

НЕЙРОСЕТЕВАЯ МОДЕЛЬ И АЛГОРИТМ ОБУЧЕНИЯ КЛАССИФИКАТОРА ДЛЯ ОБРАБОТКИ ДАННЫХ ГЕЛЬ-ЭЛЕКТРОФОРЕЗА СЫВОРОТКИ КРОВИ ЧЕЛОВЕКА

К.С. Курочка¹, К.А. Панарин¹, К.С. Макеева²

¹Гомельский государственный технический университет им. П.О. Сухого

²Гомельский государственный медицинский университет

NEURAL NETWORK MODEL AND CLASSIFIER TRAINING ALGORITHM FOR PROCESSING HUMAN SERUM GEL ELECTROPHORESIS DATA

K.S. Kurochka¹, K.A. Panarin¹, K.S. Makeeva²

¹Sukhoi State Technical University of Gomel

²Gomel State Medical University

Аннотация. Анализ биомедицинских изображений протеинограмм, получаемых в результате гель-электрофореза, является актуальным направлением исследований. В результате исследования различных методов и средств анализа электрофореграмм, авторами предложена ресурсоэффективная и быстрая модель сверточной нейронной сети, позволяющая осуществлять классификацию протеинограмм сыворотки крови человека с высокой точностью при низких требованиях к вычислительным ресурсам компьютера.

Ключевые слова: нейронные сети, компьютерное зрение, распознавание изображений, протеинограммы, электрофорез.

Для цитирования: Курочка, К.С. Нейросетевая модель и алгоритм обучения классификатора для обработки данных гель-электрофореза сыворотки крови человека / К.С. Курочка, К.А. Панарин, К.С. Макеева // Проблемы физики, математики и техники. – 2024. – № 4 (61). – С. 70–77. – DOI: https://doi.org/10.54341/20778708_2024_4_61_70. – EDN: INSQVT

Abstract. The analysis of biomedical images of proteinograms obtained as a result of gel electrophoresis is a research area of current interest. As a result of the study of various methods and means of analyzing electrophoregrams, the authors proposed a resource-efficient and fast model of convolutional neural network, which allows the classification of human blood serum proteinograms with high accuracy at low requirements to computing resources of the computer.

Keywords: neural networks, computer vision, image recognition, proteinograms, electrophoresis.

For citation: Kurochka, K.S. Neural network model and classifier training algorithm for processing human serum gel electrophoresis data / K.S. Kurochka, K.A. Panarin, K.S. Makeeva // Problems of Physics, Mathematics and Technics. – 2024. – № 4 (61). – P. 70–77. – DOI: https://doi.org/10.54341/20778708_2024_4_61_70 (in Russian). – EDN: INSQVT

Введение

В настоящее время информационные технологии применяются во всех областях деятельности человека. Медицина не стала исключением. Актуальные разработки в области информационных технологий оказывают положительное влияние на развитие новых способов организации медицинской помощи населению. Активное внедрение современных технологий в медицинскую отрасль в большинстве стран позволило повысить эффективность диагностирования и лечения [1].

Анализ и классификация изображений, получаемых в настоящее время генетике и медицине, является важной проблемой обработки экспериментальной информации, поток которой в последние годы неизбежно растет. Многие из актуальных задач радиобиологии, практической

генетики и клинической медицины сталкиваются с двумя важными и взаимно конфликтующими проблемами обработки растущего потока данных. Это, во-первых, массовость обработки, требующая ее автоматизации, и, во-вторых, чрезвычайная сложность анализа изображений, подлежащих надежной классификации по их биологическим, генетическим или медицинским свойствам. Яркими примерами таких проблем являются задачи автоматической классификации генетической изменчивости белковых структур в результате радиационного поражения или других факторов по данным их электрофореграмм, решение которых включает в себя получение электрофоретических спектров исследуемых белков с последующим распознаванием их изображений с целью выявления генетической принадлежности образца.

Наиболее распространенный метод электрофореза – гель-электрофорез – проводится в агарозном или полиакриламидном геле и позволяет, варьируя структуру геля и состав буферного раствора, проводить разделение на основе различия в молекулярных массах изоэлектрических точек и биоспецифическом средстве. Анализ электрофоретических спектров позволяет обнаруживать изменения в белковых структурах, возникающие вследствие воздействия радиационного излучения.

