

Міністерство освіти і науки України

Харківський національний університет імені В.Н. Каразіна

Навчально-науковий інститут комп'ютерних наук та штучного інтелекту

Рекомендовано до захисту:

протокол засідання кафедри

№ ____ від ____ . ____ .2025 р.

Завідувач кафедри ММАД

_____ Струков В.М.

(підпис)

(прізвище та ініціали)

Пояснювальна записка

до кваліфікаційної роботи бакалавра

на тему: «Розробка компонентів інтелектуальної системи для діагностування ракових захворювань з використанням методів ML»

Захищено на засіданні ЕК № _____

протокол № ____ від ____ . ____ .20__ р.

Оцінка _____ / _____

Голова ЕК

_____ Фесенко Г. В.

(підпис)

(прізвище та ініціали)

Виконав:

студент 4 курсу, групи КС-41

Спеціальності:

122 Комп'ютерні науки

Білоглазов Євгеній Юрійович

Керівник: к.т.н., доцент,

Мазорчук Марія Сергіївна

Рецензент: к.т.н., доцент,

Бакуменко Ніна Станіславівна

Харків – 2025

МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ
Харківський національний університет імені В. Н. Каразіна

Навчально-науковий інститут комп'ютерних наук та штучного інтелекту
Кафедра математичного моделювання та аналізу даних
Рівень вищої освіти (освітньо-кваліфікаційний рівень) Бакалавр
Галузь знань: Інформаційні технології
Спеціальність: 122 Комп'ютерні науки
Освітня програма: Комп'ютерні науки

ЗАТВЕРДЖУЮ
Завідувач кафедри _____
«_____» _____ 2025 року

З А В Д А Н Н Я
НА КВАЛІФІКАЦІЙНУ РОБОТУ (ПРОЕКТ)

Білоглазова Євгенія Юрійовича
(прізвище, ім'я, по батькові студента)

1. Тема роботи Розробка компонентів інтелектуальної системи для діагностування ракових захворювань з використанням методів ML

керівник роботи Мазорчук Марія Сергіївна, к.т.н., доцент

(прізвище, ім'я, по батькові, науковий ступінь, вчене звання)

затвержені наказом по університету від **16.04.2025 № 4101-5/962**

2. Строк подання студентом роботи **2 червня 2025 року**

3. Перелік питань, які потрібно розробити

1. Аналіз сучасних методів машинного навчання, що застосовуються в медичній діагностиці.
2. Розробка архітектури платформи з підтримкою моделей глибокого навчання для діагностики онкозахворювань.
3. Реалізація моделей для класифікації медичних зображень і табличних даних та інтеграція їх у єдину платформу.
4. Оцінювання якості побудованої системи та перевірка її зручності для кінцевих користувачів — медичних фахівців та пацієнтів.

АНОТАЦІЯ

Пояснювальна записка до бакалаврської кваліфікаційної роботи включає вступ, три розділи, висновки, список із 20 використаних джерел та 3 додатки. Загальний обсяг документа становить 83 сторінки, з них 66 сторінок – основний зміст. У роботі представлено 34 рисунки і 4 таблиці.

Метою роботи є створення інтелектуальної системи для діагностики онкологічних захворювань, що об'єднує алгоритми глибокого навчання, вебінтерфейс та Telegram-бот. Розроблена система автоматично аналізує медичні зображення, табличні дані пацієнтів, формує висновки й рекомендації, зберігає результати для подальшого перегляду.

Об'єкт дослідження – цифрові процеси медичної діагностики.

Предметом дослідження виступають методи глибокого навчання та їх інтеграція в прикладні системи для медичного скринінгу.

Проблема, яка вирішується в роботі, полягає у підвищенні доступності діагностики шляхом об'єднання точних моделей AI з адаптивним інтерфейсом, що враховує рівень користувача.

Область застосування: медичні установи, освітні заклади, пацієнти для попереднього скринінгу, а також аналітичні та дослідницькі центри. Створена система може використовуватися як допоміжний інструмент при прийнятті медичних рішень або для ознайомлення зі стандартними клінічними підходами до виявлення онкопатологій.

Ключові слова: ШТУЧНИЙ ІНТЕЛЕКТ, МАШИННЕ НАВЧАННЯ, МЕДИЧНА ДІАГНОСТИКА, ОНКОЛОГІЯ, КЛАСИФІКАЦІЯ ЗОБРАЖЕНЬ, МЕДИЧНІ ДАНІ, ГІСТОЛОГІЯ, РАДІОЛОГІЯ, ПРОГНОСТИЧНІ МОДЕЛІ, СКРИНІНГ РАКУ.

ABSTRACT

The explanatory note to the bachelor's qualification work includes an introduction, three sections, conclusions, a list of 20 used sources, and 3 appendices. The total volume of the document is 83 pages, of which 66 pages constitute the main content. The work presents 34 figures and 4 tables.

The aim of the work is to create an intelligent system for diagnosing oncological diseases that combines deep learning algorithms, a web interface, and a Telegram bot. The developed system automatically analyzes medical images, tabular patient data, forms conclusions and recommendations, and stores results for further review.

The object of research is digital processes of medical diagnostics.

The subject of research is deep learning methods and their integration into applied systems for medical screening.

The problem being solved in the work consists in increasing the accessibility of diagnostics by combining accurate AI models with an adaptive interface that takes into account the user's level.

Area of application: medical institutions, educational establishments, patients for preliminary screening, as well as analytical and research centers. The created system can be used as an auxiliary tool in making medical decisions or for familiarization with standard clinical approaches to detecting oncopathologies.

Keywords: ARTIFICIAL INTELLIGENCE, MACHINE LEARNING, MEDICAL DIAGNOSTICS, ONCOLOGY, IMAGE CLASSIFICATION, MEDICAL DATA, HISTOLOGY, RADIOLOGY, PREDICTIVE MODELS, CANCER SCREENING.

ЗМІСТ

ПЕРЕЛІК СКОРОЧЕНЬ І УМОВНИХ ПОЗНАЧЕНЬ	6
ВСТУП.....	7
1 АНАЛІЗ НАУКОВИХ ПУБЛІКАЦІЙ ТА ІСНУЮЧИХ РІШЕНЬ	10
1.1 Загальний вступ до теми	10
1.2 Машинне навчання в аналізі радіологічних зображень	11
1.3 Штучний інтелект у гістопатології (цифрова патологія)	15
1.4 Аналіз клінічних даних та табличної інформації	19
1.5 Приклади впроваджених у клінічну практику AI-рішень.....	21
1.6 Висновки та обґрунтування розробки власної системи	24
2 МЕТОДИКА ТА РЕАЛІЗАЦІЯ ДОСЛІДЖЕННЯ.....	26
2.1 Постановка задачі в термінах системи.....	26
2.2 Загальна архітектура системи.....	27
2.3 Методологія створення моделей	37
2.4 Реалізація функціоналу сайту	49
2.5 Telegram-бот: логіка і взаємодія	57
2.6 Система прав доступу	59
2.7 Труднощі та компроміси	60
2.8 Висновки до розділу.....	63
3 РЕЗУЛЬТАТИ ДОСЛІДЖЕННЯ ТА ЇХ ОЦІНКА.....	64
3.1 Досягнення поставленої мети	64
3.2 Виконання поставлених завдань	65
3.3 Оцінка отриманих результатів.....	66
3.4 Порівняння з існуючими підходами.....	68
3.5 Галузі потенційного використання	69
3.6 Значущість роботи.....	70
3.7 Висновки до розділу.....	70
ВИСНОВКИ	71
ПЕРЕЛІК ДЖЕРЕЛ ПОСИЛАННЯ	72
ДОДАТОК А. Програмний код навчання моделі класифікації зображень....	75
ДОДАТОК Б. Програмний код навчання моделі на табличних даних	78

