

МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ
Чорноморський національний університет
імені Петра Могили
Факультет комп'ютерних наук
Кафедра інтелектуальних інформаційних систем

ДОПУЩЕНО ДО ЗАХИСТУ
Завідувач кафедри інтелектуальних
інформаційних систем, д-р техн. наук, проф.
_____Ю. П. Кондратенко
«___» _____ 2023 р.

БАКАЛАВРСЬКА КВАЛІФІКАЦІЙНА РОБОТА

СИСТЕМА ДІАГНОСТИКИ МАЛЯРІЇ НА ОСНОВІ
НЕЙРОННОЇ МЕРЕЖІ

Спеціальність 122 «Комп'ютерні науки»

122 – БКР – 401.21910117

Виконала студентка 4-го курсу, групи 401
_____ **Я. О. Потужня**
«__» червня 2023 р.

Керівник: канд.фіз.-мат.наук, доцент
_____ **І. В. Кулаковська**
«__» червня 2023 р.

Миколаїв – 2023

МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ
Чорноморський національний університет ім. Петра Могили
Факультет комп'ютерних наук
Кафедра інтелектуальних інформаційних систем

Рівень вищої освіти бакалавр
Спеціальність 122 «Комп'ютерні науки»
(шифр і назва)
Галузь знань 12 «Інформаційні технології»
(шифр і назва)

ЗАТВЕРДЖУЮ

Завідувач кафедри інтелектуальних
інформаційних систем, д-р. техн. наук, проф.

_____ Ю. П. Кондратенко

«___» _____ 2022 р.

З А В Д А Н Н Я

на виконання кваліфікаційної роботи

Видано студентці групи 401 факультету комп'ютерних наук Потужній Яні
Олександрівні.

1. Тема кваліфікаційної роботи «Система діагностики малярії на основі нейронної мережі».

Керівник роботи Кулаковська Інесса Василівна, канд.фіз.-мат.наук, доцент.

Затв. наказом Ректора ЧНУ ім. Петра Могили від «17» березня 2023 р. №59

2. Строк представлення кваліфікаційної роботи студентом «___» _____ 20__ р.

3. Вхідні (початкові) дані до роботи: проаналізований теоретичний матеріал, поставлена задача створення системи діагностики малярії на основі нейронної мережі.

Очікуваний результат: розроблений прототип системи діагностики малярії на основі нейронної мережі.

4. Перелік питань, що підлягають розробці (зміст пояснювальної записки):

- аналіз сучасних підходів до діагностики захворювань з використанням нейронних мереж;
- аналіз загальної структури системи діагностики малярії на основі нейронної мережі та її компонентів;
- розробка та програмна реалізація системи діагностики;
- навчання нейронної мережі, на основі набору даних;
- тестування розробленої нейронної мережі.

5. Перелік графічних матеріалів: презентація.

6. Завдання до спеціальної частини: «Охорона праці при розробці системи діагностики малярії на основі нейронної мережі».

7. Консультанти розділів роботи

Розділ	Прізвище, ініціали та посада консультанта	Підпис
Спеціальна частина з охорони праці	Алексеева А.О., канд.техн.наук, доцент	

Керівник роботи _____ канд.фіз.-мат.наук, доцент Кулаковська І. В.
(наук. ступінь, вчене звання, прізвище та ініціали)

(підпис)

Завдання прийнято до виконання _____ Потужня Я. О.
(прізвище та ініціали)

(підпис)

Дата видачі завдання « 23 » _____ листопада _____ 2022 р.

КАЛЕНДАРНИЙ ПЛАН
виконання кваліфікаційної роботи

Тема: Система діагностики малярії на основі нейронної мережі

№	Найменування роботи	Початок	Закінчення	Примітки
1	Подання заяви на затвердження теми та керівників БКР	27.10.2022	30.10.2022	виконано
2	Отримання завдання на виконання БКР	23.11.2022	25. 11.2022	виконано
3	Складання календарного плану роботи на весь період виконання БКР	08.12.2022	10.12.2022	виконано
4	Отримання завдання на переддипломну практику	29.04.2023	01.05.2023	виконано
5	Проходження переддипломної практики, збір та аналіз матеріалів до БКР	01.05.2023	14.05.2023	виконано
6	Розробка звіту з переддипломної практики	15.05.2023	17.05.2023	виконано
7	Виконання БКР:аналіз проблематики, огляд існуючих технологій,аналіз структури модулі,розробка ПЗ	15.05.2023	19.06.2023	виконано
8	Попередній захист БКР на засіданні комісії кафедри	29.05.2023	30.05.2023	виконано
9	Доробка та остаточне оформлення БКР	02.06.2023	19.06.2023	виконано
10	Подання БКР рецензенту	15.06.2023	18.06.2023	виконано
11	Подання БКР, її електронної копії та інших документів до захисту	20.06.2023	22.06.2023	виконано
12	Захист БКР перед ЕК	26.06.2023	29.06.2023	виконано

Розробила студентка Потужня Яна Олександрівна
(прізвище та ініціали)

_____ (підпис)

Керівник роботи
канд.фіз.-мат.наук, доцент Кулаковська Інесса Василівна
(наук. ступінь, вчене звання, прізвище та ініціали)

_____ (підпис)

«_10_» _____ 12_____ 2022 р.

АНОТАЦІЯ

бакалаврської кваліфікаційної роботи студентки групи 401 ЧНУ ім. Петра
Могили

Потужньої Яни Олександрівни

Тема: «Система діагностики малярії на основі нейронної мережі»

Кваліфікаційна робота присвячена розробці системи діагностики малярії на основі нейронної мережі.

Об'єкт роботи – процес діагностики малярії системою, яка використовує нейронну мережу для аналізу зображень крові та виявлення наявності паразитів, що спричиняють малярію.

Предмет роботи – нейронна мережа для аналізу зображень крові та виявлення наявності паразитів, що спричиняють малярію.

Метою дипломної роботи є діагностика малярії з використанням надійної та швидкої системи діагностики на основі нейронної мережі, яка зможе допомогти лікарям та медичному персоналу у виявленні захворювання та покращенні результатів лікування.

У першому розділі описано загальну характеристику проблеми діагностики малярії, що включає огляд літературних джерел та статистичні дані щодо поширеності захворювання в різних країнах світу. Також, у першому розділі описано основні методи діагностики малярії та проаналізовано сучасні підходи до діагностики захворювань з використанням нейронних мереж, описано їхні переваги та можливості. У другому розділі описано загальну структуру системи діагностики малярії на основі нейронної мережі та її компоненти, зокрема вхідні дані, архітектуру нейронної мережі, методи навчання та тестування моделі. Третій розділ містить опис розробки та здійснення програмної реалізації системи діагностики малярії.

Бакалаврська кваліфікаційна робота містить 73 сторінки, 30 рисунків, 2 таблиці, 27 використаних джерел та 3 додатки.

Ключові слова: *нейронні мережі, машинне навчання, малярія, діагностування.*

ABSTRACT

to the bachelor's qualification work by the student of group 401 of Petro Mohyla
Black Sea National University

Potuzhnia Yana Oleksandrivna

Topic: " Malaria diagnostic system based on a neural network"

Qualification work is devoted to the development of a malaria diagnostic system based on a neural network.

Object of work – the process of diagnosing malaria using a system that utilizes a neural network for analyzing blood images and detecting the presence of parasites causing malaria.

Subject of work – a neural network for analyzing blood images and detecting the presence of parasites causing malaria.

The purpose – malaria diagnosis using a reliable and fast diagnostic system based on a neural network that can assist doctors and medical personnel in disease detection and improving treatment outcomes.

The first section provides a general overview of the malaria diagnostic problem, including a review of literature sources and statistical data on the prevalence of the disease in different countries worldwide. Additionally, it describes the main methods of malaria diagnosis and analyzes contemporary approaches to disease diagnosis using neural networks, discussing their advantages and capabilities.

The second section describes the overall structure of the malaria diagnostic system based on a neural network and its components, including input data, neural network architecture, training methods, and model testing.

The third section provides a description of the development and implementation of the software realization of the malaria diagnostic system.

The bachelor's qualification work contains 73 pages, 2 tables, 30 figures, 27 sources, 3 supplements.

Keywords: *neural networks, machine learning, malaria, diagnosis.*

ЗМІСТ

ПЕРЕЛІК СКОРОЧЕНЬ	4
ВСТУП.....	5
1 АНАЛІЗ МЕТОДІВ ДІАГНОСТИКИ МАЛЯРІЇ ТА ЗАСТОСУВАННЯ НЕЙРОННИХ МЕРЕЖ В ДІАГНОСТИЦІ	8
1.1 Історія дослідження малярії	8
1.2 Статистика поширення малярії	12
1.3 Основні методи діагностики малярії, їх переваги та недоліки	18
1.4 Сучасні підходи до діагностики захворювань з використанням нейронних мереж	22
Висновки до 1 розділу	26
2 АНАЛІЗ СИСТЕМИ ДІАГНОСТИКИ МАЛЯРІЇ НА ОСНОВІ НЕЙРОННОЇ МЕРЕЖІ.....	28
2.1 Загальна структура та архітектура системи діагностики малярії на основі нейронної мережі	28
2.2 Методи навчання та тестування моделі	32
Висновки до 2 розділу	37
3 ПРОГРАМНА РЕАЛІЗАЦІЯ СИСТЕМИ ДІАГНОСТИКИ МАЛЯРІЇ.....	39
3.1 Вибір мови програмування для реалізації системи діагностики.....	39
3.2 Бібліотека TensorFlow	42
3.3 Розробка системи діагностики малярії на основі нейронної мережі	49
3.4 Тестування та опис роботи інтерфейсу системи діагностики малярії	65
Висновки до 3 розділу	70
ВИСНОВКИ	71

СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ	73
ДОДАТОК А	76
Файл malaria_detection.py	76
ДОДАТОК Б	79
Файл diagnosis.py	79
ДОДАТОК В	81
Файл Malaria_Detection_App.py	81

ПЕРЕЛІК СКОРОЧЕНЬ

WHO (англ. World Health Organization) – світова організації охорони здоров'я

CNN (англ. Convolutional Neural Networks) – згорткові нейронні мережі

RNN (англ. Recurrent Neural Networks) – рекурентні нейронні мережі

BN (англ. Batch normalization) – статистичний метод нормалізації

GPU(англ. Graphics Processing Unit) – графічний процесор

Датасет – набір даних

НМ – нейронна мережа

ПЗ – програмне забезпечення

ВСТУП

Малярія є однією з найпоширеніших та небезпечних інфекційних хвороб, яка викликається паразитами родини Plasmodium та передається комахами – в основному, вірусним комаром. За даними Всесвітньої організації охорони здоров'я, кожного року захворюють близько 200 мільйонів людей, з них понад 400 000 померли. Більшість випадків зараження малярією сталася в країнах Африки та Південно-Східної Азії.

Точна та швидка діагностика малярії є ключовою у боротьбі з цією захворюванням. Хоча існують різні методи діагностики малярії, які включають мікроскопічний аналіз крові та швидкі тести, вони мають свої обмеження та можуть бути неефективними. Наприклад, мікроскопічний аналіз крові може бути часом затягнутим та має низьку чутливість, особливо у випадках, коли зараження є легким або коли інфікована кількість клітин низька. У свою чергу, швидкі тести, хоча є швидкими та зручними для використання, також мають обмежену чутливість та можуть давати помилкові результати, особливо у випадках, коли зараження є легким.

У зв'язку з цим, використання нейронних мереж для діагностики малярії може бути перспективним підходом, що дозволяє підвищити точність та швидкість діагностики.

Використання нейронних мереж для діагностики малярії має значний потенціал для покращення якості та ефективності діагностики. Однією з переваг цього підходу є те, що нейронні мережі можуть розпізнавати складні патерни та зв'язки між даними, що дозволяє отримувати більш точні та надійні результати діагностики.

Крім того, використання нейронних мереж може допомогти знизити час, необхідний для діагностики, що може бути особливо важливим в умовах, коли кожна година може врятувати життя пацієнта. Нейронні мережі також можуть бути широко застосовані в дистанційній діагностиці, дозволяючи медичним

працівникам на віддаленій від пацієнта локації швидко та точно діагностувати захворювання.

Додатково, використання нейронних мереж може дозволити виявити захворювання на ранніх стадіях, коли традиційні методи діагностики можуть бути менш ефективними. Це може допомогти підвищити шанси на успішне лікування та запобігти подальшому поширенню хвороби.

Все це робить використання нейронних мереж у діагностиці малярії дуже перспективним напрямком дослідження. Однак, є потреба у подальшому дослідженні та вдосконаленні цього підходу, щоб забезпечити максимальну точність та надійність діагностики, а також широку доступність до таких технологій для медичних працівників у розвинених та країнах з низьким доходом.

Об'єкт роботи – процес діагностики малярії системою, яка використовує нейронну мережу для аналізу зображень крові та виявлення наявності паразитів, що спричиняють малярію.

Предмет роботи – нейронна мережа для аналізу зображень крові та виявлення наявності паразитів, що спричиняють малярію.

Метою є діагностика малярії з використанням надійної та швидкої системи діагностики на основі нейронної мережі, яка зможе допомогти лікарям та медичному персоналу у виявленні захворювання та покращенні результатів лікування. При цьому, метою є досягнення більш точної та швидкої діагностики, що може збільшити ефективність процесу лікування та покращити прогнози щодо результатів.

Завдання для досягнення поставленої мети:

- аналіз сучасних підходів до діагностики захворювань з використанням нейронних мереж;
- аналіз загальної структури системи діагностики малярії на основі нейронної мережі та її компонентів, зокрема вхідних даних, архітектуру нейронної мережі, методи навчання та тестування моделі;
- розробка та програмна реалізація системи діагностики;

Кафедра інтелектуальних інформаційних систем
Система діагностики малярії на основі нейронної мережі

- навчання нейронної мережі, на основі набору даних;
- тестування розробленої нейронної мережі.

1 АНАЛІЗ МЕТОДІВ ДІАГНОСТИКИ МАЛЯРІЇ ТА ЗАСТОСУВАННЯ НЕЙРОННИХ МЕРЕЖ В ДІАГНОСТИЦІ

1.1 Історія дослідження малярії

Малярія є однією з найбільш поширених та небезпечних хвороб, яка викликається паразитом роду *Plasmodium*. Цей паразит передається людині через укуси комахи-анофелеса, яка є носієм паразита. Хвороба може проявлятися в різних формах, від легкої до тяжкої, і при невчасному лікуванні може призвести до летальних наслідків. Симптомами хвороби є лихоманка, головний біль, слабкість, м'язові болі, а у важких випадках можуть розвинутися серцеві, ниркові і нервові ускладнення, що можуть призвести до смерті.

Малярія протягом історії людства була джерелом значної людської страждання та смертності, особливо в тропічних і субтропічних регіонах, де вона є ендемічною хворобою. Історія дослідження малярії пов'язана з історією медицини та біології, а також з розвитком наукових методів дослідження.

Історія дослідження малярії сягає далекої історії людства. Перші згадки про малярію датуються близько 2700 року до нашої ери. В китайському медичному довіднику "Nei Jing" (Внутрішня книга) було описано симптоми хвороби, яка називалася «жовтяницею через холод», і, ймовірно, це була перша згадка про малярію.

Гіппократ (430-377 рр. до н.е) відносив малярію до групи гарячкових хвороб, називаючи її «болотяна лихоманка» і вперше вказав на зв'язок цієї хвороби з «вологим кліматом» і «нездоровою водою» [1]. Також у давній Греції було відомо про хворобу, яка характеризувалася гарячкою та міжпроміжними періодами полегшення симптомів.

У середньовічній Європі малярія залишалася розповсюдженою хворобою, особливо в регіонах з вологою кліматичною зоною. У той час хворобу називали «високою лихоманкою», а лікували її сухими травами та гарячими купелями.

Одним з перших описів малярії як окремої хвороби було зроблено у XVII столітті італійським лікарем Франческо Реді. Він вивчав епідемію, яка виникла в околицях Риму в 1630 році, та вперше описав симптоми малярії, що називався «терціана» та «квартанна». В історії малярії окремо слід виділяти дату 1640 р., коли Хуан Дель Веґо для лікування хворого малярією застосував настій кори хінного дерева (рис. 1.1).



Рисунок 1.1 – Кора хінного дерева, відомий антималярійний засіб

Збудник малярії був відкритий в 1880 р. французьким лікарем Шарлем Луї Альфонсом Лавераном, який працюючи в Алжирі, при дослідженні крові хворого малярією виявив в еритроцитах рухливі включення(рис. 1.2). Він докладно описав їх морфологію і припустив, а потім довів їх тваринну природу [1].

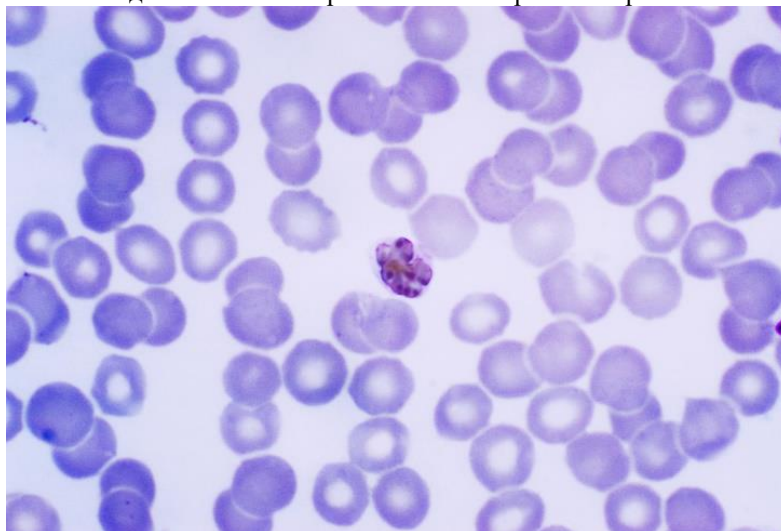


Рисунок 2.2 – Червоні кров'яні тільця, заражені малярією

У 1897 р. англійський військовий лікар Рональд Росс, який служив в Індії, відкрив переносника малярії людини – комарів *Anopheles*, а в 1898 р. – переносника малярії птахів – комарів *Culex*. Ці відкриття поглибили італійські вчені, які розшифрували розвиток плазмодіїв в комарів *Anopheles* (Д.Б. Грассі, Бастіанеллі, А. Біньямі, 1898 р.).

У 1887 р. австрійський лікар Ю. Вагнер-Яуреґ запропонував, а в 1917 р. застосував на практиці зараження малярією хворих нейросифілісом як метод пірогенного лікувального ефекту.

Згодом Р. Росс (1902), А. Лаверан (1907) та Ю. Вагнер-Яуреґ (1927) були удостоєні за свої дослідження в області малярії Нобелівської премії.

З 1930-х років науковці почали активно досліджувати малярію, зокрема її причинника - плазмодію. У 1933 році американський мікробіолог Полінг зумів вирощувати плазмодію в пробірці, що значно спростило її дослідження. У 1944 році учений Джуліус Вагнер-Яуреґ відкрив, що малярійний паразит має складний життєвий цикл, який передбачає зміну між двома формами - спорозойтом і трофозоїтом - в організмі комара-вектора та людини.

У 1940-х та 1950-х роках були розроблені перші ефективні лікарські засоби для лікування малярії - хлорохін, сульфадоксін та піриметамін. Проте через поширення резистентності паразитів до цих засобів, вони стали менш

ефективними. У 1970-х роках було винайдено нові лікарські засоби, зокрема фанцидар та мефлохін, які були ефективнішими в порівнянні зі старими препаратами [2].

У 1980-х роках почалися спроби розробити вакцину проти малярії. У 1987 році почалися клінічні випробування вакцини РТС,S/AS01, яка використовує рекомбінантні білки, що імітують структуру поверхневого білка плазмодії [3-4] (див. рис. 1.3).



Рисунок 3.3 – Вакцина РТС,S/AS01(торгова назва Mosquirix)

У 2015 році ця вакцина була затверджена Всесвітньою організацією охорони здоров'я для використання в країнах з високою поширеністю малярії.

Малярія є однією з найбільш поширених та небезпечних інфекційних хвороб у світі. Вона може впливати на життя людей у багатьох різних аспектах.

Наприклад, малярія може призводити до серйозних ускладнень, таких як гостра ниркова недостатність, порушення роботи печінки та легенів, відмова серцево-судинної системи та навіть смерть. Особливо вразливі до малярії діти та вагітні жінки, які можуть розвивати небезпечні форми хвороби, такі як мозкова малярія.

Малярія також може мати великий економічний вплив, особливо у країнах з високою поширеністю цієї хвороби. Захворювання на малярію може призводити до зменшення продуктивності працівників, збільшення витрат на охорону здоров'я та втрати доходів від туризму.

Крім того, малярія може впливати на соціальний розвиток країн. Наприклад, вона може призводити до відсутності дітей у школах та змушувати батьків витратити кошти на лікування дітей, замість того, щоб вкладати їх у розвиток своїх сімей та громад.

Також варто зазначити, що малярія є зовнішнім фактором, який може впливати на розвиток інших захворювань. Наприклад, люди, які хворіють на малярію, можуть бути більш схильні до зараження іншими інфекційними хворобами, такими як ВІЛ/СНІД та туберкульоз.

1.2 Статистика поширення малярії

Статистика поширення малярії в різних країнах світу є важливим індикатором для визначення дієвості програм контролю та профілактики цієї захворюваності. За даними Світової організації охорони здоров'я (WHO), малярія є однією з найбільш небезпечних хвороб у світі, особливо у країнах з низьким рівнем економічного розвитку.

Згідно з даними Світової організації охорони здоров'я (WHO) на 2020 рік, було зареєстровано понад 229 мільйонів випадків малярії у світі, що призвело до більше ніж 409 тисяч смертей [5]. Особливо великий вплив малярії спостерігається в країнах Південної Азії, Південної Америки та Африки.

