

ПРОГРАМНИЙ МОДУЛЬ КЛАСТЕРИЗАЦІЇ ПАЦІЄНТІВ ЗА АНАЛІЗОМ КРОВІ НА ОСНОВІ НЕЙРОННОЇ МЕРЕЖІ КОХОНЕНА

Журавська Ю.О.

Науковий керівник – к.т.н., доц. Колесницький О.К.

На даний час існуючий процес діагностування пацієнтів лікарень є досить довгим та багатоетапним, оскільки щоб підтвердити або спростувати діагноз потрібно здати низку аналізів, що може призвести через довготривалість даного процесу до загострення хвороби або поставлення хибного діагнозу. Існуючі автоматизовані методи діагностики є недостатньо ефективними – більшість систем орієнтована на визначення конкретного захворювання, що через специфіку медичної галузі, має високу ймовірність виявитись хибним; мають невиправдану складність алгоритмів та їх програмної реалізації; можуть використовуватись лише медичними фахівцями.

Таким чином, існує проблема недосконалості сучасних методів діагностування, що не забезпечують високу точність виявлення захворювання та зручність використання із залученням персональних мобільних засобів, не можуть бути використані пацієнтами дистанційно без відвідування лікарні.

Для усунення даної проблеми доцільно застосувати підхід, заснований на визначенні показників загального аналізу крові, що проводиться при більшості захворювань і профілактичних обстеженнях, і включає в себе 13 показників, кожен з яких при відхиленні від норми передбачає схильність до певних хвороб. Діагностування за допомогою аналізу отриманих показників аналізу крові допоможе виявити тип захворювання пацієнта та надати рекомендації щодо лікування. Для реалізації даного підходу раціонально використати кластеризацію даних, яка зможе забезпечити високу точність їх обробки, при цьому мати нескладну програмну структуру. Для кластеризації результатів показників загального аналізу крові потрібні лише числові значення та велика точність в їх визначенні, тому для реалізації даної задачі була обрана мережа Кохонена. Оскільки стандартна реалізація мережі Кохонена не передбачає визначеної кількості кластерів, та їх початкові центри приймають випадкові малі значення, була проведена модифікація даної мережі, що полягає у попередньому визначенні кількості кластерів та їх центрів, які відповідають нормальним та відхиленням від норми значенням показників загального аналізу крові. Описаний підхід до діагностування був реалізований за допомогою мови програмування C#. У результаті експериментальних досліджень було встановлено, що запропонований метод має більш високі показники точності роботи у порівнянні із класичним, що дає можливість значно підвищити якість діагностування пацієнтів.