ДОДАТОК В. Навчання моделі для детекції об'єктів YOLOv5x.....	80
ДОДАТОК Г. Тестування функціональності системи	81

ПЕРЕЛІК СКОРОЧЕНЬ І УМОВНИХ ПОЗНАЧЕНЬ

- AI – Artificial Intelligence – штучний інтелект
- CE – Conformité Européenne – знак відповідності європейським стандартам
- cfDNA – Circulating Free DNA – безклітинна ДНК, що циркулює у крові
- CNN – Convolutional Neural Network – згорткова нейронна мережа
- СТ / КТ – Computed Tomography – комп'ютерна томографія
- DL – Deep Learning – глибоке навчання
- EHR / EM3 – Electronic Health Records – електронні медичні записи
- ER-діаграма – Entity-Relationship diagram – діаграма зв'язків сутностей
- FDA – Food and Drug Administration – Управління з контролю за якістю харчових продуктів і лікарських засобів США
- ML – Machine Learning – машинне навчання
- MRI / MPT – Magnetic Resonance Imaging – магнітно-резонансна томографія
- MVC / MVT – Model-View-Controller / Model-View-Template – архітектурні шаблони для структурування застосунків
- NLP – Natural Language Processing – обробка природної мови
- WSI – Whole Slide Imaging – повне цифрове зображення гістологічного препарату

ВСТУП

Онкологічні захворювання залишаються однією з найактуальніших проблем сучасної медицини. Виявлення раку на ранніх стадіях має важливе значення для ефективного лікування та зниження ризику ускладнень. У зв'язку з цим зростає зацікавленість до автоматизованих підходів діагностики, заснованих на використанні методів машинного навчання. Такі підходи дозволяють аналізувати великі обсяги медичних даних, виявляти приховані закономірності та допомагати у формуванні попередніх висновків щодо стану пацієнта.

Об'єктом дослідження в даній бакалаврській роботі виступає процес діагностики онкологічних захворювань за допомогою інтелектуальних комп'ютерних систем, що охоплюють аналіз як медичних зображень (МРТ, КТ, гістологічні фото), так і табличних даних (вік, результати аналізів, анамнез тощо). У центрі уваги — застосування алгоритмів машинного навчання для автоматичного виявлення та класифікації патологій, а також реалізація інтерфейсів для взаємодії з користувачем у зручній формі.

Предметом дослідження є методи проєктування, реалізації та інтеграції комплексної системи, яка поєднує кілька моделей машинного навчання для виявлення різних форм онкологічних захворювань. Особливу увагу приділено архітектурі рішення, логіці побудови інтерфейсу, адаптації системи до різних цільових аудиторій та забезпеченню безпечного, структурованого доступу до моделей через веб- та мобільні платформи.

Метою роботи є створення інтелектуальної інформаційної системи, яка забезпечує автоматизований аналіз медичних зображень і табличних даних, формує діагностичні висновки, пропонує відповідні рекомендації та дозволяє користувачам взаємодіяти з моделями відповідно до рівня доступу. Система має поєднувати точність сучасних ML-моделей із практичною зручністю

використання, забезпечуючи можливість масштабування та адаптації під різні задачі медичної діагностики.

Для досягнення цієї мети необхідно виконати низку послідовних кроків, які охоплюють як теоретичний аналіз, так і практичну реалізацію. Насамперед передбачається вивчити сучасні методи побудови моделей машинного навчання для задач медичної діагностики та дослідити можливості їх адаптації під конкретні типи. Наступним етапом є розробка системи, яка забезпечить зручний і безпечний доступ до таких моделей, дозволить користувачам безпечно працювати з даними, отримувати діагностичні висновки, а в окремих випадках — рекомендації щодо подальших дій. Також передбачається реалізація функціоналу гнучкого управління правами доступу, підтримки кількох мов, формування результатів у вигляді звітів та додатковий канал взаємодії через Telegram-бот.

У сучасній науковій літературі описано низку підходів до використання алгоритмів машинного навчання для задач діагностики різних видів раку. Серед них найпоширенішими є моделі, що працюють з медичними зображеннями (КТ, МРТ, гістологія), а також із табличними даними, які включають показники аналізів, вік, спосіб життя тощо. Часто такі системи реалізують лише одну конкретну функцію — наприклад, класифікацію або сегментацію — і не завжди мають зручний інтерфейс для медичного персоналу або пацієнтів. Це створює передумови для створення інтегрованих рішень, які поєднують різні типи моделей та забезпечують доступ до них у зручному форматі.

У межах цієї бакалаврської роботи передбачено здійснити аналіз наявних методів машинного навчання для діагностики онкологічних захворювань, зосередивши увагу на їх можливостях інтеграції в єдину інформаційну систему. Планується дослідити архітектурні рішення, принципи побудови інтерфейсів та підходи до організації доступу користувачів різних категорій. Окрему увагу буде приділено теоретичному обґрунтуванню

можливостей адаптації таких систем до потреб як медичних працівників, так і звичайних користувачів. Результати цього аналізу стануть основою для подальших етапів розробки, які описані у відповідних розділах роботи.

1 АНАЛІЗ НАУКОВИХ ПУБЛІКАЦІЙ ТА ІСНУЮЧИХ РІШЕНЬ

1.1 Загальний вступ до теми

Штучний інтелект (англ. Artificial Intelligence, AI) та машинне навчання (англ. Machine Learning, ML) стрімко входять у медицину, пропонуючи нові інструменти для діагностики захворювань, зокрема онкологічних. Штучний інтелект – це галузь інформатики, що займається створенням систем, здатних виконувати завдання, які традиційно потребують людського інтелекту. Машинне навчання є підгалуззю AI, яка дозволяє комп'ютерам самостійно навчатися на основі даних та виявляти приховані закономірності для прогнозування або прийняття рішень. Простими словами, модель ML аналізує великий обсяг прикладів (наприклад, медичних зображень чи записів пацієнтів) і поступово вдосконалюється у розпізнаванні певних шаблонів – так само, як лікар набуває досвіду, переглядаючи сотні випадків.

У сфері онкології рання та точна діагностика є критичною: від своєчасного виявлення пухлини часто залежить ефективність лікування та прогноз для пацієнта. Однак традиційна діагностика має кілька обмежень. По-перше, людський фактор: навіть досвідчені радіологи й патологи можуть припуститися помилок або мати різні оцінки одного й того ж випадку. По-друге, зростає обсяг інформації – сучасні методи обстеження (КТ, МРТ, цифрова патологія тощо) генерують величезну кількість зображень і даних, які лікарі мусять опрацьовувати. У цих умовах машинне навчання виступає як перспективний помічник, здатний автоматично аналізувати дані і виявляти ознаки раку, підвищуючи ефективність та об'єктивність діагностики. Вже сьогодні цифрові дані медицини – особливо зображення – добре піддаються автоматизованому аналізу, і з'являються перші комерційні продукти, що допомагають лікарям знаходити патології швидше і точніше.