В силу многокритериальности и объемности этой задачи необходима автоматизация процессов распознавания и классификации результатов гель-электрофореза сыворотки крови человека, при этом можно выделить следующие требования к обработке данных: максимальная скорость вычислений при предельно достижимой их точности. Реализация этих требований при наличии вышеперечисленных условий неизбежно натолкнулась на ограниченность традиционно применяемых классических подходов, таких как самоорганизующиеся карты Кохонена и скрытая марковская модель, т. к. они либо не давали достаточной точности, либо скорости вычислений. Выполненные ранее работы по этой теме также показали неэффективность применения нейронных сетей прямого распространения [2]–[4].

За счет улучшения мощностей современной компьютерной базы становится возможным воздействие для решения данной задачи нейросетевых методов глубокого обучения с использованием свёрточных нейронных сетей.

Применение свёрточных нейронных сетей позволяет осуществлять локализацию и классификацию исследуемых объектов на зашумленных изображениях в автоматизированном режиме [5].

1 Аналитический обзор существующих методов и подходов анализа электрофореграмм белковых структур

Среди методов классификации и разделения спектральных данных, таких как электрофореграммы, можно выделить несколько подходов.

Самоорганизующиеся карты Кохонена – вид ИНС (искусственной нейронной сети), предложенный Кохоненом [2], основной задачей которого является преобразование входного сигнала любой размерности в одно- или двумерную дискретную карту.

Скрытая марковская модель – Hidden Markov Model (HMM) – это статистическая модель, в которой основной задачей является определить неизвестные параметры на следующей отсечке времени на основе наблюдаемого «настоящего».

В литературе существует множество примеров использования методов, описанных выше, для решения задач обработки биологической информации.

В работе [3] авторы попытались сравнить

применение SOM для задачи классификации разновидностей стручкового перца на основе электрофореграмм. Результаты исследования показали эффективность распознавания порядка 90%. Исследования [4], [6] показывают возможность применения однослойного персептрона в задаче распознавания по электрофоретическим спектрам. У авторов получилось добиться эффективности классификации на тестовой выборке в пределах 70–90%, что, как утверждают авторы, соответствует результату, который показывают эксперты. Исследование [7] является примером того, как можно использовать комбинированный подход в классификации, путем предварительной кластеризации данных с помощью SOM.

Иным перспективным подходом является метод опорных векторов (Support Vector Machine, SVM). Это один из методов обучения, который используется для решения задач классификации и регрессии. Основная идея метода заключается в построении гиперплоскости, разделяющей объекты выборки наиболее оптимальным способом. В работе [10] применение метода опорных векторов в отношении двумерных изображений гель-электрофореза позволило достичь 89,85% точности классификации.

Однако данные подходы используют устаревшие инструменты, не учитывающие развитие современной компьютерной техники и не отличающиеся высокой точностью и производительностью. Поэтому возникает насущная потребность в разработке нового математического и алгоритмического аппарата с привлечением математических средств [11]. Сюда относится развитие и применение нейросетевых методов глубокого обучения и других новых подходов машинного обучения, используемых в последние годы.

Наиболее продуктивным подходом является применение искусственных нейронных сетей глубокого обучения, показавших высокие результаты применительно к обработке изображений различной природы, в том числе и медицинских [12]. Наилучшие результаты по классификации изображений демонстрируют сверточные нейронные сети, предобученные на обширных наборах данных.

2 Подготовка входных данных для обучения модели нейронной сети

В данном исследовании информация представлена спектрами электрофореза сыворотки крови человека. Принципиальной основой всех электрофоретических методов является тот факт, что находящиеся в растворе молекулы, располагающие электрическим зарядом, под действием сил электрического поля смещаются в сторону противоположно заряженного электрода.

На рисунке 2.1 представлен пример электрофореграммы сыворотки крови человека в агарозном геле.

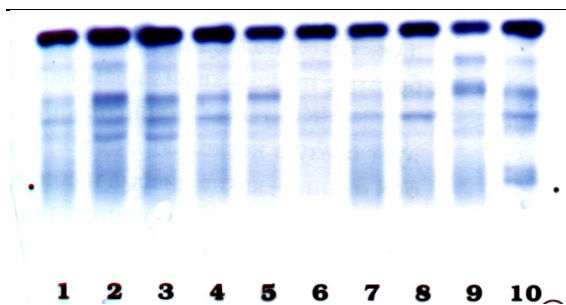


Рисунок 2.1 – Дорожки гель-электрофореза, иллюстрирующие разделение белков в сыворотке крови человека

В качестве белковых маркеров для людей используются следующие глобулины:

- Альбумин;
- Альфа-1-глобулин;
- Альфа-2-глобулин;
- Бета-глобулин;
- Гамма-глобулин.