Африка є регіоном з найвищою кількістю випадків малярії у світі. За даними WHO, країни Африки є головними джерелами захворювання на малярію у світі, що становить більше 90% всіх випадків та понад 400 тисяч смертей щорічно.

Країни Африки, що найбільше страждають від малярії – Нігерія, Демократична Республіка Конго, Уганда, Мозамбік, Бурунді та Танзанія(рис. 1.4).

У цих країнах випадки малярії є загальним явищем, особливо серед дітей та бідних верств населення. За даними WHO, у 2019 році понад 90% випадків малярії в Африці зареєстровано в 29 країнах, де 15 з них мають високий рівень зараженості [5].

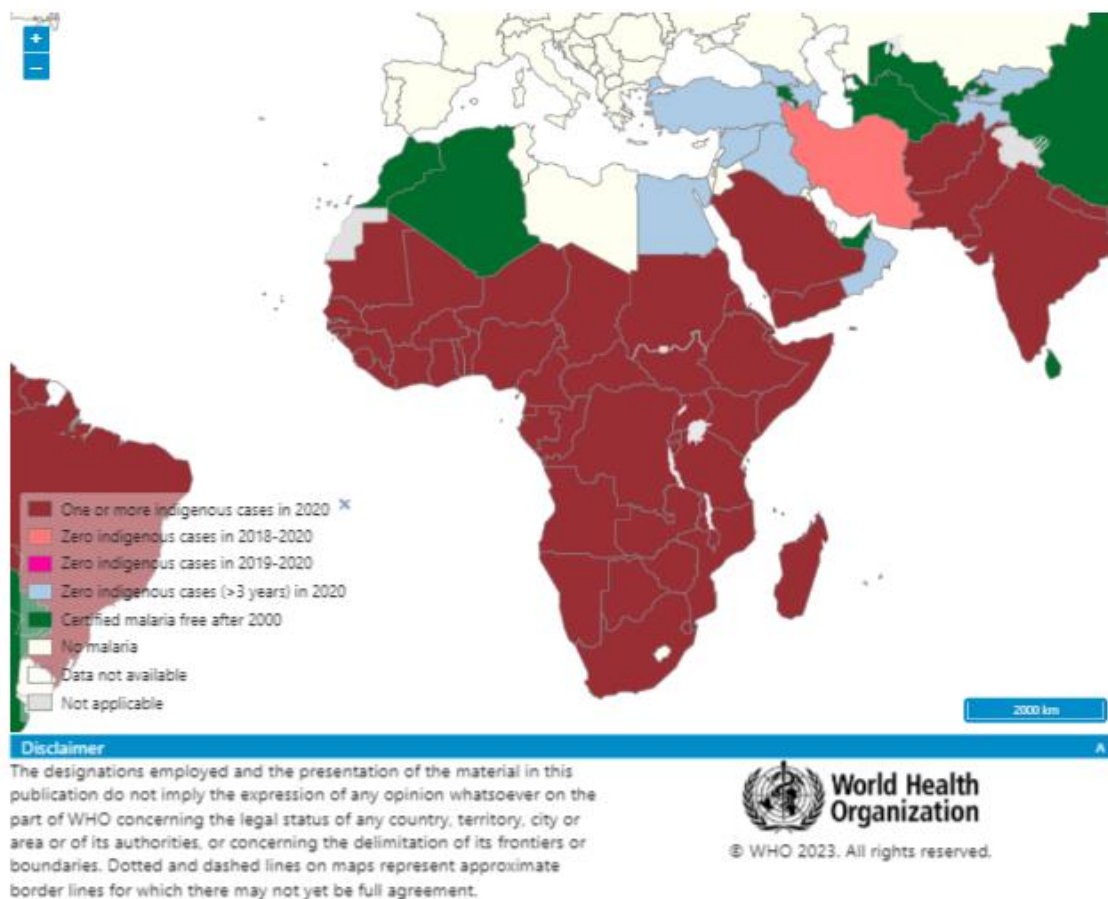


Рисунок 4.4 – Стан захворюваності на малярію серед корінного населення країн Африки за даними WHO

Основна причина високої зараженості малярією в Африці полягає в поширенні там вектора хвороби – комарів роду *Anopheles*, які відіграють важливу роль у передачі хвороби від однієї людини до іншої. Крім того, з низьким рівнем економічного розвитку та доступу до медичної допомоги у більшості країн Африки, профілактика та лікування малярії є недостатньою.

Незважаючи на це, за даними WHO, з 2000 року кількість смертей від малярії в Африці зменшилася на 44% [5], завдяки успішним програмам контролю

Кафедра інтелектуальних інформаційних систем
Система діагностики малярії на основі нейронної мережі
та профілактики, таким як використання москітних сіток, профілактика
лікарськими препаратами та зменшення розповсюдження хвороби.

Малярія є значною проблемою здоров'я в країнах Південно-Східної Азії, зокрема в таких країнах, як Індія, Бангладеш, Таїланд, Індонезія, Філіппіни, М'янма та Камбоджа (рис. 1.5). В цих країнах малярія є однією з основних причин смерті від інфекційних хвороб.

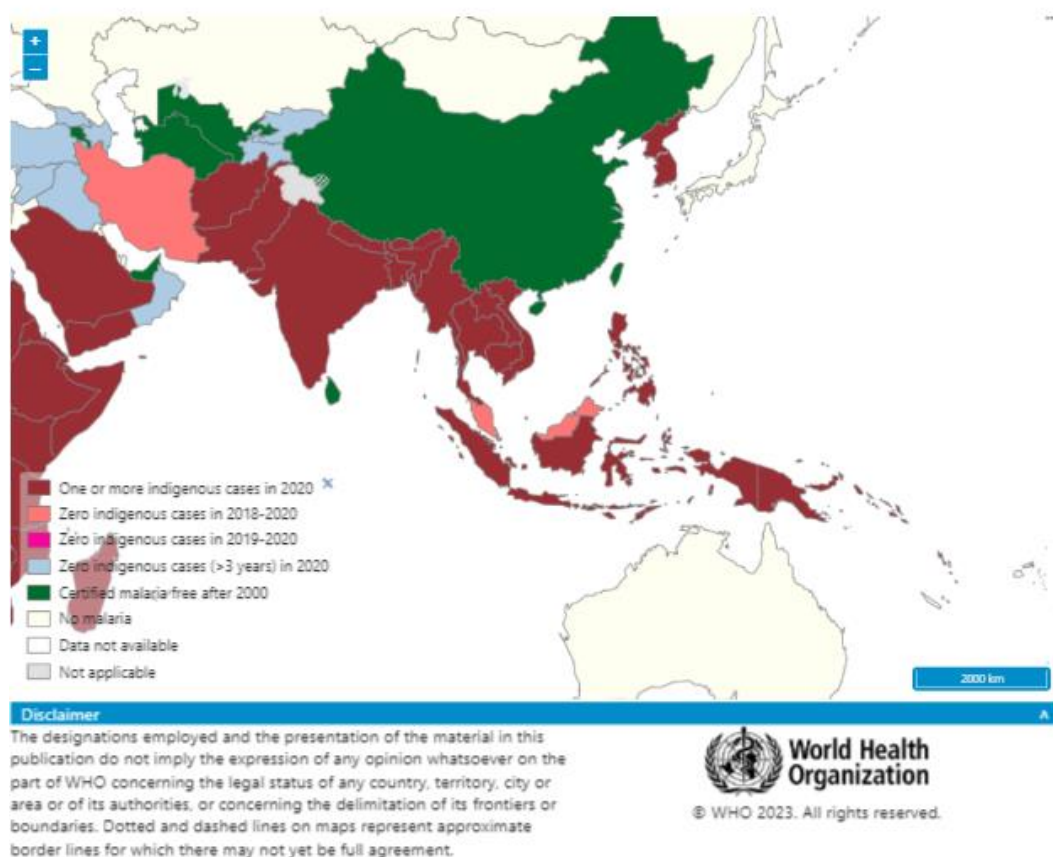


Рисунок 5.5 – Стан захворюваності на малярію серед корінного населення країн Південно-Східної Азії за даними WHO

Згідно з даними WHO, у 2020 році у Південно-Східній Азії було зафіксовано більше 17 мільйонів випадків малярії, що складає понад 40% від усього світового випадків за цей рік [5]. Крім того, цей регіон має найвищу смертність від малярії серед усіх регіонів світу, де відзначається більше 33 тисяч смертей від цієї хвороби у 2020 році.

Найбільш поширеною формою малярії у Південно-Східній Азії є вівакс, а також фальципарум-малярія. За даними WHO, вівакс-малярія складає більшість випадків малярії в регіоні, особливо в Індії, Бангладеш, Непалі та Пакистані. Фальципарум-малярія є більш поширеною на південному заході Таїланду та в країнах, що межують з М'янмою та Камбоджою.

Південна Америка – це регіон зі значною кількістю країн, що різняться за своєю епідеміологією та станом боротьби з малярією. Загалом, захворюваність на малярію в Південній Америці низька порівняно з Африкою та Південно-Східною Азією.

Згідно з даними WHO, захворюваність на малярію в Південній Америці зменшується з року на рік. У 2020 році зареєстровано 253 000 випадків малярії, що становить менше 1% всіх випадків у світі. Найбільші країни, що зазнають негативного впливу малярії в Південній Америці, це Бразилія, Колумбія, Перу та Венесуела [5] (рис. 1.6). Вони мають найбільшу кількість випадків малярії в регіоні.

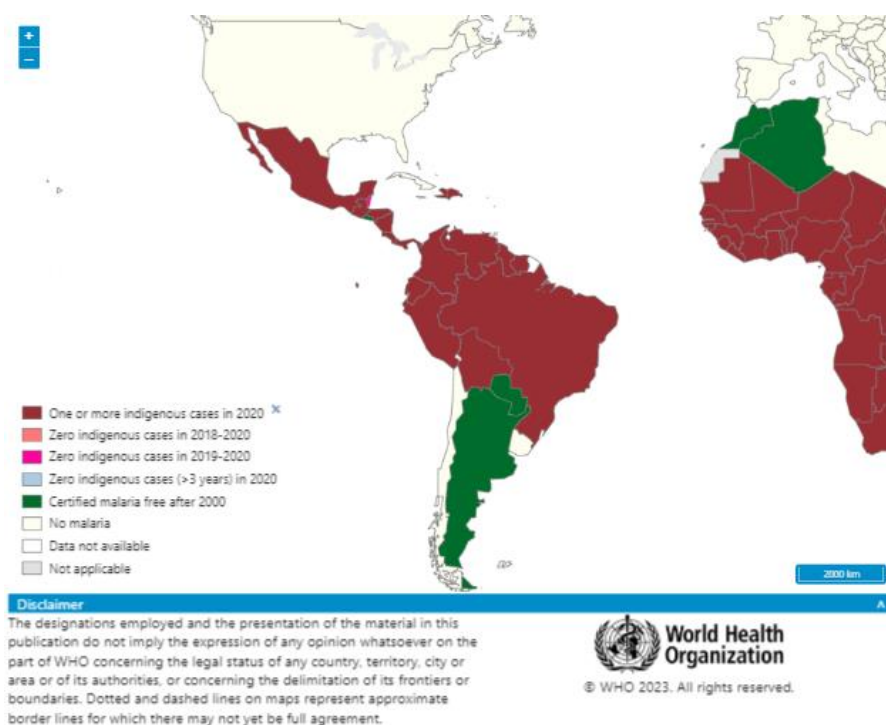


Рисунок 6.6 – Стан захворюваності на малярію серед корінного населення країн Південної Америки за даними WHO

У 2020 році в Бразилії було зафіксовано 187 000 випадків малярії, що становить понад 70% від усіх випадків в регіоні. Колумбія становить другу за величиною кількістю випадків малярії в регіоні, зареєструвавши 56 000 випадків у 2020 році [5]. Щодо Перу та Венесуели, то вони мають меншу кількість випадків, але вони все ще зазнають негативного впливу малярії.

Захворюваність на малярію в Південній Америці залежить від кількох факторів, включаючи кліматичні умови, рівень економічного розвитку, доступність лікування та профілактики.

За даними Всесвітньої організації охорони здоров'я (ВНО), на 2021 рік існує 41 країна, які отримали офіційний статус "вільні від малярії" [5]. Серед цих країн є як розвинуті, так і країни, які тільки розвиваються. Деякі з них:

- Аргентина (місцеві випадки малярії були останній раз зареєстровані у 2010 році);
- Азербайджан (останній раз малярія зареєстрована у 2001 році);
- Ірландія (останній раз малярія зареєстрована у 1958 році);
- Італія (останній раз малярія зареєстрована у 1970 році);
- Японія (останній раз малярія зареєстрована у 1970 році);
- Сінгапур (останній раз малярія зареєстрована у 1984 році);
- Мексика (останній раз малярія зареєстрована у 2019 році);
- Саудівська Аравія (останній раз малярія зареєстрована у 2008 році);
- Шрі-Ланка (останній раз малярія зареєстрована у 2012 році);
- Узбекистан (останній раз малярія зареєстрована у 2010 році).

Проте важливо зазначити, що статус "вільні від малярії" не означає, що ці країни повністю звільнені від ризику зараження малярією. Деякі країни, які отримали цей статус, все ще можуть мати деякі локальні випадки малярії, або можуть бути підвищений ризик зараження у певних регіонах або сезони року.

Малярія є рідкісним захворюванням в США, тому що вірус переноситься лише через комах і не має прямого контакту з людьми. Звіти Centers for Disease 2023 р.

Control and Prevention (CDC) показують, що в США кількість випадків малярії зазвичай становить менше ніж 200 на рік, з більшістю випадків, що пов'язані з подорожами за кордон.

Більшість випадків малярії в США становлять імпортовані випадки, тобто люди, які заразилися хворобою в інших країнах і потім в'їхали до США. За даними CDC, більшість імпортованих випадків малярії в США пов'язані з подорожами до країн, де малярія є ендемічною, такими як країни Південної Азії, Африки та Латинської Америки.

У США існує програма контролю за малярією, що має на меті забезпечити, щоб малярія не стала поширеною хворобою. Ця програма здійснюється CDC та включає низку заходів, таких як моніторинг і контроль комах, що передають хворобу, та розробку та поширення протоколів лікування та профілактики.

Загалом, хоча малярія є рідкісною хворобою в США, важливо дотримуватися заходів профілактики та захисту від комах під час подорожей до країн, де малярія є ендемічною.

Малярія не часто зустрічається в Європі. За останні десятиліття відбулося значне зменшення випадків зараження, і в даний час малярія не є проблемою громадського здоров'я в більшості країн Європи. За даними WHO, у 2020 році було зареєстровано лише 235 випадків малярії в Європі, що є значно менше порівняно з роком 2000, коли було зафіксовано 1005 випадків.

У Європі відмічені лише деякі локальні випадки зараження малярією, що пов'язані з імпортом хвороби внаслідок міжнародних подорожей. Через це малярія в Європі переважно є проблемою для мігрантів або для людей, які подорожують в країни з високим ризиком зараження малярією, такі як країни Африки та Південно-Східної Азії.

Найбільше випадків малярії в Європі відзначаються в країнах, що межують з країнами, де хвороба є більш поширеною. Наприклад, в Італії, зокрема на південному заході країни, було зареєстровано декілька випадків малярії, які були

пов'язані з імпортом хвороби внаслідок міжнародних подорожей. У Греції та Франції також були зафіксовані локальні випадки зараження малярією.

Загалом, у Європі проводяться різноманітні заходи для контролю за малярією, такі як моніторинг імпорту хвороби, профілактика приїздів та підготовка медичного персоналу для виявлення та лікування хвороби.

За даними МОЗ України, останній випадок малярії в Україні був зафіксований у 2018 році. В цьому випадку хворобу діагностували у громадянина Нігерії, який перебував на території України.

Однак, в зв'язку з міжнародними переміщеннями населення та збільшенням туристичного потоку, ризик внесення і поширення малярії в Україні все ще існує. Тому Міністерство охорони здоров'я регулярно проводить превентивні заходи з метою запобігання виникненню та поширенню захворювання на території України. Наприклад, проводиться моніторинг населення, яке повертається з країн, де висока поширеність малярії, та проводиться дезінфекція транспорту та багажу пасажирів. Також регулярно проводиться інформаційна робота з населенням щодо профілактики малярії.

Загалом, станом на сьогоднішній день ризик зараження малярією в Україні є низьким, однак, необхідно дотримуватись правил профілактики зараження, особливо при подорожах в країни з високим рівнем поширення малярії.

1.3 Основні методи діагностики малярії, їх переваги та недоліки

Діагностика малярії може бути виконана за допомогою різноманітних методів, включаючи клінічну, мікроскопічну, імунологічну та молекулярну.

Клінічний метод діагностики малярії заснований на клінічних ознаках захворювання, таких як лихоманка, холодний піт, головний біль, м'язовий біль і слабкість, що пов'язані з інфекцією плазмодії.

Для виконання клінічної діагностики малярії лікар повинен оглянути хворого і дізнатися про його симптоми. Найважливішим симптомом є пікова лихоманка, яка повторюється через певні інтервали часу, що відповідає періодам

життєвого циклу плазмодії в крові людини. Крім того, можуть бути наявні такі симптоми, як блідість шкіри, жовтизна, сплеск селезінки і печінки, анемія, судоми і нездужання.

Однак клінічний метод діагностики не є досить точним, оскільки симптоми малярії можуть бути схожими на симптоми інших захворювань, таких як грип, денге, лихоманка Зіка та інші інфекційні захворювання, що поширені в тих самих регіонах, де відбувається передача малярії. Клінічний метод діагностики може бути ефективним в разі зрілого паразита, але він не є достатньо чутливим для виявлення інфекційних агентів у крові на ранніх стадіях захворювання. Тому, для точної діагностики малярії використовують лабораторні методи дослідження, такі як мікроскопія та молекулярні методи [6-10].

Мікроскопічний метод діагностики малярії - це золотий стандарт для визначення наявності малярійних паразитів в крові. Цей метод ґрунтується на візуалізації паразитів під мікроскопом в крові хворого.

Метод полягає в підготовці крові хворого на мікроскопічне дослідження. Для цього зазвичай беруть каплю крові з пальця пацієнта і наносять на склянку для мікроскопії. Далі кров забарвлюють спеціальними барвниками, що дозволяють краще визначати наявність малярійних паразитів.

Для визначення наявності малярії під мікроскопом досліджують кров і шукають малярійні паразити – *Plasmodium falciparum*, *Plasmodium vivax*, *Plasmodium malariae*, *Plasmodium ovale*. Ці паразити мають характерні морфологічні ознаки, які допомагають їх візуалізувати під мікроскопом. Визначають кількість паразитів у крові, що дозволяє оцінити ступінь тяжкості захворювання [6-10].

Цей метод є дуже точним, але вимагає наявності кваліфікованого персоналу та спеціального обладнання. Він може виявляти навіть одиниці малярійних паразитів у крові, що дозволяє рано виявляти захворювання і вчасно розпочати лікування.

Мікроскопічний метод діагностики малярії є одним з найпоширеніших методів діагностики малярії в світі, особливо у країнах з високим рівнем захворюваності на малярію.

Хоча мікроскопічний метод діагностики малярії є стандартним і широко використовується для виявлення паразита, він також має свої недоліки.

Одним з головних недоліків є те, що для правильної інтерпретації результатів тестування необхідний досвід і кваліфікація мікроскопіста. Неправильне читання результатів може призвести до помилкової діагностики, що може мати негативні наслідки для лікування хворих та дієвості контролю над захворюванням [6-10].

Також мікроскопічний метод має низьку чутливість для виявлення низького рівня інфекції, що може призвести до помилкової діагностики, особливо в початковій стадії захворювання.

Крім того, мікроскопічний метод вимагає прямого взяття крові з пацієнта, що може бути болісним та викликати дискомфорт, та потребує обладнання, яке не завжди доступне в розвинутих та нерозвинутих країнах.

Останнім часом розвиваються інші методи діагностики малярії, такі як швидкі тести та молекулярні методи, які можуть бути більш чутливими та точними, але вони не завжди доступні або ефективні для масштабних досліджень та контролю за захворюванням у бідних країнах.

Імунологічний метод діагностики малярії використовує антитіла, які виробляються організмом відповідно до інфекції плазмодією. Цей метод може бути використаний для виявлення наявності антитіл у крові пацієнта, які борються з інфекцією.

Імунологічний метод включає різні тести, зокрема тести на швидку діагностику малярії (RDT), які широко використовуються в країнах з високим рівнем зараження плазмодією. Ці тести можуть бути здійснені на місці і не потребують складної лабораторної апаратури або високо кваліфікованого персоналу [6-10].

RDT тести містять антитіла, які реагують з антигенами, що присутні в крові пацієнта. Якщо тест позитивний, то можна стверджувати, що пацієнт інфікований малярією. Ці тести зазвичай не дають інформації про тип плазмодії, що викликає інфекцію, і можуть мати обмежену точність.

Імунологічний метод також може використовуватись для виявлення плазмодії в крові за допомогою ELISA-тесту, який вимірює концентрацію антитіл. Цей тест може бути більш точним, ніж RDT тести, але вимагає більш складної лабораторної апаратури та кваліфікованого персоналу.

Хоча імунологічний метод діагностики малярії є швидким і простим, а також дає можливість визначити конкретний вид плазмодії, він має деякі недоліки.

Одним з основних недоліків імунологічного методу є можливість отримання хибних результатів, зокрема, якщо в крові є антитіла до плазмодії, але вона не є причиною захворювання. Це може статися у випадку, наприклад, коли людина має антитіла, які були сформовані внаслідок контакту з плазмодією у минулому, але в даний момент він не заражений.

Також, імунологічний метод не дозволяє визначити стадію захворювання та не може виявити малі колонії плазмодії, що може призвести до неправильної діагностики та лікування.

До інших недоліків імунологічного методу можна віднести складність в підготовці та зберіганні реагентів, а також високу вартість дослідження порівняно з мікроскопічним методом.