Цей розділ пропонує огляд сучасного стану досліджень у галузі застосування AI/ML для діагностики раку. Розглядаються основні напрямки: аналіз медичних зображень (радіологічних сканів, як-от комп'ютерна томографія і МРТ), аналіз цифрових гістопатологічних зображень (включно з whole slide imaging, WSI), а також обробка клінічних табличних даних (електронних медичних записів, результатів аналізів). На основі огляду наукових публікацій з авторитетних джерел (Nature, IEEE, The Lancet, PubMed та ін.) буде проаналізовано існуючі підходи машинного навчання, їхню ефективність і обмеження. Окрема увага приділяється прикладам систем, вже впроваджених у клінічну практику, а саме DeepHealth, PathAI, Paige, та Lunit, з оцінкою їх результативності.

1.2 Машинне навчання в аналізі радіологічних зображень

Радіологічні методи візуалізації – рентген, комп'ютерна томографія (КТ), магнітно-резонансна томографія (МРТ) та інші – відіграють ключову роль у виявленні та стадіюванні онкологічних захворювань. За їх допомогою лікарі можуть виявляти пухлинні ураження у внутрішніх органах, оцінювати розмір пухлини, поширення метастазів тощо. Однак інтерпретація знімків може бути складною: ознаки раку бувають малопомітними, а сам аналіз зображень – трудомістким і суб'єктивним. Саме тут дедалі більшої ваги набувають алгоритми штучного інтелекту, здатні автоматично переглядати скани й ідентифікувати патологічні вогнища.

Глибоке навчання (англ. Deep Learning, DL), зокрема згорткові нейронні мережі (CNN), стало головним інструментом для аналізу медичних зображень в онкології. Такі моделі можуть навчатися на великих масивах вже розмічених знімків (вказано де саме знаходиться пухлина) і навчитися вирізняти тонкі візуальні особливості злоякісної тканини. Наприклад, дослідницька група Google Health розробила модель глибокого навчання на основі 3D згорткових

нейронних мереж (3D-CNN) для аналізу КТ грудної клітки з метою виявлення раку легень: модель досягла AUC $\sim 0,94$ (площа під ROC-кривою) на тестовому наборі. Зокрема, при аналізі КТ модель перевершила шістьох досвідчених радіологів, зменшивши кількість хибнопозитивних результатів на 11% та хибнонегативних на 5% [1]. Це означає, що AI здатен виявити легеневі вузлики на зображеннях, які людина могла б пропустити, і водночас зменшити помилкові “тривоги” (несправжні підозри на рак).

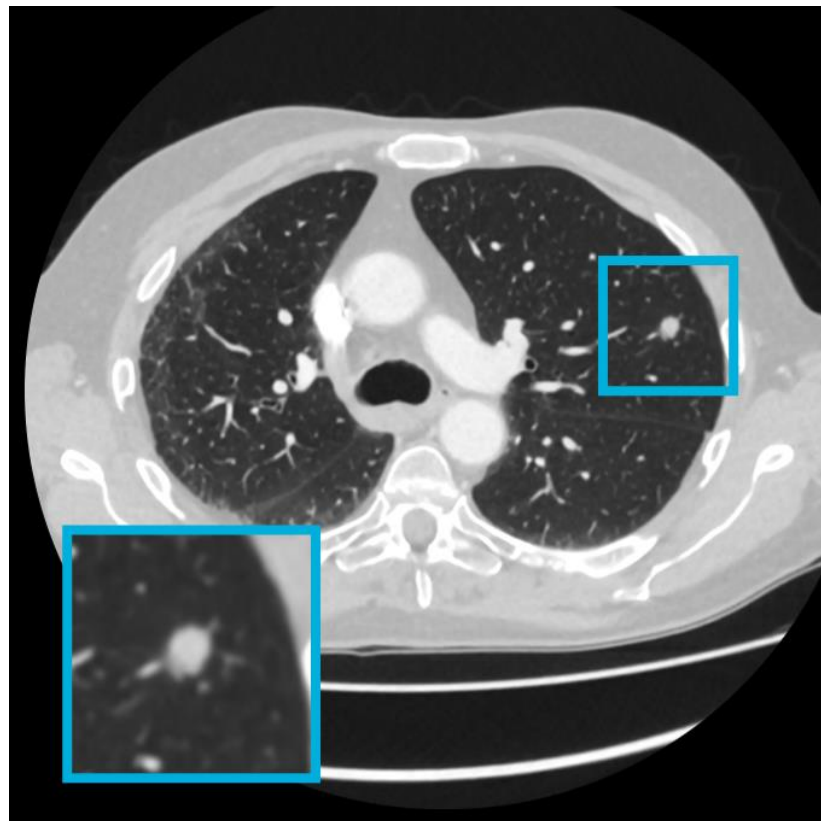


Рисунок 1.1 - КТ-знімок з легеневим вузлом

Не менш вражаючі результати штучний інтелект демонструє й у сфері маммографії – скринінгового дослідження для раннього виявлення раку молочної залози. Одним із найважливіших проривів стало дослідження «International evaluation of an AI system for breast cancer screening», опубліковане в журналі Nature у 2020 році [2]. У ньому команда дослідників із компанії Google Health, університету Northwestern University (США) та кількох британських медичних центрів (Imperial College London, Royal Surrey County

Hospital) продемонструвала, що AI може не лише допомагати лікарям у виявленні раку, але й перевершувати їх за точністю в окремих випадках.

У дослідженні використовували мамограми понад 76 000 жінок у Великій Британії та 15 000 у США, щоб навчити модель виявляти рак на знімках. Потім її перевірили на незалежній вибірці з понад 25 000 британських і 3 000 американських мамограм. Дослідники порівняли роботу AI з висновками лікарів-рентгенологів, які раніше аналізували ці ж знімки, не знаючи діагнозу. Результати показали, що AI краще впорався із завданням, ніж радіологи, досягнувши зниження хибнонегативних висновків на 2,7-9,4% та хибнопозитивних на 1,2-5,7%, що означає менше пропущених випадків раку та менше помилкових підозр. Особливо яскравий випадок продемонстровано у візуалізації на рисунку 2.2.