С целью упрощения анализа и ускорения работы классификатора данные целесообразно предварительно подготовить.

Биомедицинские изображения, полученные в результате гель-электрофореза, представлены в виде цифровых сканов физических пластинок с результатами реакций, в связи с чем они не обладают достаточно высоким качеством и четкостью.

Зачастую группы глобулинов на снимке по цветности и заполнению пикселями практически не отличаются от фоновых шумов и имеют нарушенные контуры, что затрудняет их однозначную идентификацию при помощи таких распространённых методов, как классические способы сегментации изображений [7], [8], а также нахождения контуров и границ [10].

Данная задача решается путем применения набора различных фильтров. На начальном этапе для устранения мелких шумов и артефактов сканирования используется усредняющие фильтры. Идея применения усредняющих фильтров заключается в замене исходных значений элементов изображения на средние значения по маске фильтра.

Использование усредняющих фильтров состоит в подавлении «несуществующих» деталей на изображении. Под «несуществующими» понимаются совокупности пикселей, которые малы по сравнению с размерами маски фильтра. При программной реализации данный фильтр может быть представлен в виде следующей формулы:

$$G_{i,j} = \sum_{s=-\frac{m-1}{2}}^{\frac{m-1}{2}} \sum_{t=-\frac{n-1}{2}}^{\frac{n-1}{2}} W_{s,t} E_{(i+s),(j+t)},$$

где $G_{i,j}$ – элемент матрицы изображения после фильтрации, $W_{s,t}$ – элемент массива ядра свертки изображения с размером $M \times N$, $E_{i,j}$ – элемент матрицы исходного изображения.

Полученное изображение сглаживается при

помощи гауссова размытия [13]. К сглаженному изображению применяется адаптивная пороговая обработка, позволяющая сохранить наиболее контрастные участки и удалить участки с низким уровнем яркости, полученные в результате размытия (рисунок 2.2).

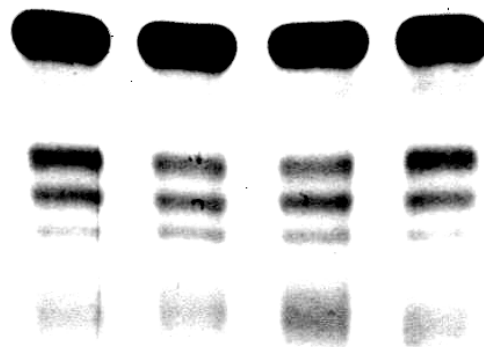


Рисунок 2.2 – Пример обработанного изображения

Обработанные подобным образом исходные изображения позволяют четко выделить искомые фрагменты, что дает возможность корректно оценить расположение и интенсивность концентраций белков в образце.

3 Подход на основе transfer learning

На сегодняшний день наиболее успешным и наиболее распространенным способом анализа является использование готовых моделей крупных нейронных сетей с обширной многоуровневой архитектурой. Данные модели предварительно обучены на крупных базах изображений общего профиля, содержащих сотни тысяч картинок, охватывающих множество областей.

Подобный подход делает рассматриваемые модели нейронных сетей достаточно универсальными, снабжая их информацией о широком спектре признаков и позволяя использовать их для любого типа изображений.

В контексте переноса обучения готовые модели дообучаются на новых данных. Применение такого метода позволяет получить рабочее решение с достаточно высокими результатами в ситуациях, когда обучающих данных недостаточно для полноценного обучения новой модели или когда для обучения собственной модели большого размера требуются значительные вычислительные мощности.

Но у данного подхода есть определенные минусы:

- малые специализированные модели способны выдавать результаты схожего качества при меньшем потреблении вычислительных ресурсов;

- крупные архитектуры с большим количеством параметров предобучения могут негативно сказываться на качестве предсказаний в конкретных специализированных задачах.

Наиболее перспективным и актуальным решением на сегодняшний день является сверточная нейронная сеть глубокого обучения EfficientNet, разработанная компанией Google и основанная на базовой сети, разработанной поиском нейронной архитектуры с использованием платформы AutoML MNAS [15].

Сеть настраивается для получения максимальной точности, но также штрафует, если сеть очень «тяжелая» с точки зрения вычислений. Она также наказывается за медленное время вывода, когда сети требуется много времени для прогнозирования.