Молекулярний метод діагностики малярії використовується для виявлення наявності ДНК плазмодії в крові пацієнта. Цей метод є дуже чутливим і може виявляти плазмодії навіть в тих випадках, коли їх кількість дуже невелика. Молекулярний метод діагностики малярії може бути застосований для діагностики будь-якого типу малярії, включаючи викликану *Plasmodium falciparum*, що є найбільш небезпечним видом [6-10].

Метод полягає у виявленні ДНК плазмодії за допомогою полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР). У цьому методі зразок крові пацієнта змішується з

спеціальними пробами, які містять певні фрагменти ДНК плазмодії. Якщо плазмодійна ДНК присутня в зразку, то вона зв'язується з пробною, і з'являється сигнал на приладі, що підтверджує наявність малярії у пацієнта [6-10].

Молекулярний метод діагностики малярії має декілька переваг порівняно з іншими методами діагностики, такими як висока чутливість та специфічність, можливість діагностики навіть при низькій кількості плазмодій у крові та можливість автоматизації тестування. Однак, цей метод діагностики має свої недоліки, такі як складність у виконанні, високі витрати та необхідність висококваліфікованого персоналу та спеціального обладнання.

1.4 Сучасні підходи до діагностики захворювань з використанням нейронних мереж

Нейронні мережі (НМ) дозволяють здійснювати діагностику захворювань швидше та точніше, ніж застарілі методи, такі як діагностика за симптомами або прості медичні тести. Сучасні підходи до діагностики захворювань з використанням нейронних мереж мають на меті створення систем, які можуть автоматично виявляти певні ознаки захворювання на основі вхідних даних.

Одним з найбільш поширених застосувань нейронних мереж в медицині є діагностика захворювань на основі зображень, наприклад, рентгенівських знімків, МРТ-знімків та інших. Зазвичай для цього використовують глибокі нейронні мережі, такі як згорткові нейронні мережі (Convolutional Neural Networks, CNN), що вміють автоматично виявляти ознаки на зображеннях, пов'язані з конкретним захворюванням.

Для діагностики захворювань можуть використовуватися різні види НМ, такі як згорткові нейронні мережі (CNN) або рекурентні нейронні мережі (RNN).

Згорткові нейронні мережі (Convolutional Neural Networks, CNN) є найбільш поширеним типом нейронних мереж для діагностики захворювань на основі зображень. Використання CNN у діагностиці хвороб полягає у використанні цих

мереж для автоматичного виявлення ознак на зображеннях, пов'язаних з конкретним захворюванням.

Наприклад, для діагностики раку легенів за допомогою згорткових нейронних мереж можна використовувати рентгенівські знімки легенів. Для цього згорткова нейронна мережа проходить через зображення з множини фільтрів, що змінюють форму та вимірюють рівень освітлення на зображенні. Потім ці фільтри обробляються за допомогою підсумкової функції (pooling), що зменшує розмір зображення, зберігаючи тим самим важливі ознаки.

Отримані ознаки передаються в повнозв'язані шари мережі, які відповідають за кінцеву класифікацію. Для різних видів хвороб можна використовувати різні згорткові нейронні мережі, які навчаються розпізнавати відповідні ознаки.

Одним з прикладів успішного застосування згорткових нейронних мереж у діагностиці хвороб є використання CNN для діагностики раку молочної залози. У дослідженні, опублікованому у журналі Nature у 2017 році, була створена згорткова нейронна мережа, яка навчалася розпізнавати рак молочної залози на основі мамографічних зображень. Результати показали, що ця мережа має високу точність (більше 90%) у виявленні раку молочної залози.

Використання нейронних мереж для діагностики хвороб широко висвітлюється в багатьох наукових статтях. Наприклад, Стаття "Deep learning in medical imaging: a review" була опублікована в 2018 році в журналі Medical Image Analysis [11]. У ній розглядається застосування згорткових нейронних мереж для діагностики хвороб на основі зображень, отриманих за допомогою різних методів медичного зображення.

У статті описано різні аспекти використання нейронних мереж у медичній практиці, включаючи обробку зображень, класифікацію та сегментацію об'єктів на зображеннях. Розглянуто також різні методи тренування нейронних мереж, включаючи методи, що використовують змішані навчальні набори даних.

Автори статті наводять приклади застосування згорткових нейронних мереж у діагностиці різних хвороб, таких як рак легенів, рак мозку, діабетична

ретинопатія та інші. Вони також розглядають питання ефективності та точності систем, що використовують нейронні мережі в порівнянні з іншими методами діагностики.

У заключній частині статті вказано на потенційні переваги та обмеження використання згорткових нейронних мереж у медичній практиці. Вони вказують на необхідність дослідження додаткових методів тренування та використання змішаних навчальних наборів даних, щоб зробити системи діагностики більш точними та ефективними.

Загалом, стаття надає високорівневий огляд застосування згорткових нейронних мереж у медичній практиці та наводить приклади їх успішного використання в діагностиці різних хвороб.

Іншим прикладом використання нейронних мереж в діагностиці є стаття "Diagnosis of skin cancer using deep learning", яка була опублікована в журналі *Frontiers in Medicine* в 2018 році [12]. У цій статті автори досліджують застосування згорткових нейронних мереж для діагностики раку шкіри на основі фотографій шкіри.

У статті описується методологія, використана для навчання згорткових нейронних мереж для розпізнавання певних ознак раку шкіри на фотографіях, таких як нерівномірність форми, кольору та текстури пухлин. Використовуючи навчальний набір даних, що складається з більш як 12 000 фотографій, автори навчали згорткову нейронну мережу розпізнавати ознаки раку шкіри на фотографіях.

Автори статті описують результати експериментів, які показали, що застосування згорткових нейронних мереж може бути ефективним засобом діагностики раку шкіри. Зокрема, що згорткова нейронна мережа має високу точність (понад 90%) у розпізнаванні раку шкіри на фотографіях.

У заключній частині статті автори обговорюють можливі переваги використання згорткових нейронних мереж для діагностики раку шкіри, такі як

висока точність та швидкість діагностики. Також було описано потенційні виклики, пов'язані з розповсюдженням таких систем у практиці.

В підсумку, стаття досліджує застосування згорткових нейронних мереж для діагностики раку шкіри на основі фотографій шкіри. Вона демонструє, що такі системи можуть бути ефективним засобом діагностики та можуть мати значний потенціал у практичному застосуванні.

Інший підхід до діагностики захворювань з використанням нейронних мереж полягає у використанні моделей машинного навчання для аналізу даних пацієнтів, наприклад, симптомів, історії захворювань та інших характеристик. Це може допомогти встановити діагноз та рекомендувати оптимальний курс лікування.

Крім того, нейронні мережі можуть бути використані для діагностики захворювань на основі даних з різних джерел, таких як сигнали від приладів або лабораторні результати. Наприклад, можна застосовувати рекурентні нейронні мережі (Recurrent Neural Networks, RNN) для аналізу часових послідовностей сигналів, таких як електрокардіограми, для виявлення серцево-судинних захворювань. В цьому випадку модель може навчатися виявляти ознаки, які пов'язані з певними захворюваннями та встановлювати діагноз на основі цих даних.

Цікавим дослідженням використання рекурентних нейронних мереж в діагностиці є стаття "Predicting early psychiatric readmission with natural language processing and deep recurrent neural networks". Ця стаття, опублікована в журналі *Translational Psychiatry* у 2018 році, досліджує застосування рекурентних нейронних мереж (RNN) для прогнозування ранніх психіатричних повторних госпіталізацій. Автори використали нейронну мережу для аналізу натуральної мови пацієнтів, які були госпіталізовані з психіатричними розладами [13].

У дослідженні було використано дані медичних записів та інших клінічних даних з 3797 пацієнтів, які були госпіталізовані з психіатричними розладами в період з 2010 по 2014 роки. Автори застосували RNN для аналізу текстових даних

з медичних записів та інших джерел, щоб прогнозувати ризик ранньої повторної госпіталізації.

Результати дослідження показали, що RNN може допомогти в прогнозуванні ризику повторної госпіталізації з точністю понад 80%. Також було виявлено, що RNN може бути ефективнішою у прогнозуванні ранніх повторних госпіталізацій, ніж традиційні методи аналізу даних.

Отримані результати можуть бути корисні для покращення якості догляду за пацієнтами з психіатричними розладами та зменшення ризику повторної госпіталізації. Крім того, це дослідження може бути корисним для розробки нових підходів до прогнозування ризиків розвитку інших захворювань з використанням RNN та інших методів машинного навчання.

Висновки до 1 розділу

Застосування нейронних мереж в діагностиці хвороб є дуже перспективним напрямом досліджень, оскільки вони можуть допомогти у прогнозуванні ризиків розвитку захворювань та в розробці нових методів діагностики. Зокрема, згорткові нейронні мережі можуть бути ефективними у класифікації зображень, наприклад, у виявленні пухлин на зображеннях медичних обстежень. Рекурентні нейронні мережі можуть бути використані для аналізу текстових даних, що дозволяє здійснювати прогнозування ризиків розвитку захворювань на основі медичних записів пацієнтів.

Водночас, необхідно враховувати, що ефективність застосування нейронних мереж залежить від якості вхідних даних та вибраної архітектури мережі. Також потрібно враховувати етичні та правові аспекти використання нейронних мереж у медичних дослідженнях, зокрема, забезпечення конфіденційності та захисту персональних даних пацієнтів.

У цілому, застосування нейронних мереж в діагностиці хвороб є перспективним напрямом досліджень, який може допомогти у покращенні діагностики та лікування різних захворювань.

Спираючись на небезпеку яку представляє собою малярія та високу ефективність діагностики з використанням нейронних мереж було прийнято рішення розробити надійну та швидку систему діагностики малярії на основі нейронної мережі, яка зможе допомогти лікарям та медичному персоналу у виявленні захворювання та покращенні результатів лікування.

2 АНАЛІЗ СИСТЕМИ ДІАГНОСТИКИ МАЛЯРІЇ НА ОСНОВІ НЕЙРОННОЇ МЕРЕЖІ

2.1 Загальна структура та архітектура системи діагностики малярії на основі нейронної мережі

Згорткові нейронні мережі (Convolutional Neural Networks, CNN) є типом глибоких нейронних мереж, що зазвичай використовуються для обробки зображень. Витоки згорткових нейронних мереж сягають 1970-х років. Але основоположною статтею, яка визначила сучасну тематику згорткових мереж, стала стаття 1998 року "Навчання на основі градієнта, застосоване до розпізнавання документів" Яна Лекуна, Леона Ботту, Йошуа Бенгію та Патріка Хаффнера. За допомогою згорткових шарів та підвибіркових шарів, CNN здатні автоматично відповідати на запитання зображення, наприклад, визначати, що на зображенні зображено кіт або собака(рис. 2.1) [14].

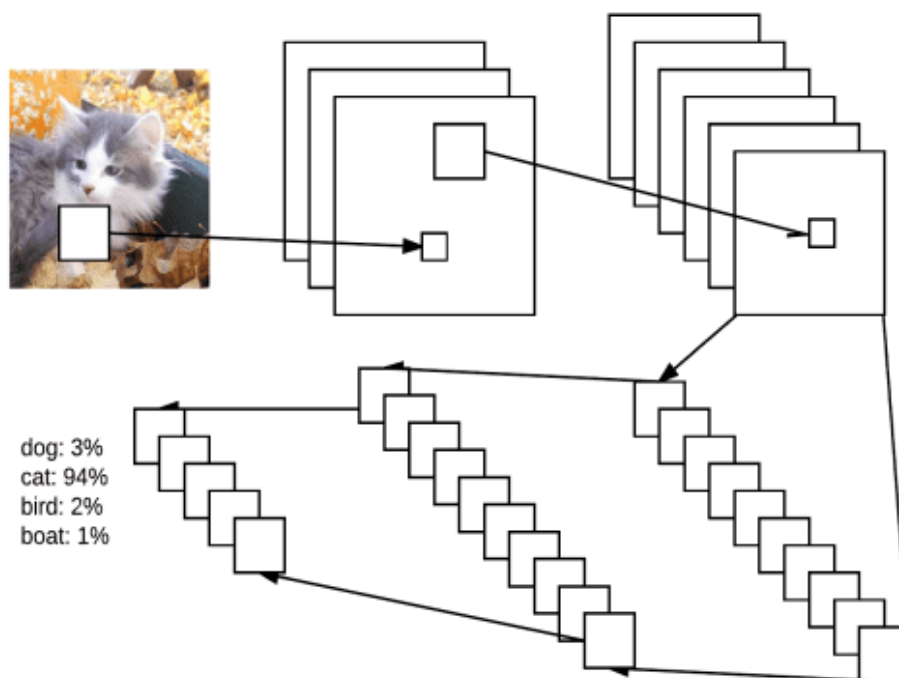


Рисунок 2.1 – Схематичне зображення роботи згорткових нейронних мереж

Основною ідеєю згорткових нейронних мереж є використання згортки (convolution) для виявлення локальних ознак зображення, таких як кути, краї, текстури тощо. Згортка виконується шляхом переміщення фільтру (який є невеликим масивом чисел) по зображенню та обчислення скалярного добутку між кожним елементом фільтру та відповідними пікселями на зображенні. Результатом згортки є карта ознак, яка відображає, які ознаки зображення знаходяться в кожній його частині (рис. 2.2) [15,16].

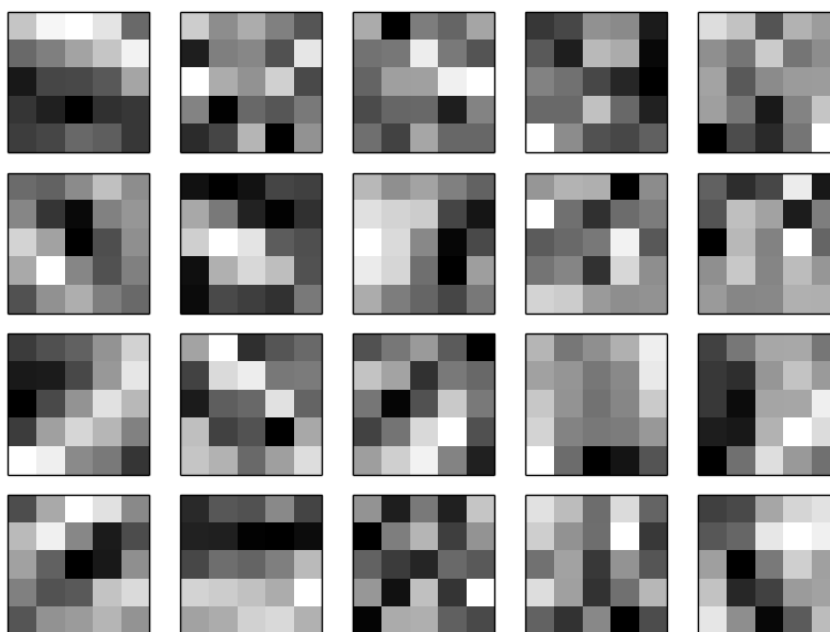


Рисунок 2.2 – Схематичне зображення карти ознак представлено у вигляді зображення блоку 5×5

Наприклад, якщо фільтр містить шаблон для виявлення горизонтальних країв, то він буде визначати горизонтальні лінії на зображенні. Якщо фільтр містить шаблон для виявлення кругових форм, то він буде визначати круглі об'єкти на зображенні.

Важливо зазначити, що фільтри, які використовуються в згортках, навчаються під час тренування згорткової нейронної мережі (рис. 2.3). Початково

вони можуть бути випадковими, але після кількох епох навчання, вони стають оптимальними для конкретної задачі, яку вирішує згорткова нейронна мережа.

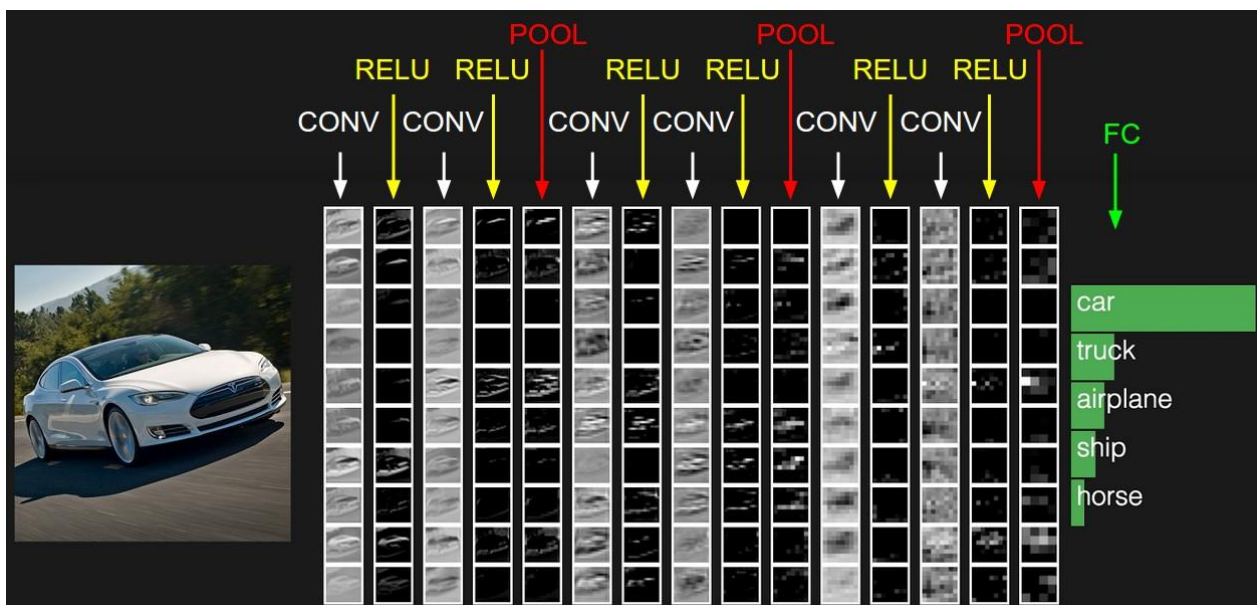


Рисунок 2.3 – Застосування фільтрів в згорткових нейронних мережах

Далі, до карти ознак застосовуються підвибіркові шари, які зменшують розмір зображення та допомагають уникнути перенавчання (рис. 2.4). Після кількох згорткових та підвибіркових шарів, дані згладжуються та передаються до повнозв'язного шару для класифікації зображення на конкретні класи [15].

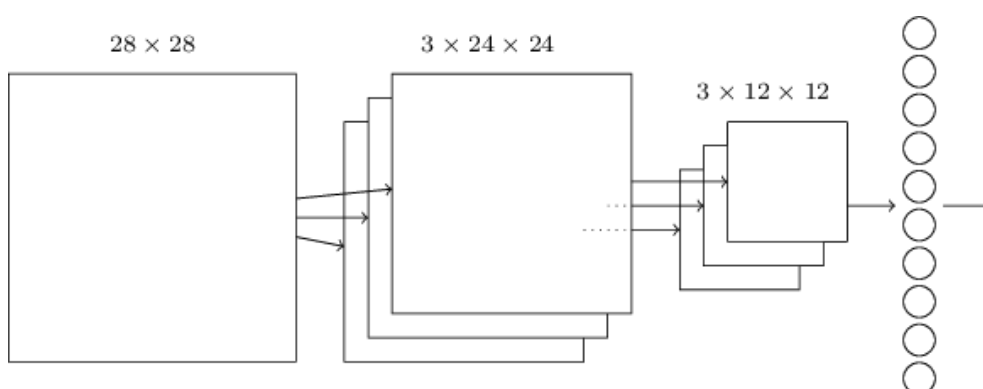


Рисунок 2.4 – Поетапна діагностика зображень згортковою нейронною мережею

Зазвичай CNN складається з декількох повторюючихся блоків, кожен з яких містить згортковий шар, підвибірковий шар та пов'язаний шар. Це дозволяє збільшити точність та скорочує час навчання.

Згорткові нейронні мережі (CNN) є типом нейронних мереж, що мають декілька переваг порівняно з іншими типами нейронних мереж. Перша з переваг полягає в здатності автоматичного виявлення ознак на зображеннях, таких як ребра, кути, текстури тощо, навіть якщо ці ознаки мають складну структуру та знаходяться в різних місцях на зображенні. Друга перевага полягає в інваріантності до трансляції, що означає, що згорткові нейронні мережі можуть розпізнавати ті ж самі об'єкти, незалежно від того, де ці об'єкти знаходяться на зображенні [17-19].

Третя перевага полягає в зменшенні кількості параметрів, необхідних для навчання моделі, порівняно з іншими типами нейронних мереж. Це дозволяє навчити модель з меншою кількістю даних та прискорює процес тренування. Четверта перевага полягає в тому, що згорткові нейронні мережі добре працюють зі зображеннями та іншими типами даних, які можуть бути візуалізовані у вигляді матриць [17-19].

П'ята перевага полягає в високій точності згорткових нейронних мереж у багатьох задачах комп'ютерного зору, таких як класифікація зображень, визначення об'єктів та детекція обличчя. Узагальнюючи, згорткові нейронні мережі є потужним інструментом для розв'язання задач комп'ютерного зору та мають багато переваг, що робить їх популярними в багатьох областях, таких як медицина, реклама, автомобільна промисловість та інші. Тому завдяки багатьом перевагам, для вирішення поставленої задачі було обрано тип згорткової нейронної мережі.

Структура системи діагностики малярії на основі згорткової нейронної мережі включає наступні етапи [17-19]:

- вхідний шар – на цьому етапі зображення крові пацієнта піддається обробці та передається в згорткову нейронну мережу;

- згорткові шари – цей етап включає в себе застосування фільтрів для виділення особливостей зображення. кожен згортковий шар має кілька фільтрів, які навчаються на основі даних під час тренування. дані, фільтри можуть розпізнавати форму та розмір паразитів малярії на зображенні крові;
- шари підвибірки – після кожного згорткового шару може бути доданий шар підвибірки, який зменшує розмір зображення та допомагає уникнути перенавчання;
- повнозв'язний шар – після кількох згорткових та підвибіркових шарів використовується повнозв'язний шар (fully connected layer), який згладжує вихід від попереднього шару та виконує класифікацію зображення на два класи - чи є малярія чи ні;
- вихідний шар – на цьому етапі нейронна мережа здійснює остаточний прогноз щодо діагнозу малярії. якщо результат вище певного порогу, то діагноз вважається позитивним, тобто пацієнт має малярію.