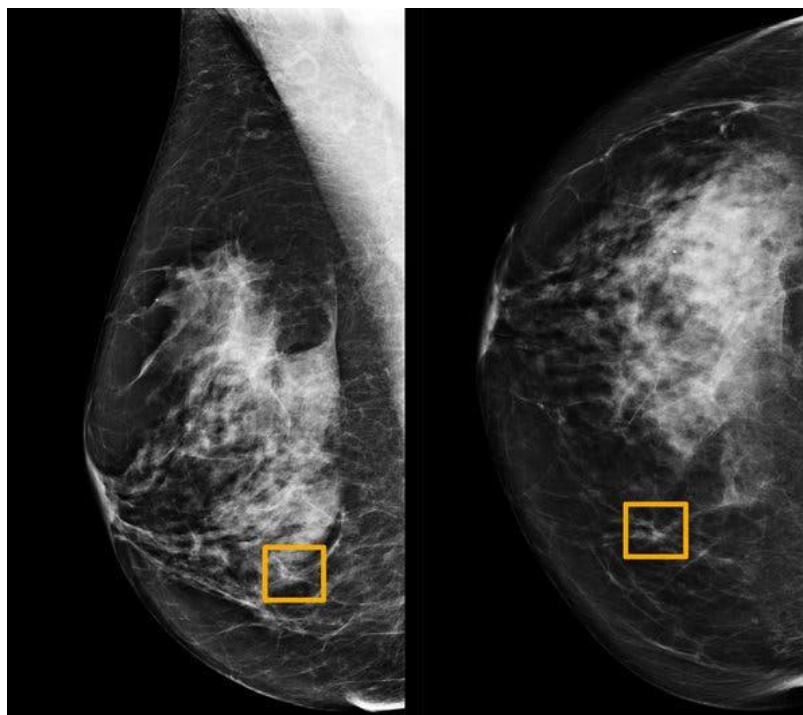


Рисунок 1.2 — жовтим прямокутником позначено область новоутворення, яку пропустили шість лікарів-радіологів, але виявила система AI (джерело: Northwestern University)

Крім пошуку самих пухлин на знімках (задача класифікації), існують і інші важливі задачі, над якими працюють алгоритми ML. Одна з них – сегментація: точне окреслення контурів пухлини на зображенні. Виділення області новоутворення необхідне, наприклад, для вимірювання його розмірів, відстеження динаміки росту чи оцінки відповіді на лікування, а також для планування променевої терапії (щоб визначити зону опромінення). Глибокі нейронні мережі успішно застосовуються для автоматичної сегментації пухлин різних локалізацій на КТ/МРТ. Автоматизована сегментація допомагає усунути суб'єктивні розбіжності між різними спеціалістами та значно прискорює процес обробки зображень. Наприклад, у разі пухлини мозку на МРТ алгоритм може за лічені секунди виділити об'єм пухлинної маси та прилеглого набряку – те, що у ручному режимі потребувало б довгої кропіткої роботи радіолога. Більше того, на основі таких сегментованих зображень можна обчислити десятки кількісних характеристик (радіомічні ознаки: текстурні особливості, форма, інтенсивність сигналу тощо) і побудувати прогностичні моделі щодо агресивності пухлини або ймовірної відповіді на терапію. Такий підхід отримав назву радіоміка і в поєднанні з методами машинного навчання відкриває шлях до неінвазивної оцінки біології пухлини на основі одних лише зображень.

Важливо зазначити, що машинне навчання в радіології охоплює не лише діагностику раку на зображеннях. Алгоритми застосовують на всіх етапах роботи з медичним зображенням: від покращення якості сканів до прогнозування результатів лікування. Приміром, AI використовується для розумного зниження дози опромінення при КТ або прискорення МРТ-сканування – за рахунок реконструкції високоякісних зображень з меншим об'ємом вихідних даних. В онкологічній візуалізації також розвивається напрямок прогнозування по зображеннях – коли на основі КТ/МРТ знімків та клінічних даних моделі намагаються передбачити перебіг хвороби (ймовірність рецидиву, метастазування) або підібрати оптимальну терапію.

Хоча ці завдання виходять за рамки безпосередньо діагностики на зображенні, їх розвиток свідчить про ширший тренд: інтелектуальні системи поступово інтегруються в усі ланки радіологічного процесу, перетворюючи великі масиви медичних зображень на цінні знання для клінічних рішень.

1.3 Штучний інтелект у гістопатології (цифрова патологія)

Патологічна діагностика – дослідження зразків тканин під мікроскопом – є “золотим стандартом” підтвердження онкологічних діагнозів. Морфологічне заключення патолога (наприклад, біопсія чи гістологія після операції) остаточно визначає тип пухлини, ступінь її злоякісності (градацію) та інші важливі характеристики. Проте робота лікаря-патолога надзвичайно складна і залежна від досвіду: він мусить переглянути сотні дрібних ділянок тканини, щоб знайти крихітні осередки ракових клітин. До того ж, кількість патологів обмежена, а навантаження зростає з впровадженням масових скринінгів та збільшенням онкологічної захворюваності.

Останніми роками завдяки розвитку технології сканування препаратів з’явилася цифрова патологія – можливість отримувати високоякісні цифрові зображення цілих гістологічних зрізів (Whole Slide Images, WSI). Це відкрило двері для застосування AI в цій сфері. Алгоритми глибокого навчання, зокрема згорткові нейромережі, тепер можна навчати на тисячах оцифрованих слайдів з пухлинами, щоб вони навчились розпізнавати ракові клітини та тканини не гірше за експерта.

Одним із проривних досягнень у цій галузі стало дослідження, проведене Г. Кампанелла разом з колегами з Memorial Sloan Kettering Cancer Center у 2019 році [3]. Вони створили систему глибокого навчання для аналізу біопсійних препаратів, навчивши її на безпрецедентно великому наборі – 44 732 цифрових слайди від 15 187 пацієнтів із різними видами раку. Важливо, що для навчання не потрібні були детальні ручні розмітки кожної клітини:

модель використовувала лише загальний діагноз по слайду (наприклад, “рак присутній” чи “відсутній”) і сама навчалася знаходити характерні області пухлини (підхід *weakly supervised learning*). В результаті алгоритм досяг AUC понад 0,98 при виявленні раку передміхурової залози на біопсіях, базальноклітинного раку шкіри та метастазів раку молочної залози в лімфовузлах. Практично це означає, що комп’ютер помічає всі слайди без ознак пухлини і відкладає їх, фокусуючи увагу лікаря лише на потенційно позитивних – колосальне підвищення ефективності роботи патологічної лабораторії.

Клінічні випробування також підтверджують користь співпраці “AI + лікар” у патології. Зокрема, при діагностиці раку передміхурової залози за біопсіями було показано, що патологи, які користуються підказками від AI, ставлять діагнози точніше та узгодженіше між собою [4]. Алгоритм може автоматично визначати підозрілі залозисті структури і навіть пропонувати оцінку за шкалою Глісона (градація диференціації раку простати). Допомога AI особливо цінна в прикордонних випадках, коли відрізнити добре диференційовану карциному від доброякісних змін складно: підказка алгоритму спрямовує увагу лікаря на “підозрілі” ділянки, які той міг би пропустити у великому обсязі матеріалу. В результаті підвищується чутливість (менше пропущених дрібних вогнищ раку) і відтворюваність оцінок (різні спеціалісти схилиються до єдиного висновку).

У 2021 році компанія Paige досягла визначного рубежу – її програмне забезпечення Paige Prostate отримало перший у своєму роді дозвіл FDA на використання AI для діагностики раку, ставши першою AI-системою в цифровій патології, схваленою для виявлення злоякісних новоутворень [5]. Цей алгоритм автоматично аналізує оцифровані біопсійні зразки передміхурової залози та виявляє підозрілі ділянки аденокарциноми простати, підсвічуючи осередки з найвищою ймовірністю наявності ракових клітин. Paige Prostate допомагає патологам не лише знаходити рак, але й оцінювати

його характеристики: система може прогнозувати ймовірність присутності злоякісної пухлини та кількісно визначати обсяг пухлинної тканини (наприклад, відсоток або довжину ураження) у біопсії [6]. Наступним кроком став розвиток платформи Paige PanCancer Detect, про запуск якої оголосили у 2024 році. Ця новаторська система на основі єдиної моделі AI здатна розпізнавати на цифрових зображеннях тканин ознаки злоякісних уражень одразу в 17 різних органах [7], що робить її першим інструментом такого типу, здатним виявляти як поширені, так і рідкісні види раку в різних анатомічних локалізаціях. У 2025 році Paige PanCancer Detect отримала від FDA статус Breakthrough Device (пристрою-прориву), що підкреслює її потенціал революціонізувати діагностику раку та прискорити впровадження AI-рішень у патологічну практику [7].

