розроблені вимоги до прототипу системи підтримки прийняття рішень з розпізнавання медичних патологій. Вимоги та алгоритм було втілено в прототипі програмного засобу. Програмний засіб приймає каріограму людини в якості вхідних даних та дає інформацію про хромосомні аномалії в якості результату. Програмний засіб було реалізовано на мові програмування Python за допомогою бібліотеки для роботи з зображеннями OpenCV. Прототип виконано у вигляді програмної бібліотеки, що дозволяє використовувати його в різних контекстах: наприклад, є можливість працювати з такою бібліотекою через термінал, чи розробити навколо бібліотеки web-API. Прототип системи підтримки прийняття рішень з розпізнавання медичних патологій здатний розпізнавати кількісні хромосомні аномалії.

Результати, що були отримані в рамках даної роботи, підтверджують реалістичність концепції системи підтримки прийняття рішень розпізнавання хромосомних патологій, та дозволяють зосередитися на розширенні та покращенні окремих кроків алгоритму, що дасть можливість роботи з більшою кількістю видів вхідних даних та зробить можливим розпізнавання структурних аномалій.

**Ключові слова:** комп'ютерний зір; розпізнавання образів; системи підтримки прийняття рішень.

**Pysarchuk O., Mironov Y.**

## **DECISION SUPPORT SYSTEM FOR MEDICAL PATHOLOGY RECOGNITION**

Given article considers the problem of automation of chromosome pathology recognition. Overview of existing publications in adjacent topics has shown the need for further research due to the scientific relevance and lack of groundwork.

The application domain has been considered - both theoretical aspects of pathology recognition automation and the chromosome pathology diagnostics process itself. Classification of main chromosome abnormalities has been performed.

A formal algorithm has been derived from the aforementioned application domain analysis. The algorithm version provided in given publication is a high-level draft and will be extended. Along with the algorithm, requirements to the

*prototype software and the prototype software itself have been designed. It should accept karyogram image as an input and return information about chromosome anomaly as an output. Software has been implemented on Python programming language using OpenCV image processing library. Prototype has been implemented as a program library, allowing to use it in different contexts. For example, it is possible to use it via terminal or design a Web API wrapper around it. Prototype of a decision support system for chromosome pathology recognition is currently capable of detecting quantity chromosome abnormalities.*

*Results obtained from given paper prove the possibility of designing full-powered decision support system for chromosome pathology recognition automation and allow to focus on extending and improving functionality of each distinct step of the basic algorithm, allowing to cover more chromosome abnormality types.*

**Keywords:** computer vision; image recognition; decision support system.

Стаття надійшла до редакції 25.01.2021 р.

Прийнято до друку 01.03.2021 р.