Отже, структура системи діагностики малярії на основі згорткової нейронної мережі включає вхідний шар, згорткові та шари підвибірки, повнозв'язний шар та вихідний шар.

2.2 Методи навчання та тестування моделі

Існують різні методи навчання нейронної мережі, але найпоширеніші з них - це навчання з учителем та без учителя.

Навчання з учителем передбачає використання зразків даних з правильними мітками відповідей для тренування моделі. Тренування нейронної мережі з учителем може бути виконано з використанням алгоритмів навчання зі зворотним поширенням помилки, які розповсюджують помилку навчання з кінця до початку мережі. В цьому методі ваги мережі змінюються таким чином, щоб зменшити помилку передбачення.

Навчання без учителя використовує неконтрольовані методи для тренування мережі. Наприклад, одним з методів навчання без учителя є глибинна навчання.

Цей метод передбачає використання декількох шарів мережі, які навчаються на основі невизначених зразків даних. Навчання без учителя може бути використано для автоматичного знаходження корисних ознак у вхідних даних.

Крім того, існують також гібридні методи навчання нейронних мереж, які комбінують в собі як методи навчання з учителем, так і методи навчання без учителя. Наприклад, автоенкодер – це гібридна модель, що може використовуватися для зменшення розміру даних та виявлення корисних ознак у вхідних даних.

Існує кілька методів навчання згорткових нейронних мереж, які можуть бути використані для покращення їх точності та роботи в різних задачах.

Метод зворотного поширення помилки (Backpropagation) – це алгоритм, що використовується для навчання згорткової нейронної мережі з учителем, який дозволяє змінювати ваги мережі, щоб зменшити помилку передбачення. Алгоритм зворотного поширення помилки працює у два етапи: пряме поширення та зворотне поширення помилки [20].

Пряме поширення – це коли вхідні дані передаються через згортковий шар мережі та розповсюджуються через всі інші шари до вихідного шару. Кожен шар мережі виконує лінійну комбінацію вхідних даних та ваг шару, а потім застосовує не лінійну функцію активації для генерування вихідних значень.

Зворотне поширення помилки – результат передбачення порівнюється з правильною відповіддю та обчислюється помилка. Потім помилка поширюється назад через мережу від вихідного шару до вхідного, зворотним способом, використовуючи градієнт функції втрати [21]. Градієнт – це вектор часткових похідних функції втрати відносно ваг мережі. Для знаходження градієнту використовується метод ланцюжкового правила.

Після знаходження градієнту мережі, ваги оновлюються з використанням методу градієнтного спуску. Градієнтний спуск – це процес зменшення функції втрати, рухаючись у напрямку зменшення градієнту.

Статистичний метод нормалізації (Batch normalization) – це метод, який дозволяє покращити роботу згорткових нейронних мереж шляхом нормалізації вихідних значень кожного шару. Batch Normalization виконується на кожному шарі згорткової мережі окремо і здійснюється шляхом нормалізації значень активацій в батчі даних (невеликої групи зразків, що оброблюється одночасно). Кожен шар BN має свої власні параметри масштабування та зсуву, що оновлюються під час тренування мережі [21].

Операція нормалізації включає в себе наступні кроки:

- обчислення середнього значення (mean) та стандартного відхилення (standard deviation) активацій у батчі даних;
- віднімання середнього значення від кожного значення активації;
- ділення кожного значення активації на стандартне відхилення;
- масштабування кожного значення активації за допомогою параметрів масштабування та зсуву, що оновлюються під час тренування мережі.

Після того, як значення активацій в шарі BN нормалізовано, мережа може продовжувати навчання, а згортковий шар може виконувати свою звичну роль.

Batch Normalization допомагає зменшити різницю в масштабах між різними ознаками, зменшити перенавчання, збільшити швидкість навчання, а також покращити загальну точність мережі.

Метод зваженої втрати (Weighted loss) – це метод, який дозволяє враховувати важливість кожного класу при класифікації. Це дозволяє покращити точність моделі в задачах, де кількість даних для кожного класу є різною [22].

Метод зваженої втрати є одним із підходів для зменшення впливу дисбалансу класів на тренування згорткових нейронних мереж (CNN).

При тренуванні CNN моделі, зазвичай використовують функцію втрат (loss function), яка визначає, наскільки добре модель виконує завдання класифікації. Якщо в датасеті є дисбаланс класів (кількість прикладів одного класу значно перевищує кількість прикладів іншого класу), то втрата може бути зокрема висока

для менш представлених класів, оскільки модель може не отримати достатньо прикладів для тренування на них.

Метод зваженої втрати пропонує враховувати дисбаланс класів, додавши до функції втрати ваги, яка залежить від кількості прикладів кожного класу. Цей підхід зменшує вплив дисбалансу класів на тренування моделі, забезпечуючи рівномірну увагу до кожного класу [23].

Метод додавання шуму (Noise injection) – це метод, який дозволяє покращити роботу згорткових нейронних мереж шляхом додавання шуму до вхідних зображень або до вихідних значень після кожного шару. Це дозволяє зменшити перенавчання та покращити здатність моделі до узагальнення. Згорткові нейронні мережі використовуються для розв'язування завдань комп'ютерного зору, зокрема, класифікації зображень. Застосування методу додавання шуму може допомогти у покращенні роботи моделі з невеликою кількістю даних та зменшенні перенавчання [24].

Метод додавання шуму в згортковій нейронній мережі полягає в додаванні різних видів шуму до вихідних зображень, наприклад, гаусівського шуму, шуму Пуассона тощо. Цей шум може бути доданий до вхідного зображення або до вихідного сигналу між різними шарами моделі.

При використанні методу додавання шуму до вхідних зображень, шум додається до кожного екземпляру зображення в навчальній вибірці. Це дозволяє моделі навчитися робити передбачення при наявності шуму на вхідних зображеннях, що покращує її здатність до узагальнення на нові дані.

Ще одним способом використання методу додавання шуму в згорткових нейронних мережах є додавання шуму до вихідного сигналу між різними шарами моделі. Наприклад, після застосування функції активації можна додати гаусівський шум до вихідного сигналу перед його передачею до наступного шару моделі. Це може допомогти моделі зберігати більше інформації про вхідні зображення та покращити її здатність до узагальнення.

Метод відбиття (Mirroring) – це метод, який дозволяє покращити роботу згорткових нейронних мереж шляхом створення додаткових зображень шляхом відображення вихідного зображення по горизонталі або вертикалі [25].

Для застосування методу відбиття до зображень, спочатку вибирається випадковим чином напрям відбиття: горизонтальний або вертикальний. Потім, зображення відображається відносно обраної осі. Якщо обрано горизонтальний напрям відбиття, то кожен рядок зображення буде відображено в зворотному порядку. Якщо ж обрано вертикальний напрям відбиття, то кожний стовпець буде відображено в зворотному порядку.

Метод відбиття дозволяє збільшити різноманітність даних та зробити згорткову нейронну мережу більш стійкою до змін у вхідних зображеннях. Відбиття зображення може мати значення, коли, наприклад, об'єкт на зображенні має певну симетрію відносно горизонтальної або вертикальної осі. Застосування методу відбиття також може зменшити перенавчання моделі та допомогти збільшити її точність.

У згорткових нейронних мережах метод відбиття може застосовуватися як одна з операцій розширення даних, що проводиться перед тренуванням мережі. Його можна використовувати як окремий метод або в комбінації з іншими методами розширення даних, наприклад, з методом повороту зображень або з методом зміни розмірів зображень.

Проаналізувавши досліджені методи навчання нейронної мережі, в підсумку, для навчання моделі було обрано метод зворотного поширення помилки, як найбільш зручний для вирішення поставленої задачі.

Методи тестування моделі згорткової нейронної мережі включають в себе різні підходи до оцінки ефективності мережі та її здатності до класифікації зображень. Основні методи тестування моделі згорткової нейронної мережі включають [18-19]:

– точність класифікації – це показник, що відображає відношення кількості правильно класифікованих зображень до загальної кількості зображень у

тестовому наборі даних. Це є найбільш поширеним показником ефективності моделі згорткової нейронної мережі;

– матриця помилок – це матриця, що відображає кількість правильно та неправильно класифікованих зображень для кожного класу. Матриця помилок може бути корисна для визначення класів, що найбільш помилкові та потребують додаткової уваги в процесі підготовки даних та налаштування моделі;

– ROC-крива – це графічний інструмент, який дозволяє оцінити здатність моделі згорткової нейронної мережі до розрізнення між різними класами зображень. ROC-крива зображає відношення між чутливістю та специфічністю моделі при зміні порогового значення для прийняття рішення про класифікацію зображення;

– F1-оцінка – це гармонійне середнє між точністю та повнотою моделі згорткової нейронної мережі. F1-оцінка є інформативним показником для моделей, що мають незбалансовані класи;

– перехресна перевірка – це метод оцінювання роботи моделі машинного навчання на даних, які не використовуються для тренування моделі. Його використовують для того, щоб оцінити ефективність моделі та зменшити ризик перенавчання (overfitting) моделі на тренувальних даних.

Висновки до 2 розділу

За останні кілька років з'явилося багато різноманітних методів для діагностики малярії, але нейронні мережі виявилися особливо ефективними в цьому контексті. Нейронні мережі є інтелектуальними системами, які можуть бути навчені виконувати завдання за допомогою вхідних даних.

У даному розділі було розглянуто загальну структуру та архітектуру системи діагностики малярії на основі нейронної мережі. Архітектура системи діагностики малярії на основі нейронної мережі складається з декількох основних етапів, включаючи підготовку даних, створення нейронної мережі, навчання моделі та тестування системи на тестових даних. Для розробки системи буде

використано згорткову нейронну мережу, яка буде навчена на даних, що складаються з мікроскопічних зображень плазмодії, викликаної паразитом малярії.

Архітектура системи складається з трьох етапів: передпроцесингу, розпізнавання та аналізу результатів. На етапі передпроцесингу проводиться підготовка вхідних зображень до подальшої обробки нейронною мережею. На етапі розпізнавання проводиться класифікація вхідних зображень за допомогою згорткової нейронної мережі. На останньому етапі аналізу результатів проводиться оцінка результатів роботи системи та прийняття рішення про наявність чи відсутність малярії.

Навчання нейронної мережі є процесом виявлення зв'язків між вхідними даними та вихідними результатами. В процесі навчання використовуються методи, такі як метод зворотного поширення помилки та інші.

Тестування моделі згорткової нейронної мережі є важливим етапом в процесі створення системи діагностики малярії. Для цього можуть використовуватися метод оцінки характеристик кривої ROC. В результаті тестування можна отримати метрики, які вказують на ефективність моделі.

3 ПРОГРАМНА РЕАЛІЗАЦІЯ СИСТЕМИ ДІАГНОСТИКИ МАЛЯРІЇ

3.1 Вибір мови програмування для реалізації системи діагностики

Яку мову програмування краще обрати для реалізації поставленої задачі? Для реалізації системи діагностики малярії на основі нейронної мережі можна використовувати кілька мов програмування, включаючи Python, R, Java, C++, і багато інших. Однак, у світі машинного навчання та глибокого навчання, мова програмування Python є однією з найпоширеніших та рекомендованих мов (рис. 3.1) [26].








May 2023	May 2022	Change	Programming Language	Ratings	Change
1	1		 Python	13.45%	+0.71%
2	2		 C	13.35%	+1.76%
3	3		 Java	12.22%	+1.22%
4	4		 C++	11.96%	+3.13%
5	5		 C#	7.43%	+1.04%
6	6		 Visual Basic	3.84%	-2.02%
7	7		 JavaScript	2.44%	+0.32%

Рисунок 3.1 – Рейтинг найпопулярніших мов програмування за 2023 рік

Перша причина, чому Python є популярним вибором для реалізації нейронних мереж, полягає в наявності великої кількості потужних бібліотек для машинного навчання, глибокого навчання та обробки зображень.

TensorFlow є однією з найпопулярніших відкритих бібліотек для машинного навчання та глибокого навчання. Вона надає широкі можливості для розробки та тренування нейронних мереж, включаючи згорткові шари, повнозв'язні шари, рекурентні нейронні мережі та багато інших. TensorFlow має гнучкий та ефективний інтерфейс, який дозволяє виконувати складні обчислення на графічних процесорах (GPU) для прискорення обчислень [27].

Keras є високорівневим фреймворком для машинного навчання, який працює поверх TensorFlow. Він надає простий та інтуїтивно зрозумілий інтерфейс для побудови нейронних мереж. Keras спрощує розробку моделей шляхом надання високого рівня абстракції та автоматизації багатьох процесів, таких як визначення архітектури мережі, компіляція, тренування та оцінка моделі [27].

PyTorch є іншою популярною відкритою бібліотекою для глибокого навчання, яка надає гнучкість та продуктивність. Вона має динамічний граф обчислень, що дозволяє досліджувати та маніпулювати моделями нейронних мереж з легкістю. PyTorch також надає багато інструментів для обробки зображень та реалізації складних архітектур нейронних мереж [27].

OpenCV (Open Source Computer Vision Library) є бібліотекою комп'ютерного зору, яка надає велику кількість функцій та алгоритмів для обробки зображень. Вона має вбудовані функції для зчитування, обробки та аналізу зображень, включаючи фільтрацію, сегментацію, детекцію об'єктів та багато іншого. OpenCV може бути використана для попередньої обробки та аналізу зображень, що може бути корисним для систем діагностики малярії [27].

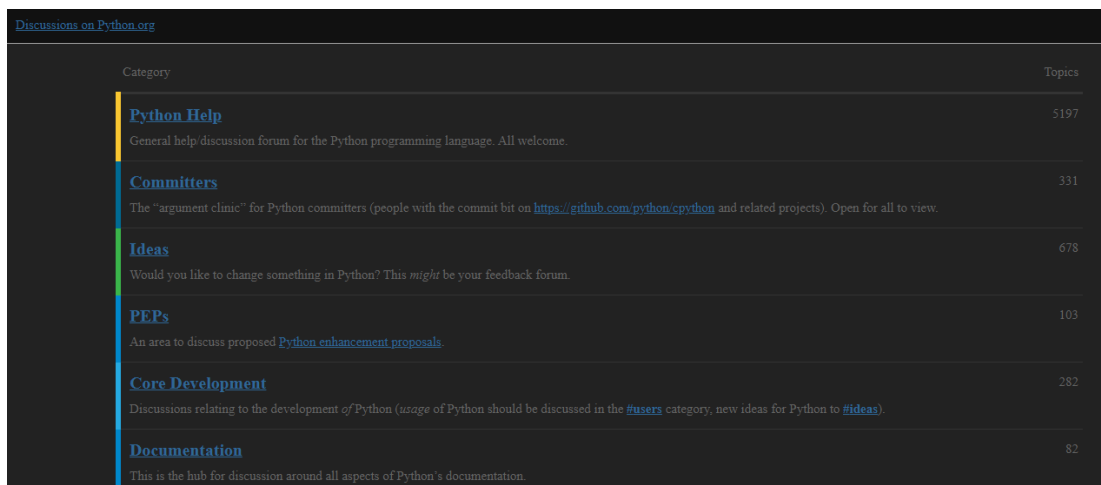
Ці бібліотеки забезпечують широкі можливості для обробки зображень, тренування та оцінки моделей нейронних мереж, що є важливими складовими для систем діагностики малярії. Python є основною мовою програмування для цих бібліотек, і вона надає зручний та простий інтерфейс для розробки та реалізації систем діагностики малярії на основі нейронних мереж.

Окрім бібліотек, Python має широкий вибір фреймворків для розробки веб-додатків, що можуть бути використані для розгортання моделей нейронних мереж у веб-середовищі. Flask і Django є двома найпопулярнішими фреймворками в цій області, які забезпечують зручний спосіб створення веб-додатків з підтримкою нейронних мереж [27].

Друга причина, чому Python є вигідним вибором, полягає в його простоті використання та широкій спільноті.

Python є високорівневою та інтуїтивно зрозумілою мовою програмування, яка пропонує простий та зрозумілий синтаксис. Це дозволяє розробникам швидко вивчати мову та писати код з меншими зусиллями. Python також має багато документації, посібників та ресурсів, які полегшують розробку програм та нейронних мереж.

Крім того, Python має велику та активну спільноту розробників. Це означає, що можна легко знайти підтримку, поради та рішення для своїх проблем. У Python існує багато форумів, спільноти, стеків запитань та інших ресурсів, де можна звертатися за допомогою (рис. 3.2). Це спрощує вирішення проблем і прискорює процес розробки.



The image shows a screenshot of the Python Discussions forum categories page. The page has a dark background with light text. At the top, it says "Discussions on Python.org". Below that is a table with two columns: "Category" and "Topics". The categories listed are Python Help (5197 topics), Committers (331 topics), Ideas (678 topics), PEPs (103 topics), Core Development (282 topics), and Documentation (82 topics). Each category has a brief description below it.

Category	Topics
Python Help General help/discussion forum for the Python programming language. All welcome.	5197
Committers The "argument clinic" for Python committers (people with the commit bit on https://github.com/python/cpython and related projects). Open for all to view.	331
Ideas Would you like to change something in Python? This <i>might</i> be your feedback forum.	678
PEPs An area to discuss proposed Python enhancement proposals .	103
Core Development Discussions relating to the development of Python (<i>usage</i> of Python should be discussed in the #users category, new ideas for Python to #ideas).	282
Documentation This is the hub for discussion around all aspects of Python's documentation.	82

Рисунок 3.2 – Офіційний форум спільноти Python

Також важливо відзначити, що Python є мовою програмування загального призначення, що дозволяє комбінувати його з іншими інструментами та бібліотеками для досягнення потрібного функціоналу. Наприклад, можливо використовувати бібліотеки для обробки зображень, такі як OpenCV, або бібліотеки для обробки даних, такі як NumPy та Pandas, разом з Python для створення потужних систем діагностики.

Загалом, Python є простим у використанні, має багато ресурсів та підтримку спільноти, що робить його зручним вибором для реалізації системи діагностики малярії на основі нейронної мережі.

3.2 Бібліотека TensorFlow

Однією з найпопулярніших бібліотек для роботи з нейронними мережами в Python є TensorFlow, яка надає потужні засоби для побудови та навчання моделей глибокого навчання. Тому для реалізації системи діагностики я обрала саме її.

TensorFlow використовує графову обчислювальну модель, де операції представлені у вигляді вузлів графа, а дані передаються у вигляді потоку між вузлами. Це дозволяє зручно визначати та оптимізувати обчислювальні графи, що приводить до більш ефективної роботи з нейронними мережами.

Також, ця бібліотека підтримує різні платформи, включаючи Windows, macOS, Linux, а також мобільні пристрої з операційною системою Android та iOS. Це дозволяє розробникам використовувати TensorFlow на різних пристроях та інтегрувати його з різними додатками та системами [27].

TensorFlow використовує оптимізовані обчислювальні ядра, що дозволяють виконувати обчислення на графічних процесорах (GPU) та спеціалізованих процесорах для швидкого навчання нейронних мереж. Вона також має підтримку розподіленого обчислення, що дозволяє використовувати багато пристроїв або серверів для прискорення обчислень.

Велика кількість готових моделей та інструментів: TensorFlow надає доступ до багатьох готових моделей нейронних мереж, які можна використовувати для різних завдань, включаючи зображення, текст, звук тощо. Крім того, TensorFlow має набір інструментів для візуалізації, налагодження та відлагодження моделей, що полегшує розробку та налагодження нейронних мереж.

TensorFlow має простий та зрозумілий інтерфейс програмування, що дозволяє швидко розпочати роботу з ним навіть новачкам. Вона має докладну

документацію, навчальні матеріали та приклади коду, які сприяють вивченню та розумінню роботи з бібліотекою.

Щоб краще зрозуміти принцип роботи бібліотеки TensorFlow при написанні нейронних мереж, в лістингу 3.1 наведу приклад простої системи для діагностики малярії.

Лістинг 3.1 – приклад системи діагностики малярії на основі нейронної мережі

```
import tensorflow as tf
from tensorflow.keras import layers, models
from sklearn.model_selection import train_test_split
import numpy as np
import os
from PIL import Image
# Шлях до директорії з даними
data_dir = 'path/to/dataset'
# Параметри моделі
num_conv_layers = 40
num_dense_layers = 20
image_size = 64
num_classes = 2
batch_size = 32
epochs = 10
# Функція для завантаження та підготовки даних
def load_data(data_dir):
    images = []
    labels = []
    # Завантаження зображень та міток
    for label in os.listdir(data_dir):
        label_dir = os.path.join(data_dir, label)
        if os.path.isdir(label_dir):
            for image_file in os.listdir(label_dir):
                image_path = os.path.join(label_dir, image_file)
                if image_path.endswith('.png'):
                    image = Image.open(image_path)
                    image = image.resize((image_size, image_size))
                    image = np.array(image) / 255.0 # Нормалізація
                    # пікселів до значень [0, 1]
                    images.append(image)
                    labels.append(int(label))

    # Перетворення в NumPy масиви
    images = np.array(images)
    labels = np.array(labels)

    # Розділення на навчальні та тестові дані
    train_images, test_images, train_labels, test_labels =
    train_test_split(images, labels, test_size=0.2, random_state=42)

    return train_images, test_images, train_labels, test_labels
```


Закінчення лістингу 3.1

```

# Завантаження та підготовка даних
train_images, test_images, train_labels, test_labels =
load_data(data_dir)
# Створення моделі
model = models.Sequential()
# Додавання згорткових шарів
for _ in range(num_conv_layers):
    model.add(layers.Conv2D(32, (3, 3), activation='relu',
padding='same'))
    model.add(layers.BatchNormalization())
    model.add(layers.MaxPooling2D((2, 2)))
    model.add(layers.Dropout(0.25))

# Перетворення зображення у вектор перед повнозв'язними шарами
model.add(layers.Flatten())

# Додавання повнозв'язних шарів
for _ in range(num_dense_layers):
    model.add(layers.Dense(512, activation='relu'))
    model.add(layers.BatchNormalization())
    model.add(layers.Dropout(0.5))

# Додавання вихідного шару
model.add(layers.Dense(num_classes, activation='softmax'))

# Компіляція моделі
model.compile(optimizer='adam',
              loss='sparse_categorical_crossentropy',
              metrics=['accuracy'])

# Виведення детальної інформації про модель
model.summary()

# Навчання моделі
model.fit(train_images, train_labels, batch_size=batch_size,
epochs=epochs, validation_data=(test_images, test_labels))

# Оцінка моделі на тестових даних
test_loss, test_acc = model.evaluate(test_images, test_labels)
print('Test accuracy:', test_acc)

```

Цей код демонструє базовий шаблон роботи з бібліотекою TensorFlow для побудови та навчання нейронної мережі для класифікації зображень захворювання на малярію. Він містить кроки підготовки даних, визначення архітектури моделі, компіляцію моделі, навчання моделі та оцінку її ефективності на тестових даних.