Ще одна надзвичайно цікава можливість, яка виникла завдяки AI в патології, – передбачення молекулярних властивостей пухлини за звичайними гістологічними зображеннями. Нейронні мережі здатні знаходити тонкі візуальні сигнали, які корелюють з генетичними змінами в пухлині. Наприклад, дослідники показали, що алгоритм глибокого навчання може напряму визначити з гістологічного зрізу, чи має колоректальний рак ознаки мікросателітної нестабільності (MSI) – важливої молекулярної характеристики, яка впливає на вибір імунотерапії [8]. У традиційній практиці для цього потрібне додаткове імуногістохімічне чи генетичне тестування, а AI спромігся вгадувати статус MSI з одних лише фарбованих GE-парафінових зрізів [9]. Подібно, інші роботи продемонстрували прогнозування мутацій генів (наприклад, мутації EGFR у раку легенів [10]) або рівня експресії певних генів із зображень пухлини. Хоча такі підходи поки далекі від рутинного застосування, вони відкривають перспективу віртуальної імуно/генетичної діагностики: коли штучний інтелект за одним зображенням біопсії одразу надає комплексну інформацію і про морфологію, і про молекулярний профіль пухлини. Це може суттєво прискорити діагностику та допомогти в підборі

таргетних ліків, особливо там, де доступ до розширених лабораторних тестів обмежений.

Підсумовуючи, AI вже продемонстрував здатність змінити практику патології: від автоматичного виявлення раку на цифрових слайдах з високою точністю до поглибленого аналізу зображень з метою прогнозу біологічної поведінки пухлини. Основні виклики на шляху впровадження цих технологій – забезпечення надійності та безпомилковості алгоритмів у різних умовах, інтеграція з робочим процесом патологічних лабораторій (багато з яких тільки переходять на цифрові платформи) та отримання довіри з боку лікарів. Однак тенденції однозначні: цифрова патологія та AI крокують пліч-о-пліч, і майбутнє діагностики раку важко уявити без інтелектуальних помічників, що підтримують патологоанатомів.

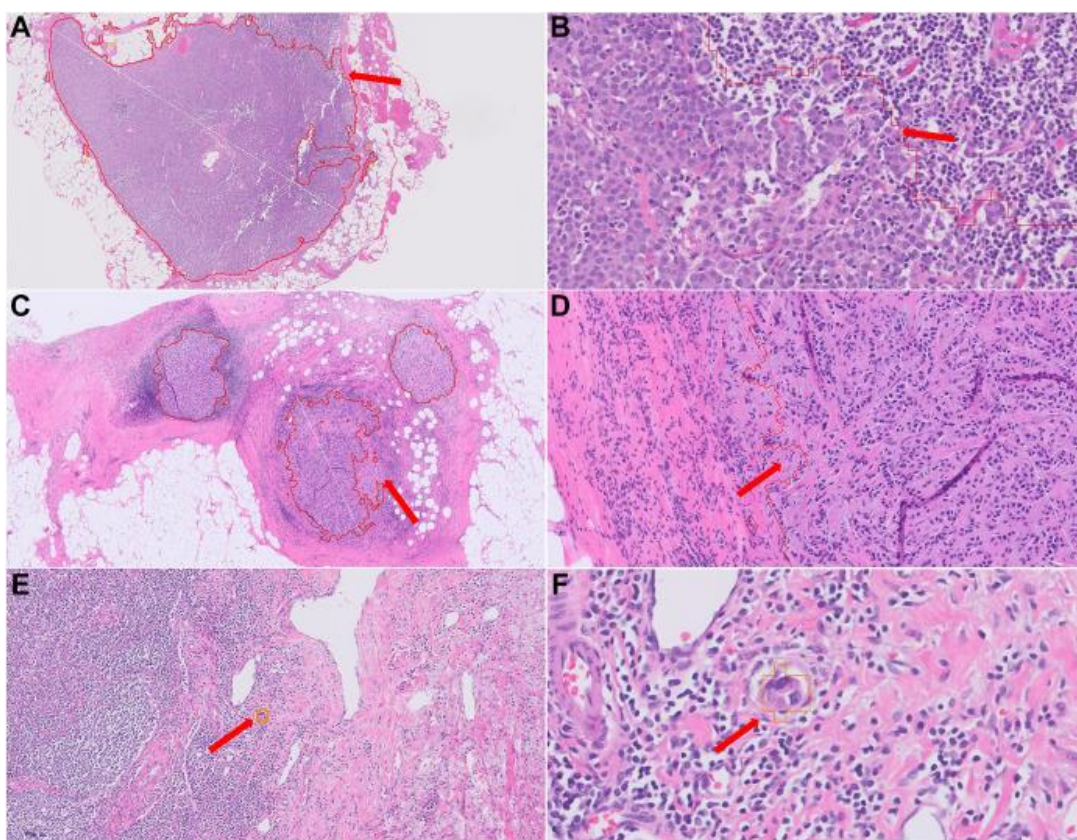


Рисунок 1.3 - Зразки метастазів у лімфовузлах, виявлені алгоритмом AI

1.4 Аналіз клінічних даних та табличної інформації

Окрім зображень, в онкології накопичується величезний масив клінічних даних: електронні медичні карти, результати лабораторних аналізів, відомості про симптоми, демографічні характеристики пацієнтів тощо. Ці дані зазвичай представлені у вигляді таблиць або текстів і містять цінну інформацію для діагностики та прогнозу раку. Традиційно статистичні методи (наприклад, регресійні моделі) вже використовувались для оцінки ризиків – відомі шкали та калькулятори ризику раку молочної залози, легені, простати, які на основі кількох факторів (вік, спадковість, результати аналізів) оцінюють ймовірність захворювання. Але з появою великих електронних баз даних і методів машинного навчання постало питання: чи можна виявити тонкі, нелінійні патерни в медичних записах, які сигналізують про прихований онкопроцес, ще до його явного клінічного прояву?

Відповіддю стали прогностичні моделі на основі EHR (Electronic Health Records), створені за допомогою ML. У 2021 році група дослідників застосувала методи глибокого навчання до анонімізованих EM3 понад 6 млн пацієнтів, щоб передбачити ймовірність діагностики раку в найближчий рік на основі всіх наявних медичних даних про пацієнта (скарги, призначені аналізи, попередні діагнози). Такі моделі вчать на прикладах випадково знайденого раку заднім числом і намагаються виявити схожі патерни симптомів та результатів, що передували цим випадкам. Результати поки попередні, але деякі алгоритми продемонстрували здатність вирізняти пацієнтів з високим ризиком раку серед загальної маси із прийнятною точністю.