Таким образом, EfficientNet обладает высокой эффективностью при низком требовании к вычислительным ресурсам, что делает возможным её применение к решению задач классификации протеинограмм.

В качестве обучающей выборки для переобучения нейронной сети использованы 668 изображений протеинограмм сыворотки крови человека, полученных в результате гель-электрофореза пациентов детских поликлиник.

По виду патологий протеинограммы могут быть разделены на несколько основных типов, обусловленных повышенными либо пониженными концентрациями пяти групп определенных белков [14].

Среди имеющихся изображений были выделены три наиболее распространенных класса патологий:

- острые воспаления;
- β -глобулиновые плазмцитомы;
- γ -глобулиновые плазмцитомы.

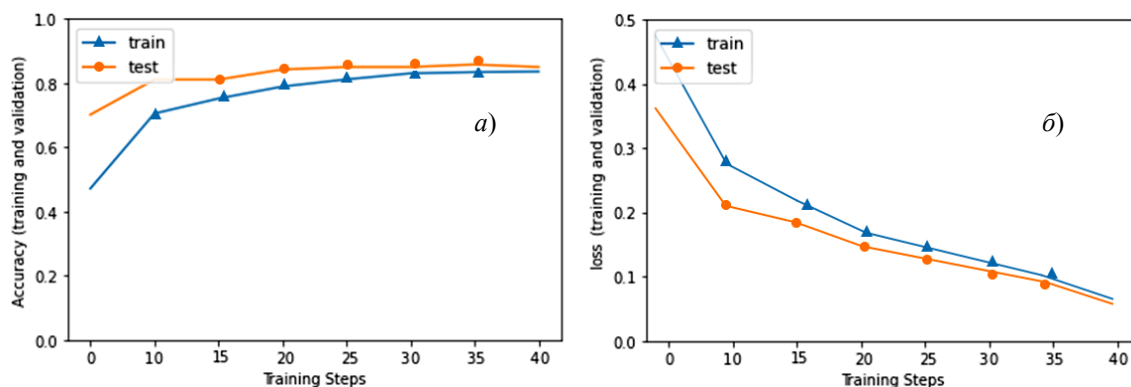


Рисунок 3.1 – Графики изменения точности классификации (а) и значения кросс-энтропии (б) в процессе обучения

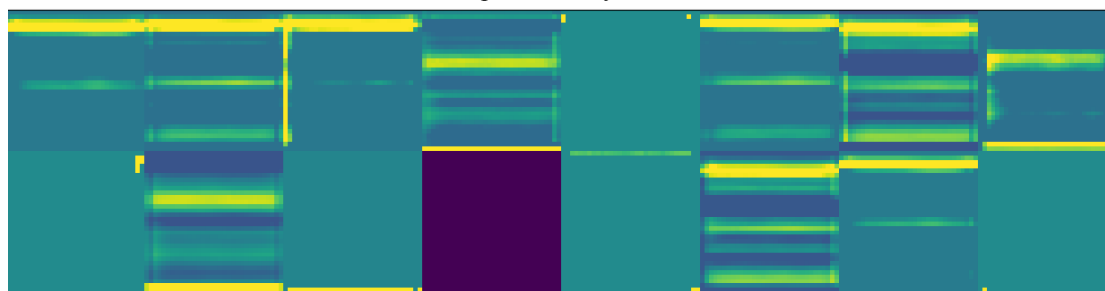


Рисунок 4.1 – Карта признаков протеинограммы сыворотки крови

Набор данных был разделен на обучающую и тестовую выборки в пропорции 80% к 20%, что соответствует 551 и 137 изображениям.

Процесс обучения состоял из 40 эпох с размером серии в 16 элементов и занял 1 ч 38 минут на видеокарте GTX 1080Ti.

Итоговые значения точности на валидном наборе изображений составили 86,3%.

Графики изменения значений accuracy и loss сети представлены на рисунке 3.1.

Время обработки одного изображения составляет 3.8 секунды.

Таким образом, на необработанных данных предобученная модель нейронной сети демонстрирует недостаточные результаты, затрачивая при этом значительное время как на обучение, так и на обработку изображений

4 Архитектура свёрточной нейронной сети собственной разработки

С целью уменьшения времени обучения модели искусственной нейронной сети, а также для повышения скорости обработки запросов и увеличения точности итогового распознавания изображений протеинограмм была спроектирована собственная облегченная модель нейронной сети.