Основні кроки, які виконуються в цьому коді представлені в таблиці 3.1.

Таблиця 3.1 – Основні кроки виконання коду

Імпорт необхідних бібліотек	<p><code>import tensorflow as tf</code> – імпорт бібліотеки TensorFlow.</p> <p><code>from tensorflow.keras import layers, models</code> - імпорт пакету <code>layers</code> та <code>models</code> з підпакету <code>keras</code> бібліотеки TensorFlow.</p> <p><code>from sklearn.model_selection import train_test_split</code> - імпорт функції <code>train_test_split</code> з бібліотеки <code>scikit-learn</code> для розділення даних на тренувальні та тестові набори.</p>
Оголошення змінних та параметрів	<p><code>data_dir</code> - шлях до директорії з даними.</p> <p><code>num_conv_layers</code> - кількість згорткових шарів в моделі.</p> <p><code>num_dense_layers</code> - кількість повнозв'язних шарів в моделі.</p> <p><code>image_size</code> - розмір зображень.</p> <p><code>num_classes</code> - кількість класів (у даному випадку 2 - захворювання/не захворювання на малярію).</p> <p><code>batch_size</code> - розмір пакета для навчання.</p> <p><code>epochs</code> - кількість епох навчання.</p>
Завантаження та підготовка даних	<p>Виклик функції <code>load_data(data_dir)</code> для завантаження та отримання тренувальних та тестових даних.</p>

Закінчення таблиці 3.1

Створення моделі	<p>Створення порожньої моделі за допомогою <code>models.Sequential()</code>.</p> <p>Додавання згорткових шарів до моделі в циклі.</p> <p>Додавання шару <code>Flatten</code> для перетворення зображення у вектор перед повнозв'язними шарами.</p> <p>Додавання повнозв'язних шарів до моделі в циклі.</p> <p>Додавання вихідного шару з активацією <code>softmax</code>.</p>
Компіляція моделі	<p>Виклик методу <code>compile</code> для компіляції моделі з оптимізатором <code>Adam</code>, функцією втрати <code>"sparse_categorical_crossentropy"</code> та метрикою <code>"accuracy"</code>.</p>
Виведення детальної інформації про модель	<p>Виклик методу <code>summary()</code> для виведення інформації про архітектуру моделі.</p>
Навчання моделі	<p>Виклик методу <code>fit</code> для навчання моделі на тренувальних даних протягом заданої кількості епох.</p>
Оцінка моделі на тестових даних	<p>Виклик методу <code>evaluate</code> для оцінки моделі на тестових зображеннях та мітках.</p> <p>Виведення точності моделі на тестових даних.</p>

Отже, після детального розбору коду стало зрозуміло, як саме він працює, але які його елементи відносяться до бібліотеки TensorFlow? Відповідь на це питання наведена в таблиці 3.2.

Таблиця 3.2 – Елементи бібліотеки

<code>import tensorflow as tf</code>	імпортує бібліотеку TensorFlow та надає доступ до її функцій і класів.
<code>from tensorflow.keras import layers, models</code>	імпортує пакет <code>layers</code> та <code>models</code> з підпакету <code>keras</code> бібліотеки TensorFlow. Ці пакети містять класи і функції для побудови нейронних мереж.
<code>model = models.Sequential()</code>	створює порожню модель нейронної мережі за допомогою класу <code>Sequential</code> з пакету <code>models</code> . Цей клас дозволяє послідовно додавати шари до моделі.
<code>model.add(layers.Conv2D(...))</code>	додає згортковий шар до моделі за допомогою класу <code>Conv2D</code> з пакету <code>layers</code> . Цей шар виконує згортку зображення для вилучення різних ознак.
<code>model.add(layers.BatchNormalization())</code>	додає шар нормалізації пакету до моделі. Він допомагає забезпечити стабільність та прискорення навчання шляхом нормалізації виходів шару.
<code>model.add(layers.MaxPooling2D(...))</code>	додає шар пулінгу максимуму до моделі. Цей шар зменшує розмір зображення шляхом вибору найбільшого значення у певній області.
<code>model.add(layers.Flatten())</code>	додає шар плоского перетворення до моделі. Він перетворює вихід з попереднього шару у вектор для подальшої обробки повнозв'язними шарами.

Продовження таблиці 3.2

<code>model.add(layers.Dense(...))</code>	додає повнозв'язний шар до моделі. Цей шар має повністю зв'язані нейрони і використовує активаційну функцію для генерації виходу.
<code>model.compile(...)</code>	компілює модель, встановлюючи функцію втрати, оптимізатор і метрики для оцінки моделі під час навчання.
<code>model.fit(...)</code>	навчає модель на тренувальних даних, використовуючи задані параметри, такі як розмір пакету та кількість епох.
<code>model.evaluate(...)</code>	оцінює ефективність моделі на тестових даних, обчислюючи втрату і метрики.

Усі ці елементи коду використовують функціональність бібліотеки TensorFlow для побудови, навчання та оцінки нейронної мережі для діагностики малярії.

В підсумку можна сказати, що бібліотека TensorFlow відіграє ключову роль у даному коді. TensorFlow дозволяє створювати моделі, використовувати шари та активаційні функції, компілювати модель з вказанням функції втрати та оптимізатора, навчати модель на тренувальних даних та оцінювати її ефективність на тестових даних.

3.3 Розробка системи діагностики малярії на основі нейронної мережі

Щоб створити систему діагностики малярії на основі нейронної мережі першочергово потрібно визначити та ретельно спланувати етапи її створення.

Першим кроком є збір необхідних даних для тренування та перевірки системи. В цьому випадку, зображення паразитів та непаразитів, що спричиняють малярію, використовуються як вхідні дані. Дані можуть бути зібрані з різних

джерел або доступні в публічних базах даних. Після цього дані підготовляються, наприклад, шляхом масштабування, нормалізації та розбиття на тренувальні та тестові набори.

Для створення системи, я обрала набір даних зображень зразків крові, які були інфіковані та неінфіковані малярією. Для зручності, я знайшов цей набір даних на відкритому сайті Kaggle.com (рис. 3.3), який є відомим ресурсом для наборів даних та конкурсів з машинного навчання.

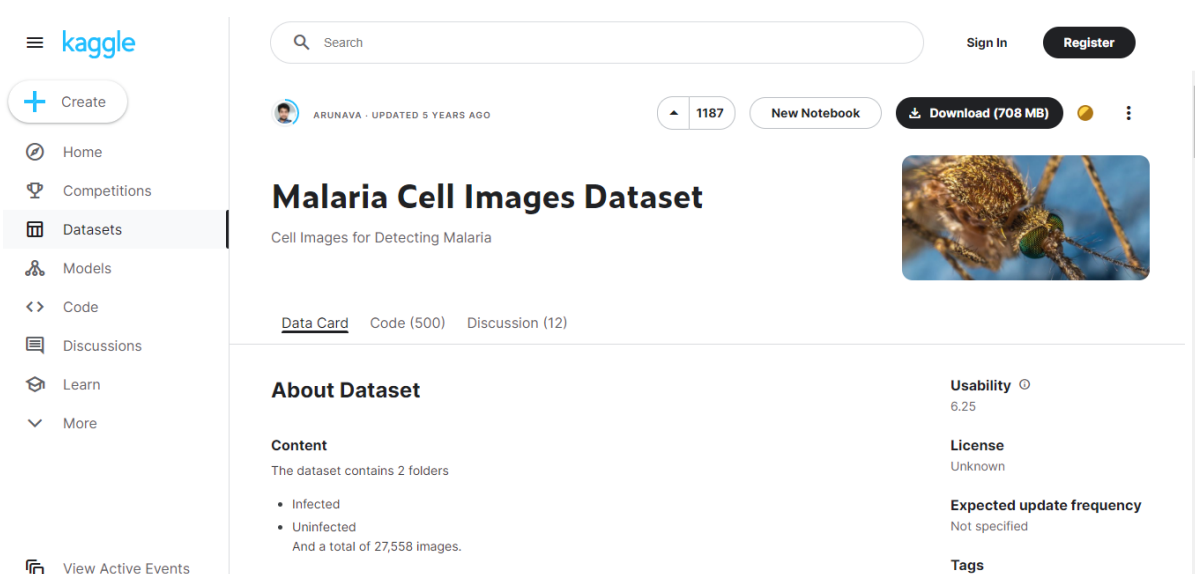


Рисунок 3.3 – Набір даних зображень малярії на сайті Kaggle.com

Обираючи набір даних, я звернула увагу на його відповідність моїй задачі. Цей набір даних містить зображення зразків крові, які були отримані з пацієнтів, які мають підозри на малярію. Зображення були візуально оцінені лікарями, і було підтверджено, що деякі з них містять паразити, тоді як інші є непаразитарними (рис. 3.4–3.5).

Кафедра інтелектуальних інформаційних систем
Система діагностики малярії на основі нейронної мережі



Рисунок 3.4 – Зображення з інфікованими зразками

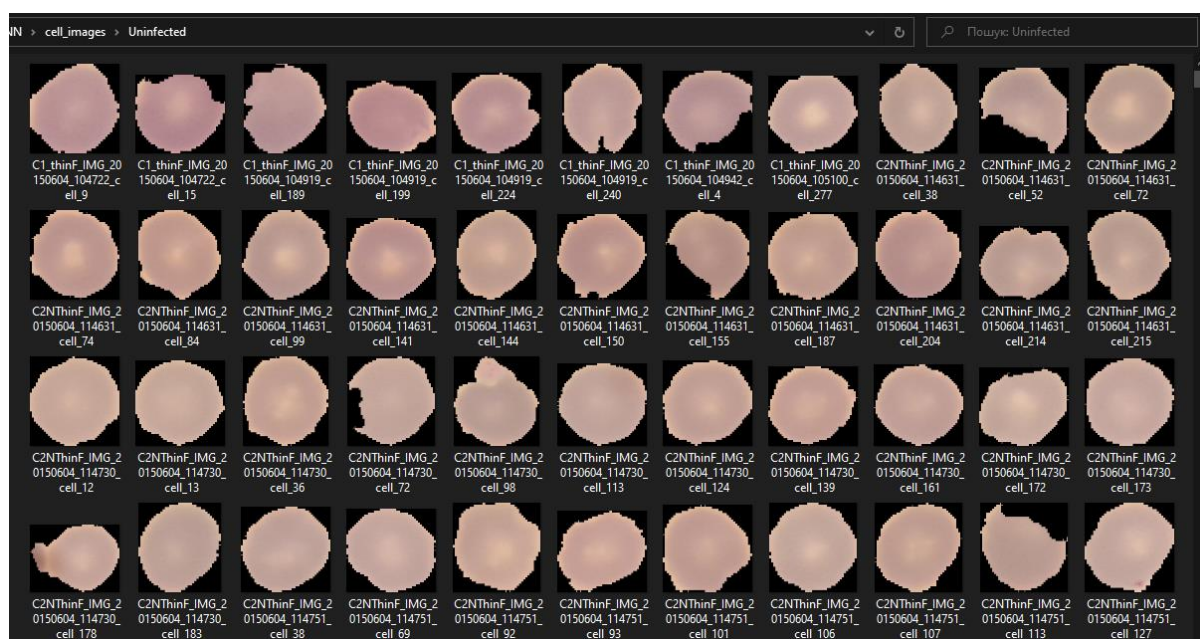


Рисунок 3.5 – Зображення з не інфікованими зразками

Цей набір даних є цінним, оскільки він надає реальні клінічні зображення, які використовуються для діагностики малярії. Це дозволяє мені навчити нейронну мережу розпізнавати особливості та ознаки інфікованих та неінфікованих зразків крові.

Зібравши цей набір даних з Kaggle.com, я можу почати використовувати його для навчання та тестування нейронної мережі. Він надає реальні клінічні зображення, що дозволяють навчити модель розпізнавати інфіковані та неінфіковані зразки крові з високою точністю.

В моєму наборі тестових даних інфіковані та неінфіковані зразки крові були розташовані в окремих папках і не мали відповідних міток, що створило необхідність присвоєння міток до цих зразків через проходження кожної з папок.

Для цього було використано ітерацію через кожну папку тестових даних. Спочатку була пройдена папка "Parasitized", де знаходились інфіковані зразки крові. Кожне зображення в цій папці було відкрите, зменшене до встановленого розміру та перетворене в масив чисел, що представляють пікселі зображення. Після цього, для кожного зображення була створена мітка "1", що відповідає класу "інфіковано".

Після проходження папки "Parasitized" було проведено аналогічні кроки для папки "Uninfected", де знаходились неінфіковані зразки крові. Кожне зображення в цій папці було відкрите, зменшене до встановленого розміру та перетворене в масив чисел. Для кожного зображення була створена мітка "0", що відповідає класу "неінфіковано".

Після проходження через обидві папки "Parasitized" і "Uninfected" отримані зображення були зібрані разом з відповідними мітками. Зображення були перетворені в масиви та мітки були представлені у вигляді числових значень "1" і "0", що відображено в лістингу 3.2. Таким чином, кожен зразок даних отримав свою мітку, що дозволило проводити класифікацію тестових зображень на основі їх міток.

Лістинг 3.2 – Присвоєння зображенням міток

```
# Проходження через папку "Parasitized"
parasitized_folder = os.path.join(image_folder,
"Parasitized")
parasitized_files = [f for f in
os.listdir(parasitized_folder) if f.endswith('.png')]
for filename in parasitized_files:
    image_path = os.path.join(parasitized_folder, filename)
    image = Image.open(image_path)
    image = image.resize((img_width, img_height))
    image = np.array(image) / 255.0
    images.append(image)
    labels.append(1) # 1 - мітка для "Parasitized"

# Проходження через папку "Uninfected"
uninfected_folder = os.path.join(image_folder, "Uninfected")
uninfected_files = [f for f in os.listdir(uninfected_folder)
if f.endswith('.png')]
for filename in uninfected_files:
    image_path = os.path.join(uninfected_folder, filename)
    image = Image.open(image_path)
    image = image.resize((img_width, img_height))
    image = np.array(image) / 255.0
    images.append(image)
    labels.append(0) # 0 - мітка для "Uninfected"
```

Такий підхід дозволив узгодити дані тестового набору з форматом, використовуваним для тренувальних даних, і забезпечити правильну класифікацію зображень крові на інфіковані та неінфіковані. Такий процес міткою надає системі діагностики малярії необхідну інформацію для здійснення адекватних прогнозів та висновків щодо стану пацієнтів.

Наступним етапом є визначення архітектури нейронної мережі. Це включає вибір типу моделі, в моєму випадку це згорткова мережа, кількості шарів та епох навчання, розмірності фільтрів та інших параметрів, що відображено в лістингу 3.3. Варто враховувати розмір зображень, що використовуються, а також складність моделі, щоб забезпечити баланс між точністю та обчислювальною потужністю. Докладніший код нейронної мережі наведено в додатку А.

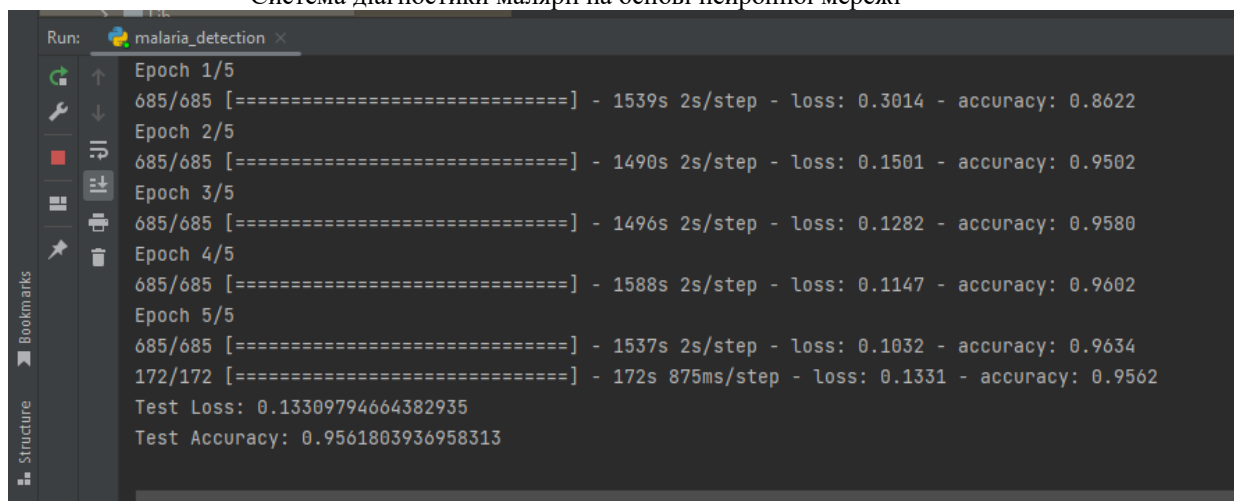
Лістинг 3.3 – Створення моделі нейронної мережі

```
# Створення нової моделі
model = tf.keras.Sequential()
model.add(layers.Conv2D(32, (3, 3), activation='relu',
input_shape=(img_width, img_height, 3)))
model.add(layers.MaxPooling2D((2, 2)))
model.add(layers.Conv2D(64, (3, 3), activation='relu'))
model.add(layers.MaxPooling2D((2, 2)))
model.add(layers.Conv2D(128, (3, 3), activation='relu'))
model.add(layers.MaxPooling2D((2, 2)))
model.add(layers.Flatten())
model.add(layers.Dense(128, activation='relu'))
model.add(layers.Dense(1, activation='sigmoid'))
```

Після визначення архітектури моделі необхідно провести тренування на тренувальних даних. Під час тренування модель буде навчатися розпізнавати паразитів та непаразитів на основі вхідних зображень. Цей процес може вимагати великої кількості обчислювальних ресурсів та тривати деякий час, залежно від складності моделі та обсягу даних.

Під час навчання нейронної мережі для системи діагностики малярії, я розпочала з вибору кількості епох навчання. Спочатку я встановила 10 епох, що означає, що модель буде навчатися на всьому наборі даних 10 разів. Однак, під час першого запуску навчання я помітила, що це вимагає значних обчислювальних потужностей моєї технічної системи.

У зв'язку з обмеженими обчислювальними ресурсами, я змінила кількість епох навчання з 10 на 5. Це означає, що модель буде проходити навчання на наборі даних лише 5 разів. Це рішення було прийнято з метою зменшення часу навчання та використання обчислювальних ресурсів більш ефективно(рис. 3.6).



```
Run: malaria_detection x
Epoch 1/5
685/685 [=====] - 1539s 2s/step - loss: 0.3014 - accuracy: 0.8622
Epoch 2/5
685/685 [=====] - 1490s 2s/step - loss: 0.1501 - accuracy: 0.9502
Epoch 3/5
685/685 [=====] - 1496s 2s/step - loss: 0.1282 - accuracy: 0.9580
Epoch 4/5
685/685 [=====] - 1588s 2s/step - loss: 0.1147 - accuracy: 0.9602
Epoch 5/5
685/685 [=====] - 1537s 2s/step - loss: 0.1032 - accuracy: 0.9634
172/172 [=====] - 172s 875ms/step - loss: 0.1331 - accuracy: 0.9562
Test Loss: 0.13309794664382935
Test Accuracy: 0.9561803936958313
```

Рисунок 3.6 – Епохи навчання нейронної мережі

Незважаючи на скорочення кількості епох, результати навчання на 5 епохах виявилися дуже задовільними. Модель досягла високої точності, що означає, що вона здатна правильно класифікувати інфіковані та неінфіковані зразки крові з надзвичайною надійністю. Це свідчить про ефективність навчання моделі та можливість її використання для системи діагностики малярії.

Таким чином, шляхом оптимізації кількості епох навчання, я забезпечила високу точність моделі при обмежених обчислювальних ресурсах.

Після навчання моделі на 5 епохах було проведено оцінку якості моделі за допомогою ROC-кривої (Receiver Operating Characteristic) в лістингу 3.4. ROC-крива є графічним інструментом для визначення продуктивності класифікатора, що використовується в задачах бінарної класифікації, таких як система діагностики малярії. Вона відображає залежність між двома показниками: чутливістю (True Positive Rate) та специфічністю (False Positive Rate).

Лістинг 3.4 – ROC-крива для оцінки якості моделі

```
# Прогнозування на тестових даних
y_pred = model.predict(test_images).ravel()

# Обчислення ROC-кривої
fpr, tpr, thresholds = roc_curve(test_labels, y_pred)
roc_auc = auc(fpr, tpr)

# Побудова ROC-кривої
plt.figure()
plt.plot(fpr, tpr, color='darkorange', lw=2, label='ROC curve
(area = %0.2f)' % roc_auc)
plt.plot([0, 1], [0, 1], color='navy', lw=2, linestyle='--')
plt.xlim([0.0, 1.0])
plt.ylim([0.0, 1.05])
plt.xlabel('False Positive Rate')
plt.ylabel('True Positive Rate')
plt.title('Receiver Operating Characteristic')
plt.legend(loc="lower right")
plt.show()
```

ROC-крива обчислюється шляхом варіювання порогового значення для класифікаційної моделі та обчислення чутливості та специфічності для кожного порогу. Чутливість визначає відсоток інфікованих зразків, які були правильно класифіковані як інфіковані, відносно загальної кількості інфікованих зразків. Специфічність визначає відсоток неінфікованих зразків, які були правильно класифіковані як неінфіковані, відносно загальної кількості неінфікованих зразків.