Особливо активно досліджується застосування AI для раннього виявлення важковиявляємих видів раку. Панкреатичний рак – яскравий тому приклад: через відсутність специфічних симптомів він часто діагностується пізно. У дослідженні «Clinical Data Prediction Model to Identify Patients With Early-Stage Pancreatic Cancer» [11] було побудовано модель XGBoost (бустінг дерев рішень) для аналізу електронних медичних записів (EM3) з метою

розпізнати пацієнтів з раннім раком підшлункової серед всіх, хто відвідував клініки за кілька років до постановки діагнозу. Модель навчалась на даних >18 тисяч характеристик (коди діагнозів, процедури, результати рутинних аналізів, виписані ліки) і досягла $AUC = 0,84$ при тестуванні. Іншими словами, більше половини хворих на момент встановлення діагнозу могли бути діагностовані AI в момент, коли вони ще не мали підтвердженого раку, але, очевидно, вже мали певні непрямі ознаки у своїй медичній історії. Звичайно, поки що така модель не впроваджена в скринінг – вона потребує вдосконалення, адже навіть при дуже високій специфічності 90% її використання на великій кількості пацієнтів призвело б до значної кількості хибнопозитивних спрацьовувань. Однак автори зазначають, що застосування подібного підходу цілком реально на вибіркових групах підвищеного ризику (наприклад, люди з обтяженою спадковістю, хронічним панкреатитом тощо) або в комбінації з іншим. Цей приклад демонструє потенціал і виклики ML на табличних даних: алгоритм може виявити слабкі сигнали наближення хвороби задовго до клініциста, але його практична цінність залежить від точності і від того, наскільки зручно інтегрувати такий інструмент у систему охорони здоров'я, не перевантаживши її помилковими сповіщеннями.

Інші роботи зосереджуються на використанні штучного інтелекту для аналізу результатів лабораторних тестів і “рідких біопсій”. Наприклад, компанія GRAIL (США) розробила мультиканцерний скринінговий тест Galleri, який аналізує метильовані фрагменти безклітинної ДНК (cfDNA), що циркулюють у крові [12]. Алгоритм машинного навчання обробляє дані секвенування cfDNA і визначає, чи є “сигнал раку”, а також імовірно місце його виникнення (орган або система органів). У дослідженнях цей підхід продемонстрував здатність виявляти понад 50 типів раку — включно з тими, що не охоплені рекомендованими програмами скринінгу — з високою специфічністю ($\approx 99,5\%$) та доволі точною локалізацією пухлини (точність прогнозу походження $>90\%$). Це приклад синергії біомолекулярних методів і

AI, що відкриває нові можливості для ранньої діагностики. Хоча тест поки що не входить до рутинних стандартів скринінгу, його вже застосовують у США як лабораторний розроблений тест (LDT), і він демонструє реальний потенціал виявлення раку ще до появи симптомів.

Слід згадати і про використання ML для обробки неструктурованих клінічних даних, маються на увазі текстові висновки лікарів, історії хвороби, патологічні звіти. Алгоритми обробки природної мови (NLP) здатні автоматично аналізувати текст медичних документів, виділяючи згадки про симптоми, стадії раку, результати лікування. Інші NLP-застосування – це витяг структурованих даних з патологічних звітів (тип пухлини, градація, статус рецепторів) для заповнення баз даних і подальшого аналізу ML.

В цілому, машинне навчання на клінічних табличних даних та записах – це напрям, що доповнює аналіз зображень. Якщо радіологія та патологія дають нам “очі” AI, то аналіз ЕМЗ дає йому “пам’ять” і “логіку”, базовану на тисячах попередніх випадків. Комбінування цих джерел може в майбутньому забезпечити більш комплексну і точну діагностику. Уже зараз є спроби мульти-модальних AI-систем, які на вхід отримують скани і лабораторні дані, і повертають об’єднаний висновок. Хоча ці рішення лише зароджуються, вони відображають загальний вектор: використати всю доступну інформацію про пацієнта, аби виявити захворювання і індивідуалізувати підхід до лікування.

1.5 Приклади впроваджених у клінічну практику AI-рішень

Незважаючи на величезну кількість досліджень, відносно небагато AI-алгоритмів уже стали частиною реальної клінічної практики. Втім, їх число зростає, і кожен успішний приклад є підтвердженням зрілості технології. Розглянемо кілька відомих рішень – як на рівні комерційних продуктів, так і клінічних впроваджень – що вже використовуються для діагностики раку або перебувають на завершальній стадії впровадження:

- **DeepHealth** – американська компанія, що спеціалізується на AI для радіології, особливо для мамографії. Її флагманський продукт Saige-Dx – це FDA-схвалений алгоритм, який автоматично виявляє підозрілі ущільнення на мамограмах і виставляє кожному випадку рівень ризику [13]. Система була навчена на понад 1 млн зображень і здатна працювати на різних типах мамографів, демонструючи стабільно високу продуктивність навіть при різній щільності грудної залози. У практичному використанні Saige-Dx інтегрується у робоче місце радіолога, виділяючи знімки, де ймовірність раку найбільша, тим самим допомагаючи впорядкувати пріоритет читання випадків.
- **PathAI** — американська компанія з Бостона, яка спеціалізується на застосуванні штучного інтелекту в цифровій патології. Її алгоритми розроблені для аналізу біопсій при різних типах раку, зокрема печінки, молочної залози та простати. У незалежних дослідженнях показано, що AI-моделі, аналогічні розробкам PathAI, можуть підвищувати точність градації раку простати за Глісоном, зменшуючи міжспостерігачеву варіабельність та підтримуючи патологів у складних випадках [14]. Компанія активно співпрацює з лікарнями та фармацевтичними компаніями. Це означає, що AI допомагає зробити діагноз менш суб'єктивним. Щодо регуляторного статусу, деякі алгоритми PathAI мають маркування CE для використання в Європі. Обмеженням на шляху впровадження є потреба у 100% цифровому робочому процесі і висока вартість такої інфраструктури, а також необхідність накопичення великої кількості валідаційних даних під кожне завдання, щоб переконливо довести безпечність і ефективність алгоритму.
- **Lunit** — південнокорейська компанія, яка розробляє рішення на основі штучного інтелекту для медичної діагностики, зосереджуючись на онкології. Її продукти охоплюють радіологію та патологію, зокрема Lunit INSIGHT CXR для аналізу рентгенограм грудної клітки та Lunit INSIGHT MMG для мамографії. Обидва продукти мають CE-

маркування. У 2023 році у Швеції було проведено велике проспективне дослідження (ScreenTrustCAD) [15], в якому перевіряли ефективність Lunit як незалежного “читача” мамограм. Результати показали, що заміна одного з двох радіологів алгоритмом Lunit не лише не знижує ефективність скринінгу, а навіть дещо покращує виявлення раку, зменшуючи навантаження на лікарів. Алгоритм уже використовується у скринінгових програмах в Азії та Латинській Америці, а також комерційно впроваджується у клініках.

Перелічені приклади – далеко не вичерпний список, але вони ілюструють декілька важливих моментів. По-перше, ефективність AI: всі ці системи досягли дуже високих показників точності у своїх задачах, часто порівнянних або кращих за середнього спеціаліста-людину. По-друге, вузька спеціалізація: кожна рішення зосереджене на конкретному – універсального інструмента на всі випадки немає, і це відображає реальність, де кожна задача потребує окремого навчання й оптимізації. По-третє, усі рішення проходять ретельну клінічну валідацію: контрольовані дослідження, багатоцентрові випробування, отримання сертифікацій (FDA, CE), публікації результатів у рецензованих журналах. Лише після такого шляху можливе впровадження в рутинну практику. І по-четверте, навіть найкращі AI-системи сьогодні працюють у режимі асистента, а не самостійного діагноста: вони пропонують висновок чи підказку, але фінальне рішення залишається за лікарем. Цей підхід зберігатиметься, доки алгоритми не доведуть свою надійність без підтримки людини, та й з етичних і правових міркувань лікар не може бути повністю усунутий від діагностичного процесу.