Для того чтобы произвести корректную оценку структуры имеющихся изображений, были получены карты признаков, извлеченные из промежуточных сверточных слоев использованной ранее предобученной модели нейронной сети Google EfficientNet. Пример карты признаков приведен на рисунке 4.1.

Как видно из приведенной иллюстрации, протеинограммы сыворотки крови человека не содержат объектов сложной формы и структуры. Данные изображения являются однородными и монохромными, с чередой полос различной ширины и интенсивности, расположенных в заранее известных местах.

Подобные признаки достаточно легко извлекаются на высоком уровне, не требуя для своего нахождения сложных вложенных блоков свёрток различного разрешения, как это реализовано в крупных предобученных моделях.

Таким образом, модель нейронной сети можно значительно упростить, сведя её к нескольким свёрточным (conv) слоям различного размера со слоем подвыборки (MaxPooling) и полносвязным Dense-слоем на выходе.

Значительное влияние на процесс обучения модели нейронной сети и качество конечного результата влияет правильный выбор функции оптимизации.

Для выбора оптимального варианта проведено тестирование наиболее популярных алгоритмов оптимизации на базе простой тестовой модели на основе двух свёрточных слоев с целью оценки влияния их эффективности в зависимости от числа эпох обучения проектируемой модели.

Результаты сравнения представлены в виде графика на рисунке 4.2.

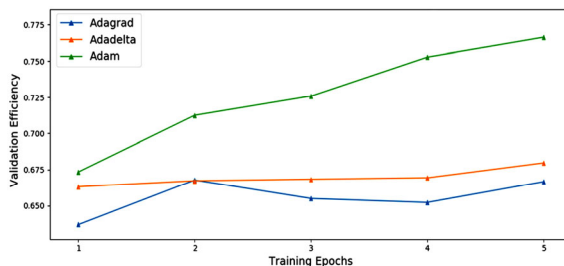


Рисунок 4.2 – График зависимости эффективности от числа эпох и алгоритма оптимизации

Из данного графика можно сделать вывод, что для оптимальной эффективности процесса обучения модели свёрточной нейронной сети целесообразно применить оптимизатор Adam.

С целью подбора наиболее рациональной архитектуры были реализованы несколько различных моделей собственной свёрточной нейронной сети на основе фреймворка Tensor-flow + Keras с применением как различной структуры слоёв, так и различных параметров.

Полученные модели состоят из таких слоёв как:

- свёрточный слой Conv;
- слой подвыборки MaxPooling;
- слой прореживания Dropout;
- полносвязный слой Dense.

При составлении моделей использовался как простейший и наиболее быстрый вариант, состоящий из двух свёрточных слоев и одного слоя подвыборки, так и варианты с тремя свёрточными слоями.

В разработанных моделях изменялось количество и расположение слоёв подвыборки MaxPooling. Кроме вариантов с общим слоем подвыборки опробован также вариант применения слоя подвыборки для каждого свёрточного слоя.

На рисунке 4.3 продемонстрирован график зависимости эффективности обучения спроектированных моделей свёрточной нейронной сети в зависимости от числа и конфигурации различных слоёв.

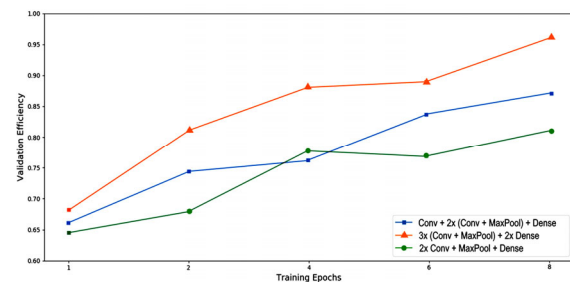


Рисунок 4.3 – График зависимости эффективности от выбора архитектуры ИНС и числа эпох

Как видно из представленного графика, наиболее эффективной оказалась модель свёрточной нейронной сети, содержащая три свёрточных слоя, каждый из которых был снабжен собственным слоем подвыборки MaxPooling.

На рисунке 4.4 представлена полная схема итоговой модели разработанной свёрточной нейронной сети для классификации снимков протеинограмм сыворотки крови человека.

Обучающий набор данных составляет 668 изображений протеинограмм, предварительно обработанных для устранения шумов и дефектов.

В таблице 4.1 представлено распределение изображений по классам.