На основі ROC-кривої обчислюється показник AUC (Area Under the Curve), який визначає загальну продуктивність моделі. Чим більше значення AUC, тим вище якість моделі. Значення AUC може коливатися від 0 до 1, де значення 0,5 відповідає випадковому класифікатору, а значення 1 вказує на ідеальну класифікацію(рис. 3.7).

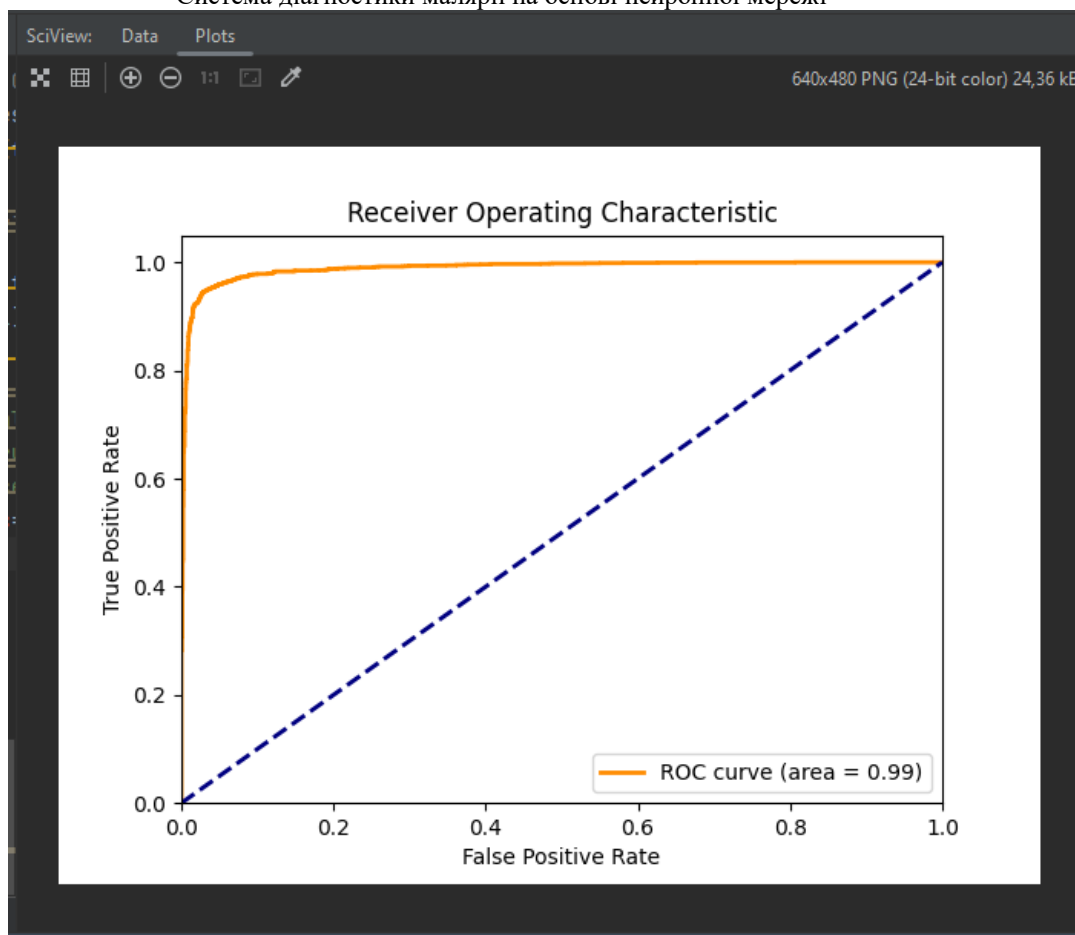


Рисунок 3.7 – ROC-крива для оцінки якості моделі

Отримана ROC-крива та обчислений показник AUC для моделі після навчання на 5 епохах свідчать про її високу якість. Значення AUC поблизу 1 підтверджує, що модель має високу здатність відрізнити між інфікованими та неінфікованими зразками крові. Це підтверджує ефективність системи діагностики малярії і її здатність до достовірної класифікації зразків з високою точністю.

Після навчання моделі, ще одним способом оцінки моделі на тестових даних для визначення її ефективності є використання двох метрик: Loss (втрати) і Accuracy (точність).

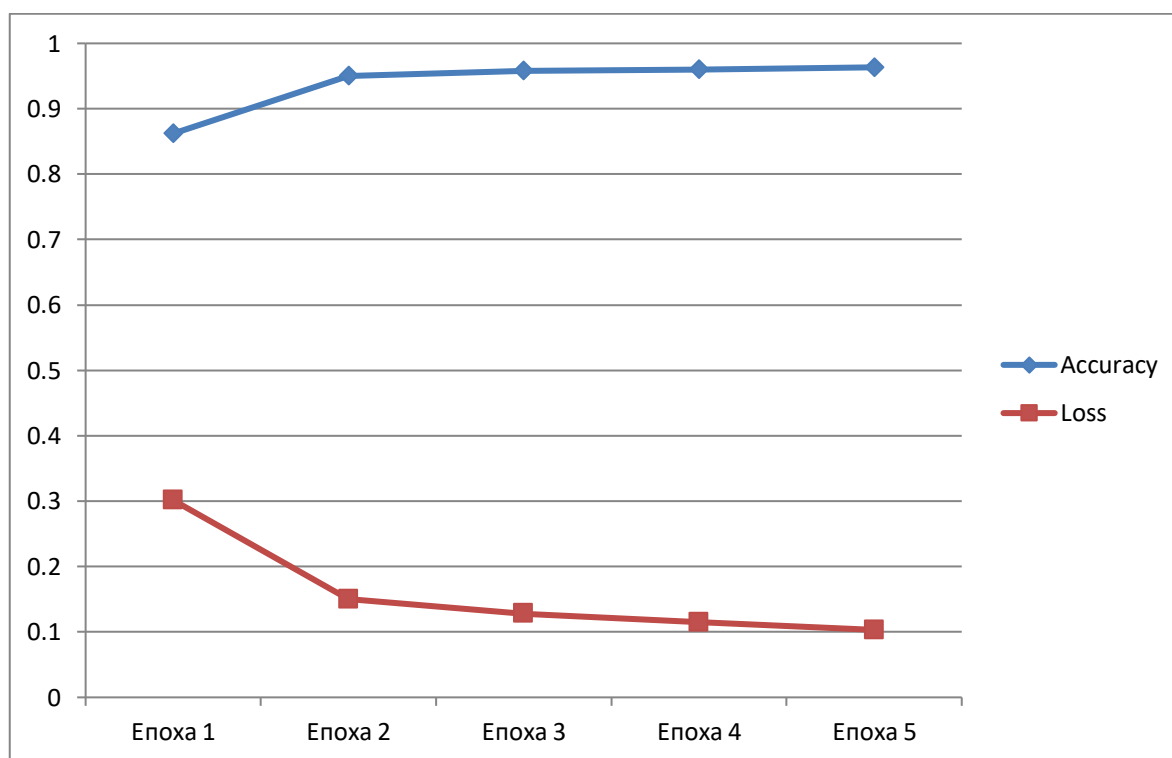
Loss відображає, наскільки добре модель прогнозує правильні мітки для тестових зображень. Використовуючи функцію втрати, модель обчислює помилку між прогнозованими мітками і справжніми мітками для бінарної класифікації

Кафедра інтелектуальних інформаційних систем
Система діагностики малярії на основі нейронної мережі
(інфіковано/неінфіковано). Чим нижче значення Loss, тим краще модель пристосована до навчальних даних і має більш точні прогнози.

Accuracy відображає відсоток правильно класифікованих зразків на тестових даних. Це вимірює загальну точність моделі в передбаченні класів для зразків. Значення Accuracy коливається від 0 до 1, де 1 відповідає 100% точності.

Після оцінки моделі на тестових даних виводяться значення Loss і Accuracy. Високе значення Accuracy свідчить про високу точність моделі у класифікації інфікованих та неінфікованих зразків. Значення Loss, якщо воно низьке, підтверджує, що модель має малу втрату при класифікації. Значення двох метрик на протязі 5 епох відображено на графіку 3.1.

Графік 3.1 – Оцінка моделі з використанням метрик втрати і точності



Аналізуючи ці метрики, можна зробити висновок про те, наскільки ефективною є система діагностики малярії. Висока точність (Accuracy) та низька втрата (Loss) після навчання на тестових даних свідчать про успішну реалізацію системи, здатної точно визначати наявність малярійного інфікування.

Після успішного навчання моделі на тестових даних виникає необхідність зберегти цю модель для подальшого використання. Для збереження моделі у цьому випадку був використаний формат HDF5 (Hierarchical Data Format 5) (рис. 3.8).

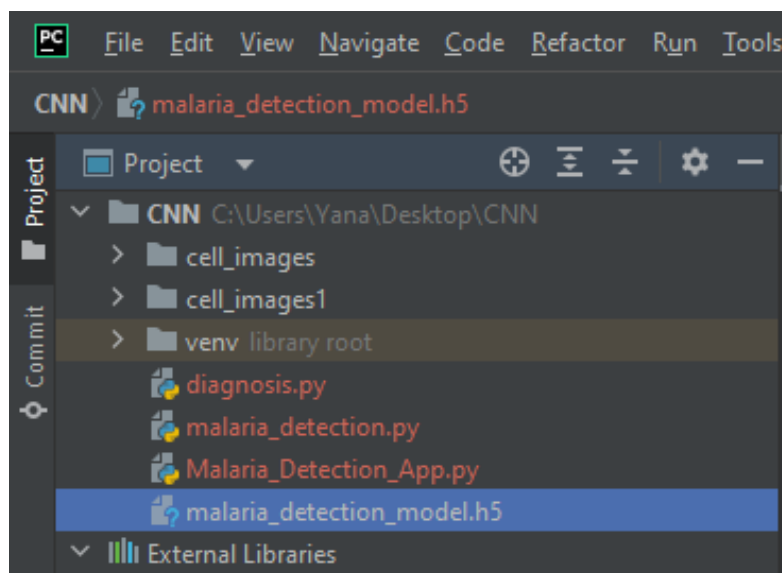


Рисунок 3.8 – Збережена модель навченої нейронної мережі

Формат HDF5 є потужним та гнучким засобом збереження даних, який дозволяє ефективно зберігати та управляти великими обсягами даних. Він забезпечує можливість зберігати не лише параметри моделі, але й її архітектуру, ваги, оптимізатор та інші налаштування.

Збереження моделі у форматі HDF5 забезпечує зручний спосіб використання моделі пізніше без необхідності повторного навчання. Модель може бути відтворена збереженими параметрами та використана для класифікації нових зображень крові на інфіковані та неінфіковані зразки малярії.

Цей підхід дозволяє ефективно використовувати навчену модель у реальному часі та у виробничому середовищі, де можуть бути обмежені обчислювальні ресурси. Збереження моделі у форматі HDF5 забезпечує зручну інтеграцію з іншими інструментами та фреймворками, що підтримують цей формат.

Таким чином, збереження моделі у форматі HDF5 дозволяє зберегти результати навчання та використовувати їх у майбутньому для діагностики малярії та подальшого вдосконалення системи.

Після збереження моделі можна успішно використовувати її для діагностики зображень зразків крові. В даному випадку система діагностики має бути ефективною і мати можливість діагностувати великі обсяги зразків крові. З метою досягнення цих цілей, я вирішила застосувати раніше збережену модель до папки з новим набором даних, що містить змішані зразки, як інфіковані, так і не інфіковані(рис. 3.9).

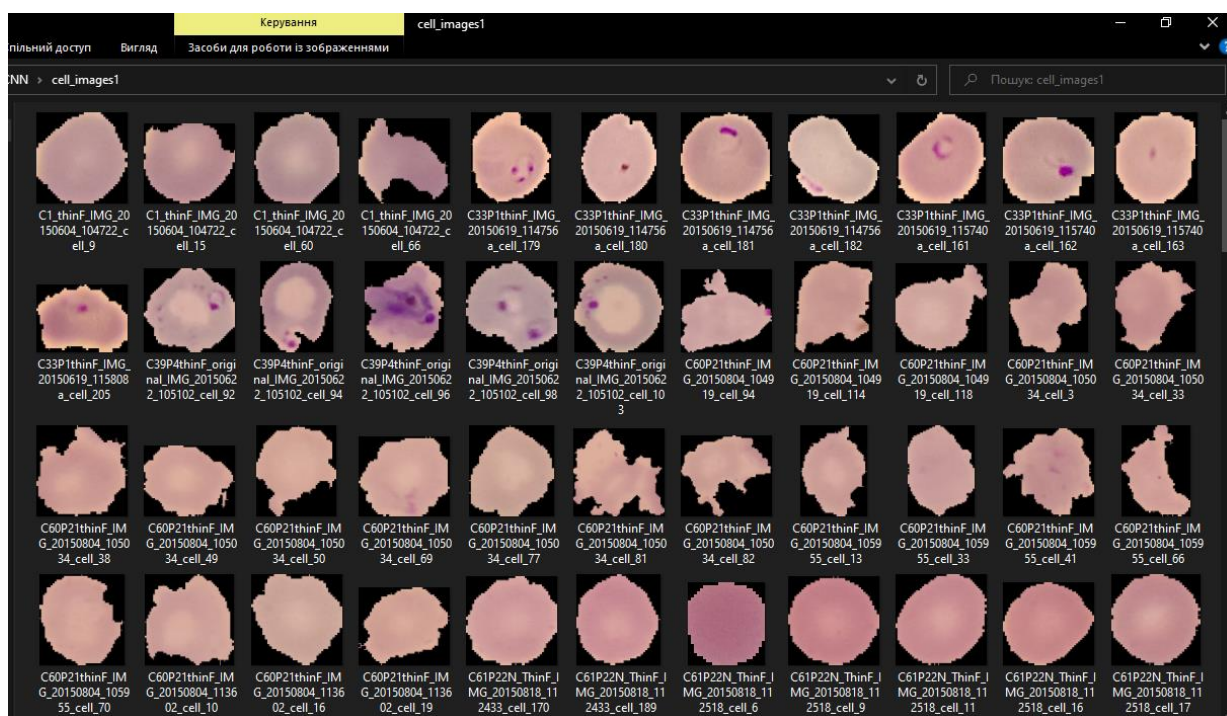
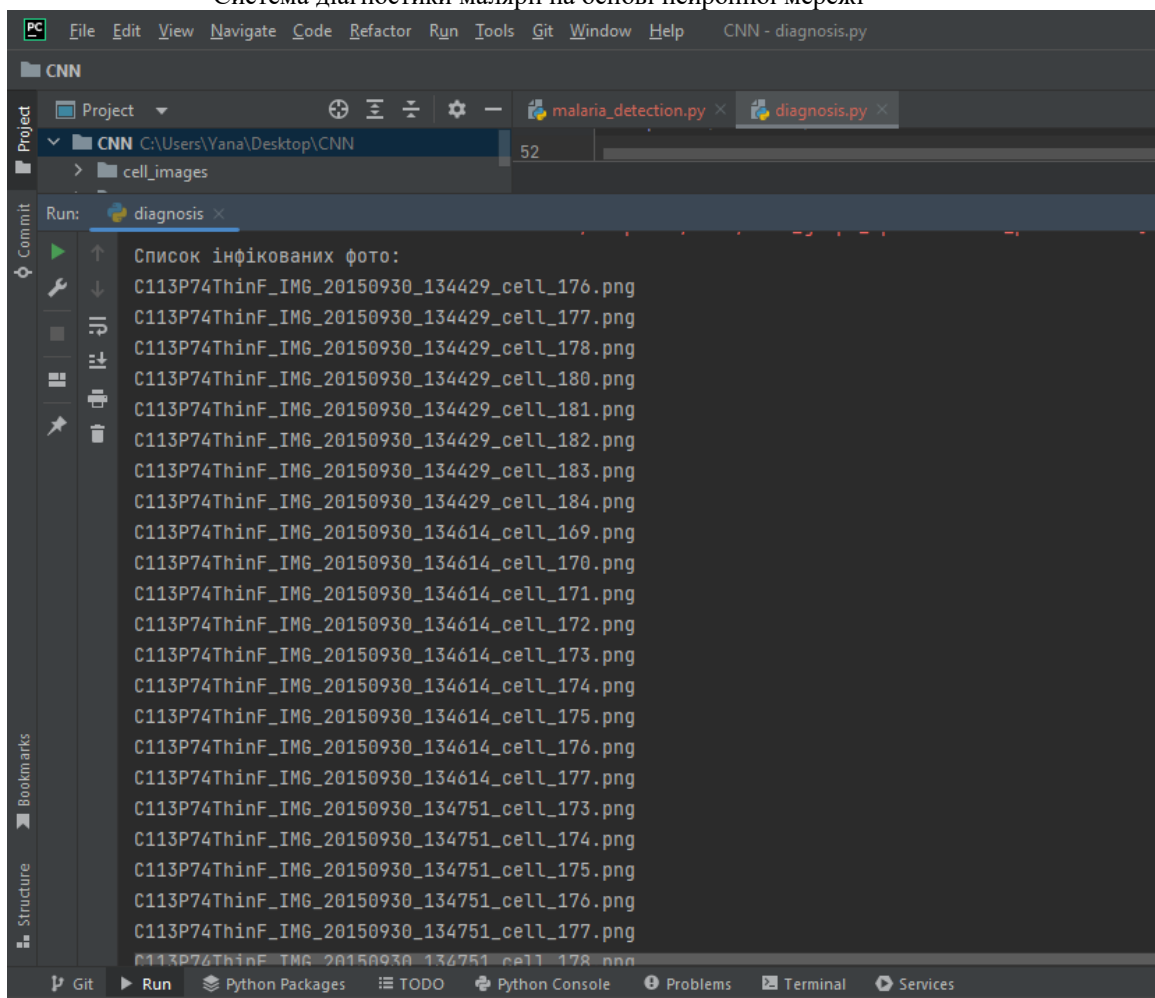


Рисунок 3.9 – Папка зі змішаними зразками крові

Система аналізує змішані зразки крові за допомогою збереженої моделі, яка була навчена нейронною мережею. Цей процес діагностики включає прогнозування ймовірності того, що кожен зразок крові є інфікованим малярією. На основі цих прогнозів система формує список інфікованих зразків(рис. 3.10).

Кафедра інтелектуальних інформаційних систем
Система діагностики малярії на основі нейронної мережі



The screenshot shows an IDE window titled 'CNN - diagnosis.py'. The console output displays a list of infected photos under the heading 'Список інфікованих фото:'. The list contains 20 file names, each representing an infected cell image. The files are organized into two groups based on their IDs: 134429 and 134614. The first group contains 10 files (cell_176 to cell_184), and the second group contains 10 files (cell_169 to cell_178).

```
Список інфікованих фото:  
C113P74ThinF_IMG_20150930_134429_cell_176.png  
C113P74ThinF_IMG_20150930_134429_cell_177.png  
C113P74ThinF_IMG_20150930_134429_cell_178.png  
C113P74ThinF_IMG_20150930_134429_cell_180.png  
C113P74ThinF_IMG_20150930_134429_cell_181.png  
C113P74ThinF_IMG_20150930_134429_cell_182.png  
C113P74ThinF_IMG_20150930_134429_cell_183.png  
C113P74ThinF_IMG_20150930_134429_cell_184.png  
C113P74ThinF_IMG_20150930_134614_cell_169.png  
C113P74ThinF_IMG_20150930_134614_cell_170.png  
C113P74ThinF_IMG_20150930_134614_cell_171.png  
C113P74ThinF_IMG_20150930_134614_cell_172.png  
C113P74ThinF_IMG_20150930_134614_cell_173.png  
C113P74ThinF_IMG_20150930_134614_cell_174.png  
C113P74ThinF_IMG_20150930_134614_cell_175.png  
C113P74ThinF_IMG_20150930_134614_cell_176.png  
C113P74ThinF_IMG_20150930_134614_cell_177.png  
C113P74ThinF_IMG_20150930_134751_cell_173.png  
C113P74ThinF_IMG_20150930_134751_cell_174.png  
C113P74ThinF_IMG_20150930_134751_cell_175.png  
C113P74ThinF_IMG_20150930_134751_cell_176.png  
C113P74ThinF_IMG_20150930_134751_cell_177.png  
C113P74ThinF_IMG_20150930_134751_cell_178.png
```

Рисунок 3.10 – Виведений в консолі список інфікованих фото

Процес перевірки та виведення інфікованих зображень, представлений в лістингу 3.5.

Лістинг 3.5 – Формування та виведення списку інфікованих зразків крові

```
# Завантаження нового набору даних змішаних інфікованих та
# неінфікованих фото
new_image_folder =
"C:\\Users\\Yana\\Desktop\\CNN\\cell_images1"
new_images, new_labels = load_data(new_image_folder)

# Аналіз нового набору даних за допомогою попередньо навченої
# нейронної мережі
predictions = model.predict(new_images)

# Виведення списку інфікованих фото
infected_filenames = [filename for filename, prediction in
zip(os.listdir(new_image_folder), predictions) if prediction
> 0.5]
print("Список інфікованих фото:")
for filename in infected_filenames:
    print(filename)
```

Зручним рішенням для подальшого застосування моделі лікарями може бути іменування зразків крові прізвищами пацієнтів, від яких були взяті ці зразки. Після проведення діагностики, система виводить список прізвищ пацієнтів, у яких з високою ймовірністю зразки крові є інфікованими малярією.