1.6 Висновки та обґрунтування розробки власної системи

Аналіз наукової літератури засвідчує стійкий тренд до використання методів машинного навчання в онкологічній діагностиці. Алгоритми штучного інтелекту демонструють високу ефективність при аналізі медичних зображень, таких як КТ, МРТ, мамографія, а також гістологічні зрізи. У багатьох дослідженнях підтверджено, що моделі на основі глибокого навчання здатні виявляти патології з точністю, яка співставна з експертною оцінкою лікарів. Це відкриває перспективи для підтримки клінічних рішень, зменшення навантаження на спеціалістів та підвищення чутливості виявлення онкопатологій на ранніх стадіях.

Разом з цим, залишаються виклики, пов'язані з обмеженим узагальненням моделей на нові популяції та обладнання, складністю інтеграції у клінічні процеси, а також недостатньою пояснюваністю рішень. Умови доступності якісних медичних даних, необхідних для навчання, часто є бар'єром для розробки універсальних рішень. Це підкреслює актуальність створення адаптивних систем, які можуть бути налаштовані під специфіку конкретного закладу, типу обстеження чи категорії пацієнтів.

Розробка інтелектуальної системи діагностики з використанням методів ML дозволяє врахувати саме ті особливості, які є важливими в заданому клінічному чи науковому контексті. Власна розробка дозволяє реалізувати контроль над архітектурою та логікою обробки, забезпечити прозорість роботи системи і додати інструменти візуального пояснення рішень моделі, що сприяє довірі з боку медичного персоналу.

Окремо варто зазначити значення такої системи в освітньому та науковому середовищі. В процесі її розробки відбувається практичне засвоєння сучасних методів комп'ютерного зору, нейромережевих підходів та обробки біомедичних даних, що покращує навички і відкриває можливості для подальших досліджень.

У підсумку, створення такої системи є не лише технічно обґрунтованим, а й практично доцільним кроком. Воно дозволяє забезпечити адаптивність, гнучкість і прозорість при реалізації інструментів підтримки діагностики раку, що має потенціал покращити якість медичної допомоги, особливо в умовах, де готові комерційні рішення є недоступними або непридатними до конкретних завдань.

2 МЕТОДИКА ТА РЕАЛІЗАЦІЯ ДОСЛІДЖЕННЯ

2.1 Постановка задачі в термінах системи

У рамках даної роботи було поставлено задачу створення інтелектуальної системи, що дозволяє користувачам проводити попередній аналіз медичних зображень і структурованих медичних даних за допомогою моделей машинного навчання. Проблематика полягає не лише в реалізації точних моделей, а і в інтеграції різнорідних рішень у єдину зручну, доступну та масштабовану платформу, яка може бути корисною як для фахівців, так і для звичайних користувачів.

Вибір комплексного підходу був обґрунтований необхідністю охопити різні типи вхідних даних (зображення, табличні дані) та надати доступ до кількох спеціалізованих моделей, які розраховані на вирішення конкретних задач. Об'єднання всіх моделей у межах одного інтерфейсу дозволяє користувачеві працювати з різними форматами без потреби перемикання між сервісами, а також забезпечує узгодженість у виведенні результатів, структурі звітів та логіці доступу.

Система підтримує два основних типи користувачів:

- Звичайні користувачі, які мають обмежений доступ до моделей та функціоналу. Це дозволяє уникнути перевантаження інтерфейсу, знизити ризики неправильного трактування складних результатів і зменшити навантаження на обчислювальні ресурси. Для таких користувачів доступно завантаження обмеженої кількості зображень на добу, а також попереджувальні повідомлення у разі виявлення високого ризику.
- Користувачі з розширеним доступом, які мають можливість працювати з повним набором моделей, завантажувати дані партіями, зберігати історію результатів, а також отримувати звіти в різних форматах.

Розширений доступ надається медичним і дослідницьким установам за заявкою або автоматично — для користувачів із корпоративною поштою авторизованих організацій.

Таким чином, система виконує не лише технічну функцію класифікації даних, а й вирішує прикладну задачу — зробити сучасні алгоритми машинного навчання доступними у форматі, зручному для використання в реальних умовах. Комплексний підхід, багаторівнева система доступу та орієнтація на українських користувачів стали ключовими принципами при постановці завдань у межах цієї роботи.

2.2 Загальна архітектура системи

Розроблена система є повноцінною вебплатформою з підтримкою машинного навчання, яка складається з декількох логічно відокремлених компонентів, організованих у вигляді Django-додатків. Архітектура побудована за принципами модульності, що забезпечує гнучкість, розширюваність та зручність підтримки.

Загальна архітектура системи наведена на рисунку нижче. Вона відображає логічну структуру вебплатформи та спосіб взаємодії її основних компонентів — вебзастосунку, моделей машинного навчання, бази даних, медіасховища та Telegram-бота. Користувач може працювати як через вебінтерфейс, так і через Telegram, а результати обробки даних доступні у вигляді звітів, графіків або відео. Завдяки єдиній базі даних і структурі зберігання файлів система забезпечує узгоджене функціонування незалежно від точки входу.

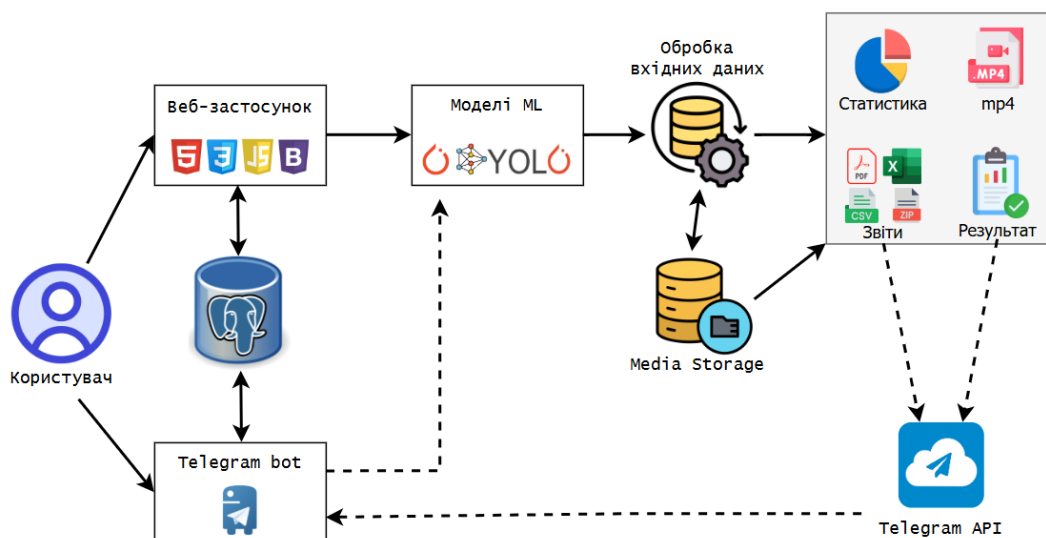


Рисунок 2.1 – Загальна архітектура системи

2.2.1 Фреймворк

У якості основи обрано фреймворк Django, який реалізує шаблон MVC/MVT (Model–View–Template). Для зберігання даних використовується PostgreSQL, що забезпечує стабільну та масштабовану реляційну БД.