Таблица 4.1 – Распределение выборки по классам

№	Наименование	Количество
1	острые воспаления	267
2	β-глобулиновые плазмоцитомы	168
3	γ-глобулиновые плазмоцитомы	241

Исходные данные разделены в пропорциях 80% учебных к 20% валидационных.

При обучении сети использовалась стратегия обучения MiniBatch, размер серии составляет 32 изображения. Изначальная длительность обучения выставлена в размере 25 эпох с сохранением состояния модели после каждой эпохи.

На рисунке 4.5 представлен график роста уровня точности сети в процессе обучения.

Из графиков видно, что на этапе 12-ой эпохи обучение модели нейронной сети завершилось и началось переобучение. Таким образом, для дальнейшей работы целесообразно использовать версию модели, сохраненную по окончании 12-ой эпохи.

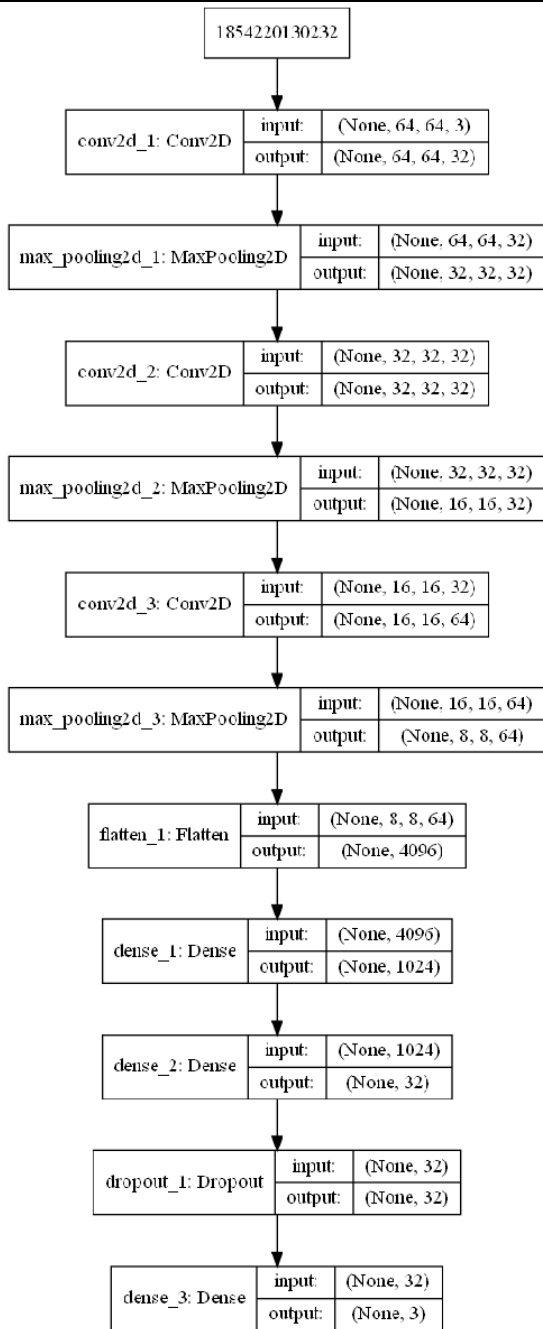


Рисунок 4.4 – Схема архитектуры предложенной модели нейронной сети для классификации электрофореграмм

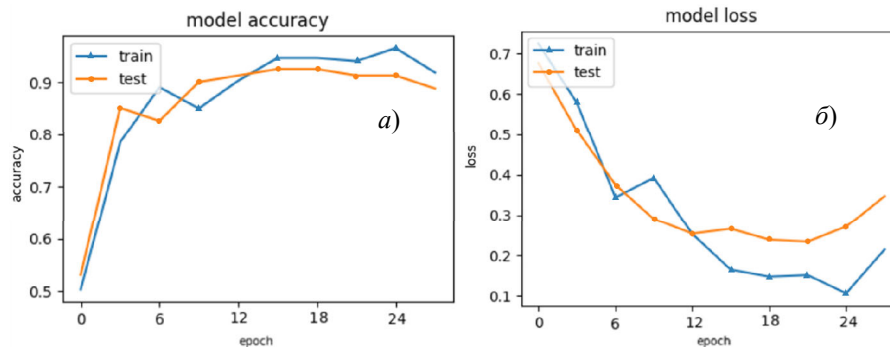


Рисунок 4.5 – График изменения точности классификации (а) и значения кросс-энтропии (б) в процессе обучения

Общее время обучения модели нейронной сети на видеокарте GTX 1080Ti составляет ~121 с. Время обработки одного изображения при распознавании составляет 1 с.