Такий підхід до системи діагностики має кілька переваг. По-перше, він забезпечує швидку та автоматизовану діагностику з використанням збереженої моделі, що знижує навантаження на медичний персонал і скорочує час, потрібний для проведення діагностики. По-друге, іменування зразків крові прізвищами пацієнтів допомагає забезпечити зручний і однозначний зв'язок між зразками та конкретними пацієнтами, сприяючи подальшому аналізу та обробці даних.

Для перевірки коректності роботи системи діагностики малярії та впевненості, що вона виводить лише інфіковані фотографії, я провела ручну перевірку зображень за їх назвами в папці зі змішаними зразками. Це дозволило мені перевірити, чи правильно визначено стан кожного зразка крові.

Під час перевірки, я порівняла назви фотографій з оригінальними даними, що використовувалися при створенні набору тестових даних. Я використала ці

Кафедра інтелектуальних інформаційних систем
Система діагностики малярії на основі нейронної мережі
дані для визначення стану кожного зразка крові - чи він інфікований чи не
інфікований(рис. 3.11-3.14).

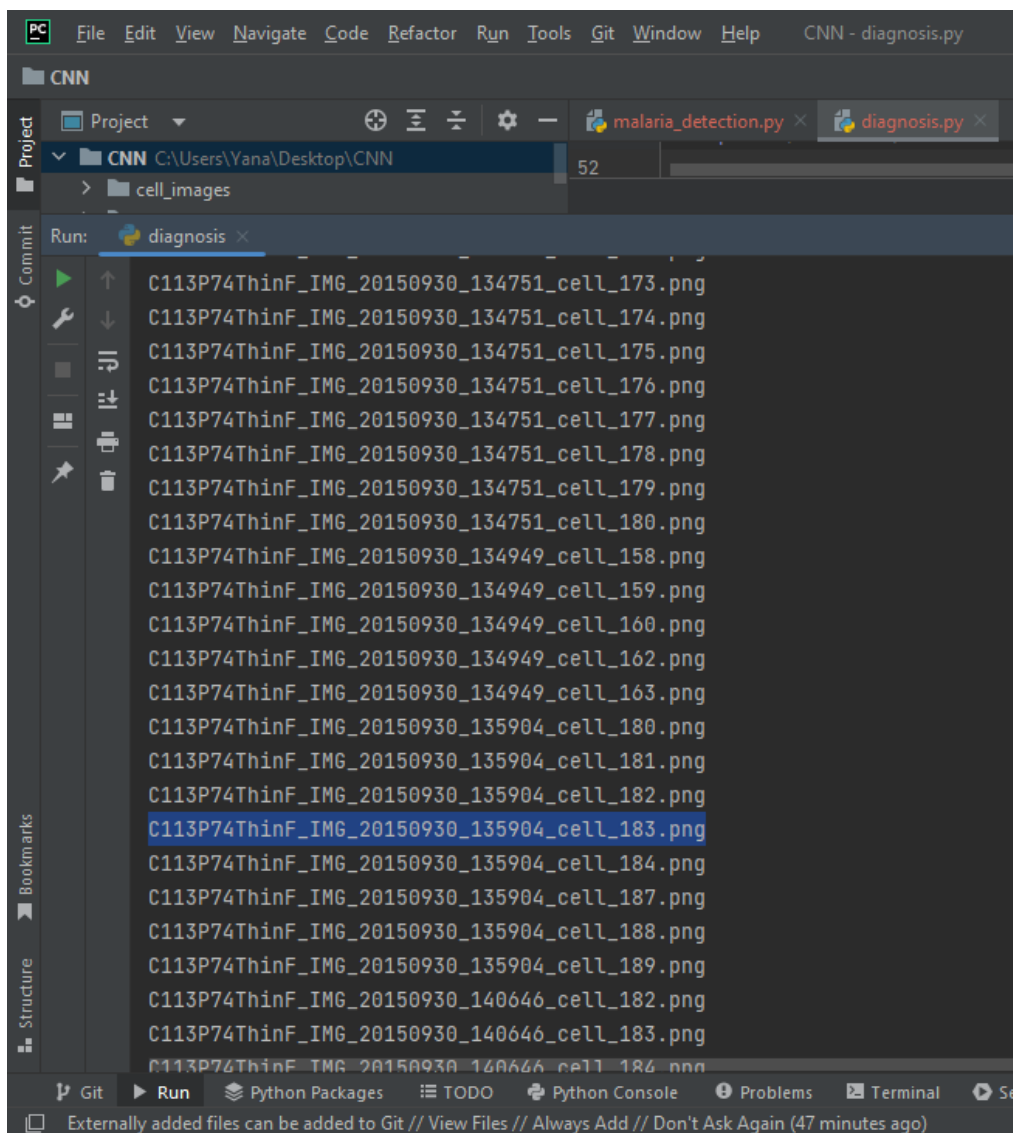


Рисунок 3.11 – Назва першого фото для ручної перевірки зі списку

Кафедра інтелектуальних інформаційних систем
Система діагностики малярії на основі нейронної мережі

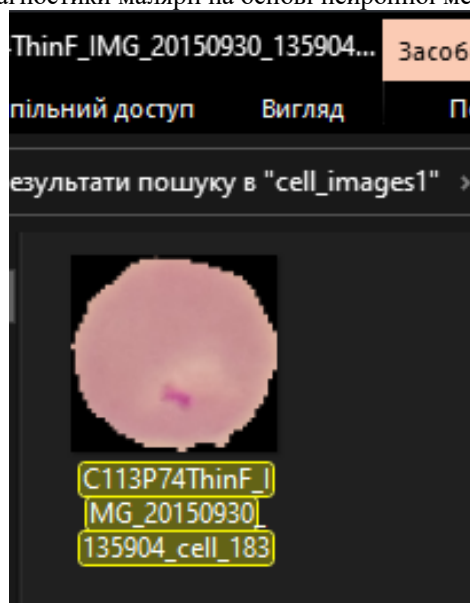


Рисунок 3.12 – Це зображення в папці, воно є інфікованим

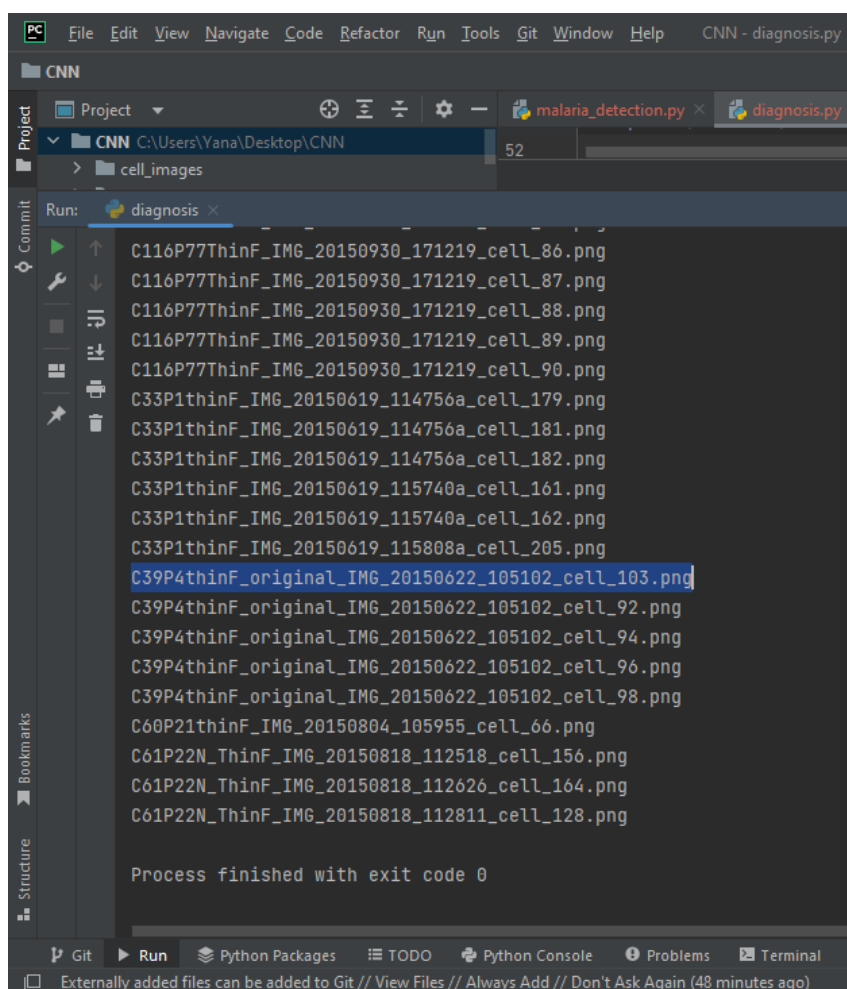


Рисунок 3.13 – Назва другого фото для ручної перевірки зі списку

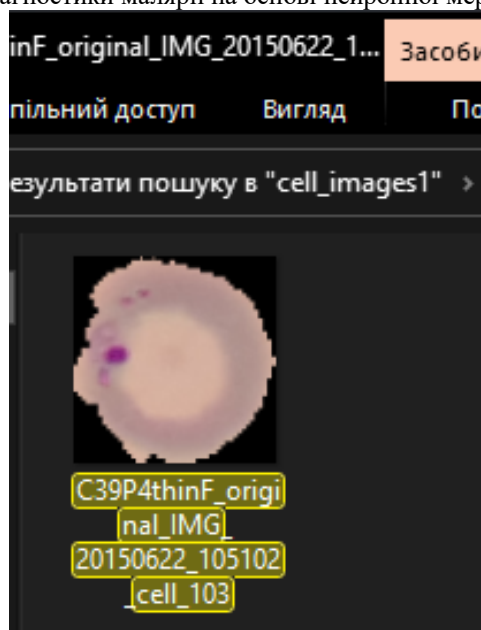


Рисунок 3.14 – Це зображення в папці, воно є інфікованим

В результаті ручної перевірки, я переконалася, що система діагностики працює коректно та виводить лише інфіковані фотографії з папки зі змішаними зразками. Це підтверджує ефективність навченої моделі нейронної мережі та правильність її класифікації зразків крові. Повний код для формування та виведення списку інфікованих зразків крові наведено в додатку Б.

Таким чином, система діагностики малярії, що використовує збережену модель навченої нейронної мережі, здатна ефективно діагностувати зразки крові з високою точністю та надає лікарям зручні інструменти для подальшого аналізу та вдосконалення діагностичного процесу.

3.4 Тестування та опис роботи інтерфейсу системи діагностики малярії

Процес реалізації системи діагностики малярії на основі нейронної мережі доповнюється розробкою простого інтерфейсу для зручної роботи з системою. Інтерфейс містить дві кнопки - "Діагностика зразків крові" та "Список інфікованих фото".

Для створення простого інтерфейсу було використано відповідні фреймворки або інструменти, які дозволяють створювати графічний інтерфейс

користувача. Так, було використано бібліотеку Tkinter для створення інтерфейсу на мові програмування Python(рис. 3.15).Повний код створення інтерфейсу наведений в додатку В.

```
import os
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
from PIL import Image, ImageTk
import tkinter as tk
from tkinter import filedialog, messagebox
from sklearn.metrics import roc_curve, auc
from tensorflow.keras.preprocessing.image import img_to_array, load_img
import tensorflow as tf
```

Рисунок 3.15 – Підключення бібліотеки Tkinter

Після запуску програми, користувач побачить вікно з двома кнопками(рис. 3.16).

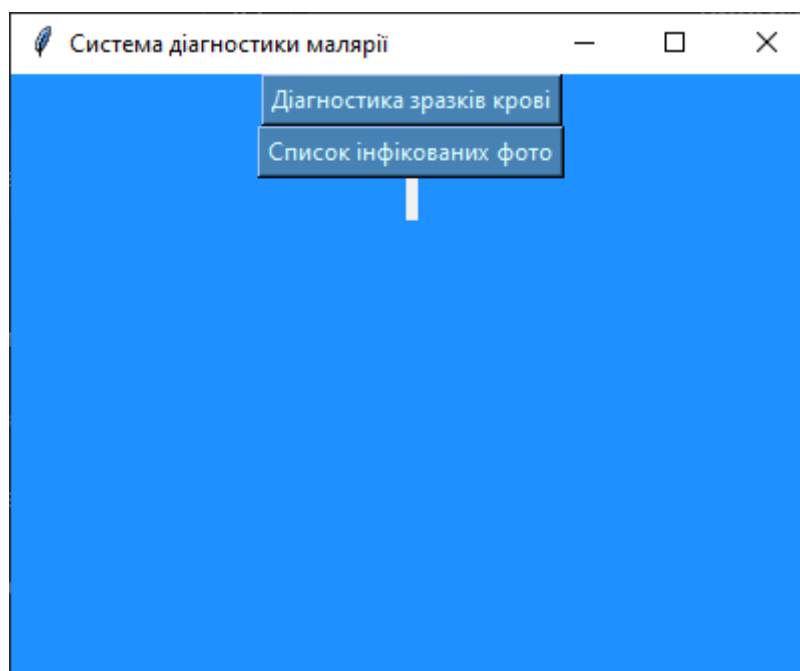


Рисунок 3.16 – Інтерфейс системи діагностики

Кнопка "Діагностика зразків крові" розширює можливості системи діагностики малярії на основі нейронної мережі. Ця кнопка дозволяє

Кафедра інтелектуальних інформаційних систем
Система діагностики малярії на основі нейронної мережі
користувачеві виконати процес діагностики обраного зображення. При натисканні кнопки, система відкриває вікно, яке дозволяє обрати зображення зразка крові, яке необхідно діагностувати. Зображення можна обрати шляхом вибору файлу зображення з файлової системи (рис. 3.17).

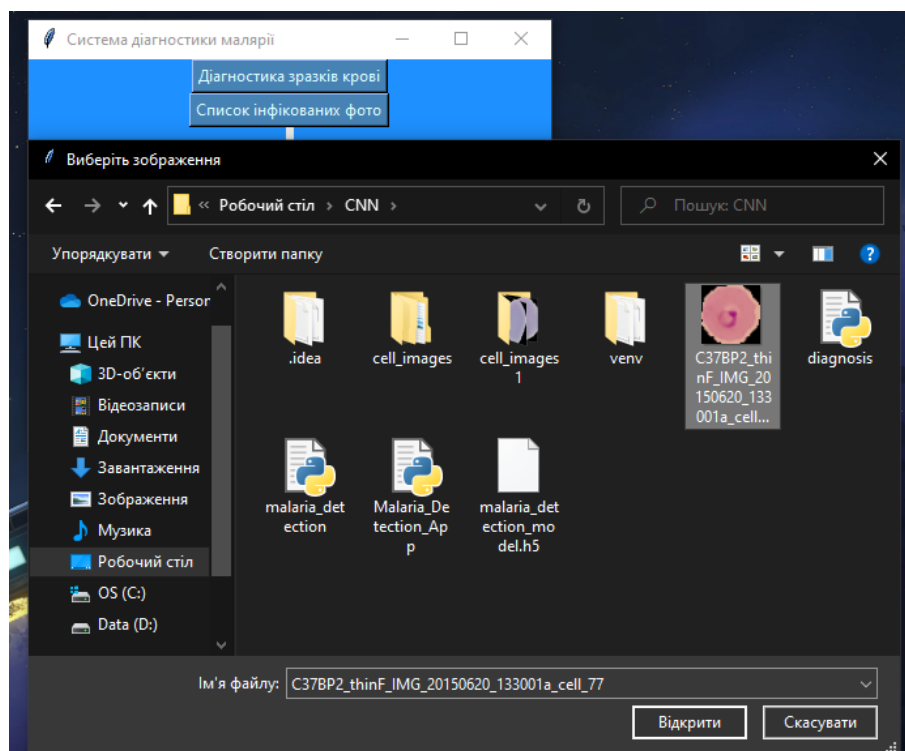


Рисунок 3.17 – Завантаження обраного зображення

Після обрання зображення, система створює нове вікно, на якому відображається результат діагностики. Результат представлений у вигляді текстового повідомлення, яке показує статус зразка (інфікований або не інфікований) (рис. 3.18).

Кафедра інтелектуальних інформаційних систем
Система діагностики малярії на основі нейронної мережі

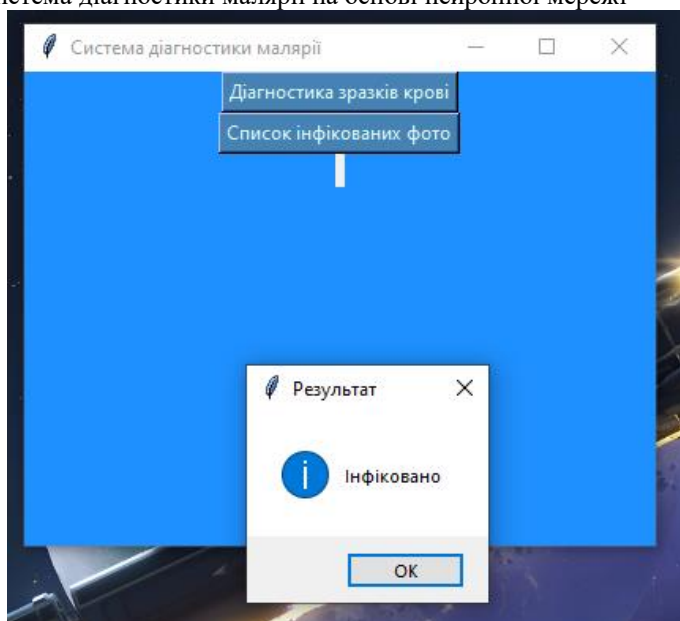


Рисунок 3.18 – Нове вікно з результатом діагностики

Для підтвердження результату діагностики, на новому вікні з'являється кнопка "ОК". Після натискання цієї кнопки, вікно з результатом діагностики закривається, а зображення, яке було діагностовано, відображається в основному інтерфейсі системи(рис. 3.19).

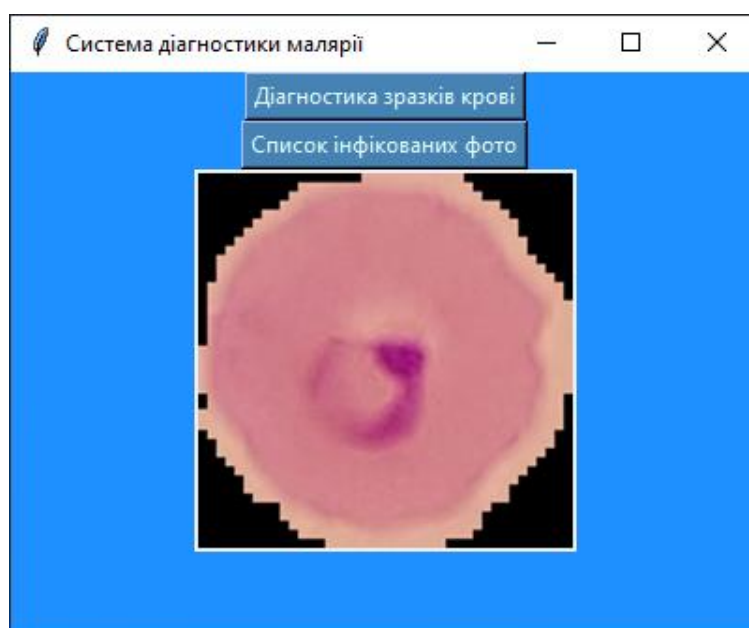


Рисунок 3.19 – Відображення діагностованого зразка крові в основному інтерфейсі системи

Друга кнопка "Список інфікованих фото" надає можливість вивести список інфікованих зображень. При натисканні цієї кнопки, система перевіряє папку зі змішаними зразками, ідентифікує інфіковані зображення за допомогою збереженої моделі та виводить список назв файлів інфікованих зображень (рис. 3.20).

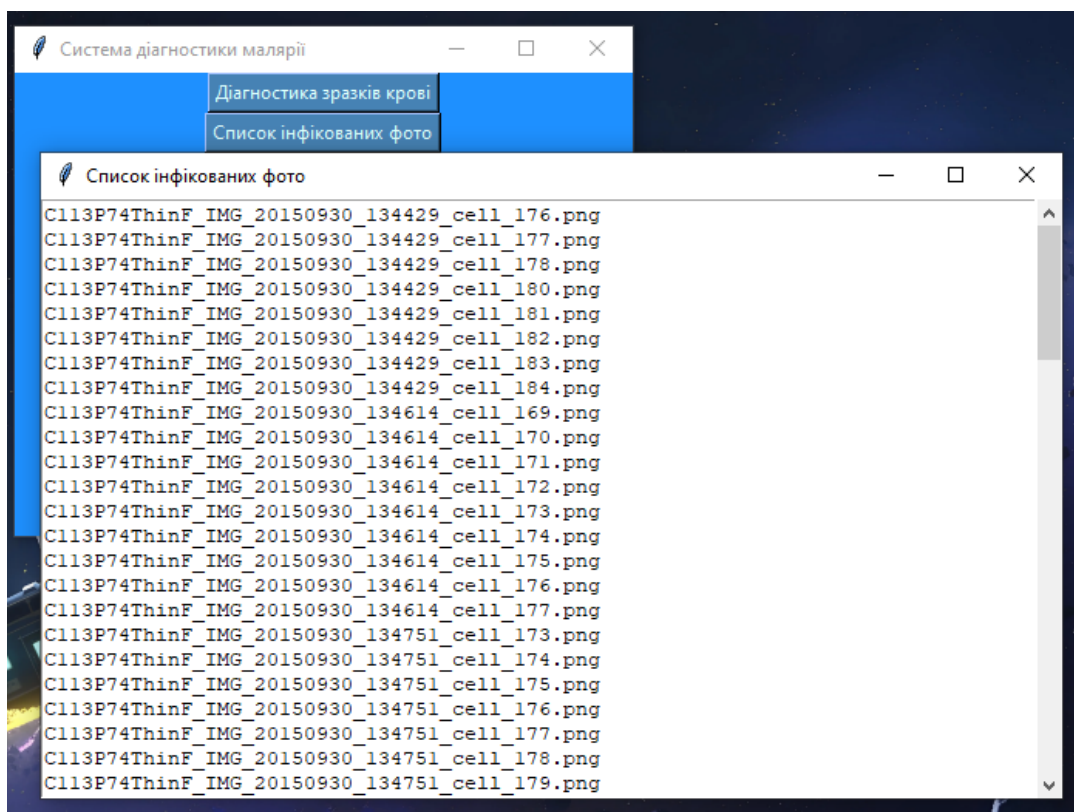


Рисунок 3.20 – Результат роботи кнопки "Список інфікованих фото"

Цей простий інтерфейс полегшує користувачам взаємодію з системою діагностики малярії. Вони можуть легко вибрати потрібну опцію - провести діагностику зразків крові або переглянути список інфікованих зображень - з одного кліку кнопки. Це робить систему більш зручною та ефективною для лікарів та медичних фахівців, які використовують її для діагностики та моніторингу малярії.

Висновки до 3 розділу

У цьому розділі була представлена розроблена система діагностики малярії на основі нейронної мережі. В процесі реалізації системи було виконано кілька важливих кроків.

Початково було обрано набір даних, який містив інфіковані та не інфіковані зразки крові. Ці дані були отримані з відкритого джерела Kaggle.com. Після цього було проведено навчання нейронної мережі з використанням цих даних. Було встановлено, що 5 епох навчання було достатньо для досягнення високої точності моделі.

Після навчання моделі було збережено в форматі HDF5 для подальшого використання. Збережена модель дозволила виконувати діагностику нових зразків крові з високою ймовірністю. Інтерфейс системи був розроблений для зручності користувачів, і він мав дві основні кнопки: "Діагностика зразків крові" та "Список інфікованих фото".

Кнопка "Діагностика зразків крові" дозволяла користувачам діагностувати обрані зображення на основі навченої нейронної мережі. Вона надавала можливість вибирати зображення зразка крові та переглядати результат діагностики. Результати діагностики були точні та коректні.

Цей розділ свідчить про успішну реалізацію системи діагностики малярії на основі нейронної мережі. Система демонструє високу точність в діагностуванні зразків крові та надає зручний інтерфейс для користувачів. Використання нейронної мережі в поєднанні зі збереженою моделлю робить систему ефективною та готовою до діагностики великих обсягів зразків крові.

ВИСНОВКИ

У боротьбі з малярією, точна та швидка діагностика має вирішальне значення. Існуючі методи діагностики мають свої обмеження і не завжди є ефективними. Тому використання нейронних мереж для діагностики малярії може бути перспективним напрямом, який дозволяє покращити точність та швидкість діагностики.

Використання нейронних мереж для діагностики малярії має значний потенціал для поліпшення якості та ефективності діагностики. Одна з переваг цього підходу полягає в тому, що нейронні мережі здатні розпізнавати складні патерни та зв'язки між даними, що дозволяє отримувати більш точні та надійні результати.

Крім того, використання нейронних мереж може допомогти знизити час, потрібний для діагностики, що особливо важливо, коли кожна година має велике значення для життя пацієнта. Також нейронні мережі можуть бути застосовані у дистанційній діагностиці, дозволяючи медичним працівникам на віддаленій від пацієнта локації швидко та точно діагностувати захворювання.

Використання нейронних мереж може допомогти виявити захворювання на ранніх стадіях, коли традиційні методи діагностики можуть бути менш ефективними. Це може підвищити шанси на успішне лікування та запобігти подальшому поширенню хвороби. Узагалі, використання нейронних мереж у діагностиці малярії відкриває нові можливості для поліпшення методів боротьби з цим захворюванням. Тому розробка системи діагностики малярії на основі нейронних мереж є актуальним та перспективним напрямом досліджень у цій області.

У першому розділі моєї роботи було виконано огляд літературних джерел та статистичних даних щодо проблеми діагностики малярії. Було проведено дослідження щодо поширеності захворювання в різних країнах світу, що дозволило отримати загальну характеристику проблеми та підкреслити її важливість.

Також у першому розділі були описані основні методи діагностики малярії, включаючи мікроскопічний аналіз крові та швидкі тести на наявність паразитів. Були проаналізовані сучасні підходи до діагностики захворювань з використанням нейронних мереж, описані їх переваги та можливості. Цей огляд літератури дав змогу визначити основні проблеми традиційних методів діагностики та переваги використання нейронних мереж у цій сфері.

У другому розділі була описана загальна структура системи діагностики малярії на основі нейронної мережі. Були розглянуті компоненти системи, зокрема вхідні дані, архітектура нейронної мережі, методи навчання та тестування моделі. Цей розділ надав важливі вказівки щодо побудови та реалізації системи діагностики малярії на основі нейронної мережі.

Третій розділ містить детальний опис розробки та здійснення програмної реалізації системи діагностики малярії. Були описані кроки вибору набору даних, навчання моделі, збереження моделі у форматі HDF5 та застосування моделі для діагностики зображень зразків крові. Також був розроблений простий інтерфейс для зручного використання системи, що дозволяє виконувати діагностику зразків та виводити список інфікованих фото.

Загальний висновок з даної роботи підтверджує потенціал та ефективність використання нейронних мереж у діагностиці малярії. Використання такої системи може сприяти покращенню швидкості та точності діагностики, що має велике значення для успішного лікування та контролю за захворюванням. Проте, слід зазначити, що системи діагностики на основі нейронних мереж вимагають постійного вдосконалення та перевірки їхньої ефективності на різних наборах даних, а також додаткових досліджень для поліпшення результатів та розширення їх можливостей.

СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ

1. Міхеєв А.О. Історія відкриття збудника малярії. Кафедра мікробіології та вірусології, Буковинський державний медичний університет. URL: <https://www.bsmu.edu.ua/blog/4449-istoriya-vidkrittya-zbudnika-malyarii/>. (дата звернення: 06.05.2023).
2. Sonia Shah. (2010). *The Fever: How Malaria Has Ruled Humankind for 500,000 Years*. 304 p.
3. WHO. (2021). Прогрес у розробці вакцини проти малярії. URL: <https://www.who.int/ru/news-room/feature-stories/detail/progress-in-malaria-vaccine-development>. (дата звернення: 09.05.2023).
4. The Lancet. (2020). Розробка вакцини проти малярії: від більш ніж 30 років досліджень до клінічних випробувань. URL: [https://www.thelancet.com/journals/laninf/article/PIIS1473-3099\(20\)30460-2/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/laninf/article/PIIS1473-3099(20)30460-2/fulltext). (дата звернення: 09.05.2023).
5. WHO. (2021). Дані щодо малярії. URL: <https://www.who.int/data/gho/data/themes/malaria>. (Дата звернення: 10.05.2023).
6. Doolan, Denise L., and Stephen A. Hoffman. "Malaria Methods and Protocols." Springer Science+Business Media, 2002.
7. Chiodini, Peter L., et al. "Malaria Diagnosis and Treatment." CRC Press, 2013.
8. Fidock, David A. "Malaria: Methods and Protocols." Humana Press, 2013.
9. World Health Organization. "Malaria Rapid Diagnostic Test Performance: Results of WHO Product Testing of Malaria RDTs: Round 1." World Health Organization, 2008.
10. Riley, Eleanor M. "Malaria: Immune Response to Infection and Vaccination." Springer Science+Business Media, 2016.
11. Shen, D., Wu, G., & Suk, H. I. (2017). Deep learning in medical imaging: a review. *Neurocomputing*, 219, 3-13.

12. Esteva, A., Kuprel, B., Novoa, R. A., Ko, J., Swetter, S. M., Blau, H. M., & Thrun, S. (2018). Diagnosis of skin cancer using deep learning. *Frontiers in medicine*, 5, 176.
13. Liu, X., Chen, H., Lv, X., Li, M., Shen, J., & Chen, Y. (2018). Predicting early psychiatric readmission with natural language processing and deep recurrent neural networks. *Translational psychiatry*, 8(1), 1-10.
14. Deep Learning for Computer Vision. URL: <https://www.pyimagesearch.com/deep-learning-computer-vision-python-book/>. (дата звернення: 11.05.2023).
15. Neural Networks and Deep Learning. URL: <http://neuralnetworksanddeeplearning.com/chap6.html>. (дата звернення: 12.05.2023).
16. LeCun, Y., Bottou, L., Bengio, Y., & Haffner, P. (1998). Gradient-based learning applied to document recognition. *Proceedings of the IEEE*, 86(11), 2278-2324.
17. Krizhevsky, A., Sutskever, I., & Hinton, G. E. (2012). Imagenet classification with deep convolutional neural networks. In *Advances in neural information processing systems* (pp. 1097-1105). URL: <https://papers.nips.cc/paper/4824-imagenet-classification-with-deep-convolutional-neural-networks.pdf>
18. Simonyan, K., & Zisserman, A. (2015). Very deep convolutional networks for large-scale image recognition. In *International conference on learning representations*. URL: <https://arxiv.org/pdf/1409.1556.pdf>
19. He, K., Zhang, X., Ren, S., & Sun, J. (2016). Deep residual learning for image recognition. In *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition* (pp. 770-778).
20. Ioffe, S., & Szegedy, C. (2015). Batch normalization: Accelerating deep network training by reducing internal covariate shift. In *International conference on machine learning* (pp. 448-456). URL: <https://proceedings.mlr.press/v37/ioffe15.pdf>

21. He, K., Zhang, X., Ren, S., & Sun, J. (2016). Deep residual learning for image recognition. In Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition (pp. 770-778).
22. Lin, T. Y., Goyal, P., Girshick, R., He, K., & Dollar, P. (2017). Focal loss for dense object detection. In Proceedings of the IEEE international conference on computer vision (pp. 2980-2988).
23. Cui, Y., Jia, M., Lin, T. Y., Song, Y., & Belongie, S. (2019). Class-balanced loss based on effective number of samples. In Proceedings of the IEEE/CVF conference on computer vision and pattern recognition (pp. 9268-9277).
24. Saeedan, F., & Javidi, M. (2018). A novel approach for improving convolutional neural network performance by adding noise to input data. Pattern Recognition, 80, 1-12.
25. Hinton, G. E., Krizhevsky, A., & Wang, S. D. (2011). Transforming auto-encoders. In Artificial Neural Networks and Machine Learning--ICANN 2011 (pp. 44-51). Springer Berlin Heidelberg.
26. Tiobe Index. URL: <https://www.tiobe.com/tiobe-index/>. (дата звернення: 21.05.2023).
27. Python.org. URL: <https://www.python.org/> (дата звернення: 23.05.2023).

ДОДАТОК А**Файл malaria_detection.py**

```
import os
import numpy as np
import tensorflow as tf
from tensorflow.keras import layers
from PIL import Image
from sklearn.metrics import roc_curve, auc
import matplotlib.pyplot as plt
from sklearn.model_selection import train_test_split
import h5py

# Папка, в якій містяться зображення
image_folder = "C:\\Users\\Yana\\Desktop\\CNN\\cell_images"

# Шлях до файлу, у якому буде збережена модель
model_path =
"C:\\Users\\Yana\\Desktop\\CNN\\malaria_detection_model.h5"

# Завантаження та підготовка даних
def load_data(image_folder):
    # Список файлів зображень та їх міток
    images = []
    labels = []

    # Проходження через папку "Parasitized"
    parasitized_folder = os.path.join(image_folder, "Parasitized")
    parasitized_files = [f for f in os.listdir(parasitized_folder)
if f.endswith('.png')]
    for filename in parasitized_files:
        image_path = os.path.join(parasitized_folder, filename)
        image = Image.open(image_path)
        image = image.resize((img_width, img_height))
        image = np.array(image) / 255.0
        images.append(image)
        labels.append(1) # 1 - мітка для "Parasitized"

    # Проходження через папку "Uninfected"
    uninfected_folder = os.path.join(image_folder, "Uninfected")
    uninfected_files = [f for f in os.listdir(uninfected_folder) if
f.endswith('.png')]
    for filename in uninfected_files:
        image_path = os.path.join(uninfected_folder, filename)
        image = Image.open(image_path)
        image = image.resize((img_width, img_height))
        image = np.array(image) / 255.0
        images.append(image)
        labels.append(0) # 0 - мітка для "Uninfected"
```



```
# Перетворення списків у масиви
images = np.array(images)
labels = np.array(labels)

return images, labels

# Загальні параметри
img_width = 80
img_height = 80

# Визначення функції split_data
def split_data(images, labels, test_size):
    train_images, test_images, train_labels, test_labels =
    train_test_split(images, labels, test_size=test_size,
    random_state=42)
    return train_images, train_labels, test_images, test_labels

# Завантаження та підготовка даних
images, labels = load_data(image_folder)

# Розбиття даних на тренувальний та тестовий набори
train_images, train_labels, test_images, test_labels =
split_data(images, labels, test_size=0.2)

# Перевірка наявності моделі
if os.path.isfile(model_path):
    # Завантаження збереженої моделі
    model = tf.keras.models.load_model(model_path)
else:
    # Створення нової моделі
    model = tf.keras.Sequential()
    model.add(layers.Conv2D(32, (3, 3), activation='relu',
input_shape=(img_width, img_height, 3)))
    model.add(layers.MaxPooling2D((2, 2)))
    model.add(layers.Conv2D(64, (3, 3), activation='relu'))
    model.add(layers.MaxPooling2D((2, 2)))
    model.add(layers.Conv2D(128, (3, 3), activation='relu'))
    model.add(layers.MaxPooling2D((2, 2)))
    model.add(layers.Flatten())
    model.add(layers.Dense(128, activation='relu'))
    model.add(layers.Dense(1, activation='sigmoid'))

# Компіляція моделі
model.compile(optimizer='adam', loss='binary_crossentropy',
metrics=['accuracy'])

# Навчання моделі
model.fit(train_images, train_labels, epochs=5, batch_size=32)

# Збереження моделі у форматі HDF5
```

```
model.save(model_path)

# Оцінка моделі на тестових даних
loss, accuracy = model.evaluate(test_images, test_labels)
print("Test Loss:", loss)
print("Test Accuracy:", accuracy)

# Прогнозування на тестових даних
y_pred = model.predict(test_images).ravel()

# Обчислення ROC-кривої
fpr, tpr, thresholds = roc_curve(test_labels, y_pred)
roc_auc = auc(fpr, tpr)

# Побудова ROC-кривої
plt.figure()
plt.plot(fpr, tpr, color='darkorange', lw=2, label='ROC curve (area = %0.2f)' % roc_auc)
plt.plot([0, 1], [0, 1], color='navy', lw=2, linestyle='--')
plt.xlim([0.0, 1.0])
plt.ylim([0.0, 1.05])
plt.xlabel('False Positive Rate')
plt.ylabel('True Positive Rate')
plt.title('Receiver Operating Characteristic')
plt.legend(loc="lower right")
plt.show()
```

ДОДАТОК Б**Файл diagnosis.py**

```
import os
import numpy as np
import tensorflow as tf
from tensorflow.keras.preprocessing.image import img_to_array,
load_img

# Папка, в якій містяться зображення
image_folder = "C:\\Users\\Yana\\Desktop\\CNN\\cell_images"

# Завантаження попередньо навченої моделі
model =
tf.keras.models.load_model("C:\\Users\\Yana\\Desktop\\CNN\\malaria_d
etection_model.h5")

# Функція для завантаження та підготовки даних
def load_data(image_folder):
    # Список файлів зображень та їх міток
    images = []
    labels = []

    # Проходження через всі файли в папці
    image_files = [f for f in os.listdir(image_folder) if
f.endswith('.png')]
    for filename in image_files:
        image_path = os.path.join(image_folder, filename)
        image = load_img(image_path, target_size=(img_width,
img_height))
        image = img_to_array(image) / 255.0
        images.append(image)
        labels.append(1) # Тут можна встановити відповідну мітку

    # Перетворення списків у масиви
    images = np.array(images)
    labels = np.array(labels)

    return images, labels

# Загальні параметри
img_width = 80
img_height = 80

# Завантаження та підготовка даних
images, labels = load_data(image_folder)

# Завантаження нового набору даних змішаних інфікованих та
неінфікованих фото
```

Кафедра інтелектуальних інформаційних систем
Система діагностики малярії на основі нейронної мережі

```
new_image_folder = "C:\\Users\\Yana\\Desktop\\CNN\\cell_images1"
new_images, new_labels = load_data(new_image_folder)

# Аналіз нового набору даних за допомогою попередньо навченої
нейронної мережі
predictions = model.predict(new_images)

# Виведення списку інфікованих фото
infected_filenames = [filename for filename, prediction in
zip(os.listdir(new_image_folder), predictions) if prediction > 0.5]
print("Список інфікованих фото:")
for filename in infected_filenames:
    print(filename)
```

ДОДАТОК В**Файл Malaria_Detection_App.py**

```
import os
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
from PIL import Image, ImageTk
import tkinter as tk
from tkinter import filedialog, messagebox
from sklearn.metrics import roc_curve, auc
from tensorflow.keras.preprocessing.image import img_to_array,
load_img
import tensorflow as tf

def evaluate_model(image_path):
    # Шлях до файлу з моделлю
    model_path =
"C:\\Users\\Yana\\Desktop\\CNN\\malaria_detection_model.h5"

    # Завантаження моделі
    if os.path.isfile(model_path):
        model = tf.keras.models.load_model(model_path)
    else:
        messagebox.showerror("Помилка", "Модель не знайдена.")
        return

    # Загальні параметри
    img_width = 80
    img_height = 80

    # Завантаження та підготовка зображення
    image = Image.open(image_path)
    image = image.resize((img_width, img_height))
    image = np.array(image) / 255.0
    image = np.expand_dims(image, axis=0)

    # Оцінка моделі
    prediction = model.predict(image)
    if prediction > 0.5:
        result = "Інфіковано"
    else:
        result = "Неінфіковано"
    messagebox.showinfo("Результат", result)

def diagnose_blood_samples():
    # Папка, в якій містяться зображення
    image_folder = "C:\\Users\\Yana\\Desktop\\CNN\\cell_images1"
```

```
# Шлях до файлу з моделлю
model_path =
"C:\\Users\\Yana\\Desktop\\CNN\\malaria_detection_model.h5"

# Завантаження моделі
if os.path.isfile(model_path):
    model = tf.keras.models.load_model(model_path)
else:
    messagebox.showerror("Помилка", "Модель не знайдена.")
    return

# Загальні параметри
img_width = 80
img_height = 80

# Вибір зображення для оцінки
root = tk.Tk()
root.withdraw()
image_path = filedialog.askopenfilename(title='Виберіть
зображення')

# Перевірка, чи вибрано зображення
if not image_path:
    return

# Виклик функції для оцінки моделі з передачею шляху до
зображення
evaluate_model(image_path)

def show_infected_list():
    root = tk.Tk()
    root.withdraw()
    # Папка, в якій містяться зображення
    image_folder = "C:\\Users\\Yana\\Desktop\\CNN\\cell_images1"

    # Шлях до файлу з моделлю
    model_path =
"C:\\Users\\Yana\\Desktop\\CNN\\malaria_detection_model.h5"

    # Завантаження моделі
    if os.path.isfile(model_path):
        model = tf.keras.models.load_model(model_path)
    else:
        messagebox.showerror("Помилка", "Модель не знайдена.")
        return

    # Загальні параметри
    img_width = 80
    img_height = 80
```

Кафедра інтелектуальних інформаційних систем
Система діагностики малярії на основі нейронної мережі

```

# Завантаження та підготовка даних
image_files = [f for f in os.listdir(image_folder) if
f.endswith('.png')]
images = []
labels = []
for filename in image_files:
    image_path = os.path.join(image_folder, filename)
    image = load_img(image_path, target_size=(img_width,
img_height))
    image = img_to_array(image) / 255.0
    images.append(image)
    labels.append(1) # Тут можна встановити відповідну мітку
images = np.array(images)
labels = np.array(labels)

# Аналіз нового набору даних за допомогою попередньо навченої
нейронної мережі
predictions = model.predict(images)

# Створення вікна для виведення списку інфікованих фото з
прокручуванням
window = tk.Tk()
window.title("Список інфікованих фото")

# Створення області прокручування
scrollbar = tk.Scrollbar(window)
scrollbar.pack(side=tk.RIGHT, fill=tk.Y)

# Створення текстового поля для виведення списку
infected_list = tk.Text(window, yscrollcommand=scrollbar.set)
infected_list.pack(side=tk.LEFT, fill=tk.BOTH)

# Додавання інфікованих фото в текстове поле
for filename, prediction in zip(image_files, predictions):
    if prediction > 0.5:
        infected_list.insert(tk.END, filename + "\n")

# Налаштування прокручування
scrollbar.config(command=infected_list.yview)

# Запуск графічного інтерфейсу
window.mainloop()

def main():
    root = tk.Tk()
    root.title("Система діагностики малярії")
    root.geometry("400x300")
    root.configure(bg="DodgerBlue")

```

```

                Кафедра інтелектуальних інформаційних систем
                Система діагностики малярії на основі нейронної мережі
# Функція для кнопки "Діагностика зразків крові"
def evaluate_quality():
    image_path = filedialog.askopenfilename(title='Виберіть
зображення')
    if image_path:
        evaluate_model(image_path)
        # Відображення зображення в графічному інтерфейсі
        image = Image.open(image_path)
        image = image.resize((200, 200))
        photo = ImageTk.PhotoImage(image)
        image_label.configure(image=photo)
        image_label.image = photo # Збереження посилання на
зображення

def show_infected_photos():
    show_infected_list()

    evaluate_button = tk.Button(root, text="Діагностика зразків
крові", command=evaluate_quality, bg="SteelBlue", fg="LightCyan")
    evaluate_button.pack()

    infected_photos_button = tk.Button(root, text="Список
інфікованих фото", command=show_infected_photos, bg="SteelBlue",
fg="LightCyan")
    infected_photos_button.pack()

    # Відображення зображення
    image_label = tk.Label(root)
    image_label.pack()

    root.mainloop()

if __name__ == '__main__':
    main()

```