Таким образом можно сделать вывод о высокой производительности и вычислительной эффективности предложенной модели в сравнении с рассмотренными ранее существующими моделями.

В ходе проверки на тестовой выборке из 48 денситограмм нейронной сетью была допущена одна ошибка. Таким образом, точность работы предложенной архитектуры нейронной сети может быть оценена как 97,96%.

Компактность и высокая производительность разработанной модели нейронной сети позволяет успешно развертывать ее не только на стационарных ПК, но и на энергоэффективных одноплатных компьютерах. Такие системы обладают низким энергопотреблением, не требуют активного охлаждения и могут быть размещены непосредственно в медицинских учреждениях для автоматизированного анализа протеинограмм.

Важным аспектом при разработке сверточной нейронной сети для классификации протеинограмм являлось обеспечение возможности ее развертывания и эксплуатации на компактных энергоэффективных вычислительных системах, таких как одноплатные компьютеры (SBC – Single Board Computers). Использование компактных и энергоэффективных одноплатных компьютеров позволяет развертывать алгоритмы обработки медицинских изображений непосредственно в лечебных учреждениях, не требуя наличия дорогостоящих вычислительных кластеров.

Для тестирования производительности предложенной архитектуры были использованы три распространенные SBC-системы: Orange Pi PC2, ASUS Tinker Board и Khadas VIM1, обладающие различными характеристиками процессоров и видеоподсистем. Результаты тестов сведены в таблицу 4.2.

Как видно из таблицы, наибольшую производительность разработанная модель продемонстрировала на более мощной системе ASUS Tinker Board, однако даже на бюджетном Orange

Таблица 4.2 – Производительность на одноплатных компьютерах

Компьютер	CPU	GPU	Время обработки 1 изображения, сек.	Энергопотребление, Вт
Orange Pi PC2	4x A53 1,8 ГГц	Mali-450MP4	4,2	3
ASUS Tinker Board	4x A17 1,8 ГГц	Mali-T764	2,1	5
Khadas VIM1	4x A53 2,0 ГГц	Mali-450MP4	3,5	5

Pi PC2 время обработки одного изображения составило приемлемые 4,2 секунды при минимальном энергопотреблении 3 Вт. Таким образом, предложенная компактная архитектура сверточной нейронной сети позволяет эффективно решать задачу классификации протеинограмм плазмы крови человека даже на недорогих ARM-системах с малым энергопотреблением, непосредственно в условиях лечебных учреждений на компактном и недорогом оборудовании.

По результатам анализа полученных данных сделан вывод о возможности использования разработанной модели для решения практических задач по классификации протеинограмм при низком потреблении вычислительных ресурсов и высокой скорости обучения и классификации.

Заключение

В результате проведенного исследования электрофореграмм плазмы крови человека была разработана ресурсоэффективная и быстрая модель сверточной нейронной сети, позволяющая осуществлять классификацию протеинограмм сыворотки крови человека с высокой точностью при низких требованиях к вычислительным ресурсам ЭВМ, что позволяет адаптировать данную модель для использования на портативных устройствах и одноплатных компьютерах.

Выделены ключевые признаки в спектрах электрофореграмм, позволяющие классифицировать наличие патологий.

Произведена подготовка и обработка медицинских данных, осуществлена апробация существующих методов и алгоритмов для обработки данных электрофореза белковых структур и данных рентгенограмм.

Предложенная модель сверточной нейронной сети показала высокую эффективность в выявлении трех классов патологии человека:

- острые воспаления;
- β -глобулиновые плазмцитомы;
- γ -глобулиновые плазмцитомы.

По результатам валидации точность работы предложенной архитектуры нейронной сети составила 97,96%.

Проведен сравнительный анализ с методом переноса обучения на предобученные модели, показавший превосходство разработанной модели как в скорости работы, так и в точности классификации.

Предложенная модель позволяет классифицировать протеинограммы плазмы крови человека без необходимости применения денситометра для построения денситограмм.

ЛИТЕРАТУРА

1. *Доступность и качество медицинской помощи как основные принципы здравоохранения Республики Беларусь* / М.М. Сачек, И.В. Малахова, И.И. Новик, И.П. Цербинская // Материалы науч.-практ. конф. с международ. участием к Всемирному дню здоровья 2018 г., посвящённой всеобщему охвату услугами здравоохранения и 70-летию ВОЗ. – Киев, 2018. – С. 161–163.
2. *Kohonen, T. The self-organizing map* / T. Kohonen // *Neurocomputing*. – 1998. – Vol. 21, № 1. – P. 1–6.
3. *Kingma, D.P. A method for stochastic optimization* / D.P. Kingma, Ba J. Adam // *arXiv preprint arXiv:1412.6980*. – 2014.
4. *Ruanet, V.V. The use of a self-organizing feature map for the treatment of the results of RAPD and ISSR analyses in studies on the genomic polymorphism in the genus Capsicum L* / V.V. Ruanet, E.Z. Kochieva, N.N. Ryzhova // *Russian Journal of Genetics*. – 2005. – Vol. 41, № 2. – P. 202–210.
5. *Ruanet, V.V. The use of artificial neural networks for automatic analysis and genetic identification of gliadin electrophoretic spectra in durum wheat* / V.V. Ruanet, A.M. Kudryavtsev, S.Y. Dadashev // *Russian Journal of Genetics*. – 2001. – Vol. 37, № 10. – P. 1207–12.
6. *Kurochka, K.S. Algorithm for real-time binary classification of adenomas and norms images obtained by confocal microscopy* / K.S. Kurochka, K.A. Panarin // 2020 International Conference Mechatronic Systems and Materials (MSM). – 2020. – P. 1–5. – DOI: 10.1109/MSM49833.2020.9202107.
7. *Classification of potato varieties using isoelectrophoretic focusing patterns, neural nets, and statistical methods* / K. Jensen [et al.] // *Journal*

of agricultural and food chemistry. – 1997. – Vol. 45, № 1. – P. 158–161.

8. *Eduardo, A.R.* Detection of Vertebral Plateaus in Lateral Lumbar Spinal X-ray Images with Gabor Filters / A.R. Eduardo, H.N. Marcello, M.R. Rangaraj // 32th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC). – 2010. – P. 4052–4055. – DOI: 10.1109/IEMBS.2010.

9. *Segmentation of Natural Images by Texture and Boundary Compression* / H. Mobahi, S. Rao, A. Yang, S. Sastry, Y. Ma // International Journal of Computer Vision – 2011. – Vol. 95. – P. 86–98. – DOI: 10.1007/s11263-011-0444-0.

10. *Ohlander, R.* Picture Segmentation Using a Recursive Region Splitting Method, / R. Ohlander, K. Price, D.R. Raj // Computer Graphics and Image Processing. – 1978. – Vol. 8, № 3. – P. 313–333. – DOI: 10.1016/0146-664X(78)90060-6.

11. *Canny, J.A.* Computational Approach to Edge Detection / J. A. Canny // IEEE. – 1986. – 20 p.

12. *Developing of a Mathematical Model to Perform Measurements of Axial Vertebral Rotation on Computer-Aided and Automated Diagnosis Systems, Using Raimondi's Method* / J. Hurtado-Aviles, J. Roca-González, K.S. Kurochka, J.M. Sanz-Mengibar, F. Santonja-Medina // Radiology Research

and Practice. – 2021. – Vol. 2021. – DOI: <https://doi.org/10.1155/2021/5523775>

13. *Kurochka, K.S.* Algorithm of Definition of Mutual Ar-rangement of L1–L5 Vertebrae on X-ray Images / K.S. Kurochka, K.A. Panarin // Optical Memory and Neural Networks. – 2018. – Vol. 27, № 3. – P. 161–169.

14. *Гонсалес, Р.* Цифровая обработка изображений / Р. Гонсалес, Р. Вудс. – Москва: Техносфераб, 2012. – 1104 с.

15. *Справочник по клинико-биохимическим исследованиям и лабораторной диагностике* / В.С. Камышников. – Москва: МЕДпресс-информ, 2009. – 896 с.

16. *Meta-Learning of Neural Architectures for Few-Shot Learning* / T. Elsken, B. Staffler, J.H. Metzen, F. Hutter // 2020 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). – 2021. – arXiv:1911.11090.

Поступила в редакцию 03.05.2024.

Информация об авторах

Курочка Константин Сергеевич – к.т.н., доцент
Панарин Константин Александрович – инженер-программист
Макеева Ксения Сергеевна – старший преподаватель