У проєкті створено чотири основні додатки: users, mlmodels, telegrambot, cancer_diagnosis

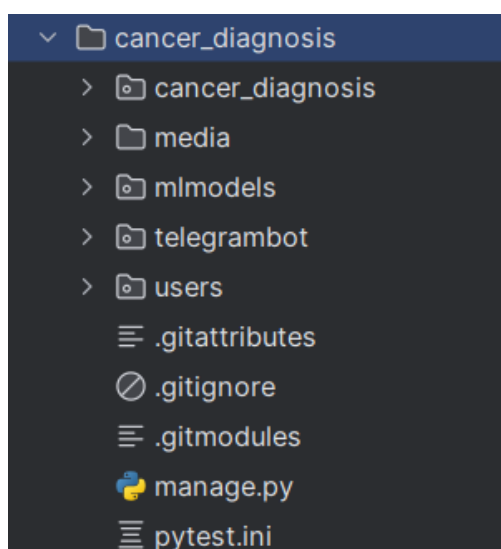


Рисунок 2.2 — Структура Django-додатків у проєкті

2.2.2 База даних

База даних (БД) системи реалізована на основі PostgreSQL і використовує кастомну модель користувача CustomUser, розширену від стандартного AbstractUser Django. Вона включає додаткові поля: електронну пошту, фотографію профілю, місто проживання, номер телефону та логіку автоматичного призначення розширеного доступу (наприклад, за доменом @karazin.ua).

Система охоплює такі сутності:

- City — перелік українських міст, які користувач може вказати у профілі. Всі лікарні (Hospital) та користувачі (CustomUser) прив'язані до певного міста.
- Hospital — онкологічні заклади з полями назви, адреси, опису, контактних номерів і вебсайту. Прив'язуються до міста через ForeignKey.
- CustomUser — основна таблиця користувачів. Зв'язана з іншими таблицями як джерело користувача: діагностики, завантаження, заявки, Telegram-акаунти.
- AdvancedAccessRequest — заявки на розширений доступ, які включають інформацію про мету використання, місце роботи та контактні дані. Адміністратор може переглядати ці заявки через Django admin.
- DiagnosisRecord — історія запуску моделей. Зберігає назву моделі, вхідний файл, результат та дату запуску. Дозволяє користувачам переглядати історію діагностик.
- UploadLog — журнал усіх завантажень до моделей. Містить ім'я файлу, модель, час і користувача. Дає змогу контролювати активність та обмеження.
- TelegramProfile — профілі Telegram-користувачів, прив'язані до зареєстрованих акаунтів на сайті. Зберігається Telegram ID та час створення прив'язки.

- TelegramLinkCode — тимчасові коди для зв'язування акаунтів на сайті з Telegram-ботом. Генеруються ботом, вводяться вручну на сайті.

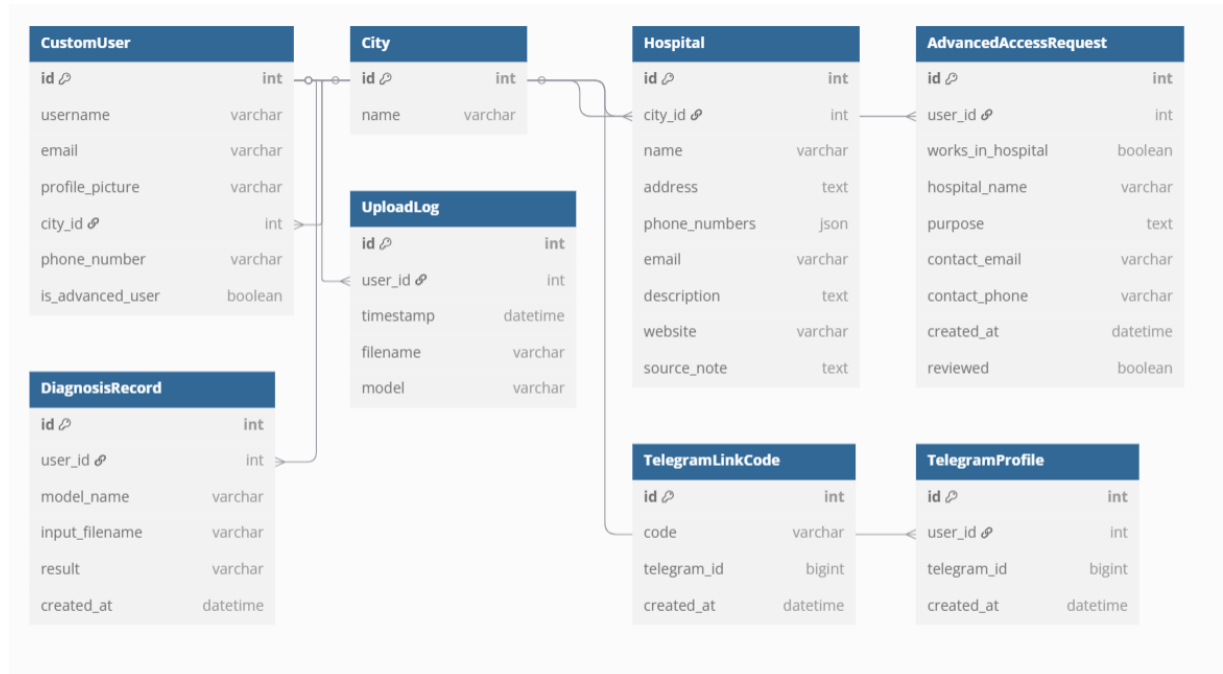


Рисунок 2.3 — ER-діаграма БД

2.2.3 Адміністративна частина (Django admin)

Вебплатформа побудована на Django, який надає вбудовану систему адміністративного інтерфейсу. Завдяки цьому реалізовано повноцінну адміністративну панель, що дозволяє адміністратору керувати ключовими об'єктами бази даних без необхідності прямого доступу до SQL або сторонніх інструментів.

Основні можливості адміністратора:

- Користувачі:
Адміністратор може переглядати список зареєстрованих користувачів, змінювати їхні профілі, статус розширеного доступу (is_advanced_user), місто, номер телефону, а також бачити завантажене зображення

профілю. Для цього кастомізовано клас CustomUserAdmin, який розширює стандартний UserAdmin.

- Заявки на розширений доступ:

Реалізовано окрему модель AdvancedAccessRequest, що зберігає інформацію про організацію, мету використання системи, контакти та дату створення. У панелі адміністратора для зручності додано фільтр за статусом перегляду заявки (reviewed) та візуальну індикацію:

- Нові заявки автоматично підсвічуються червоним жирним текстом (НОВИЙ);
 - Переглянуті мають нейтральний статус "Переглянуто".
- Онколікарні та міста:

Через моделі Hospital та City адміністратор має можливість додавати міста України, редагувати інформацію про заклади: назву, адресу, телефони, опис, вебсайт. Усі лікарні прив'язуються до конкретного міста через ForeignKey.

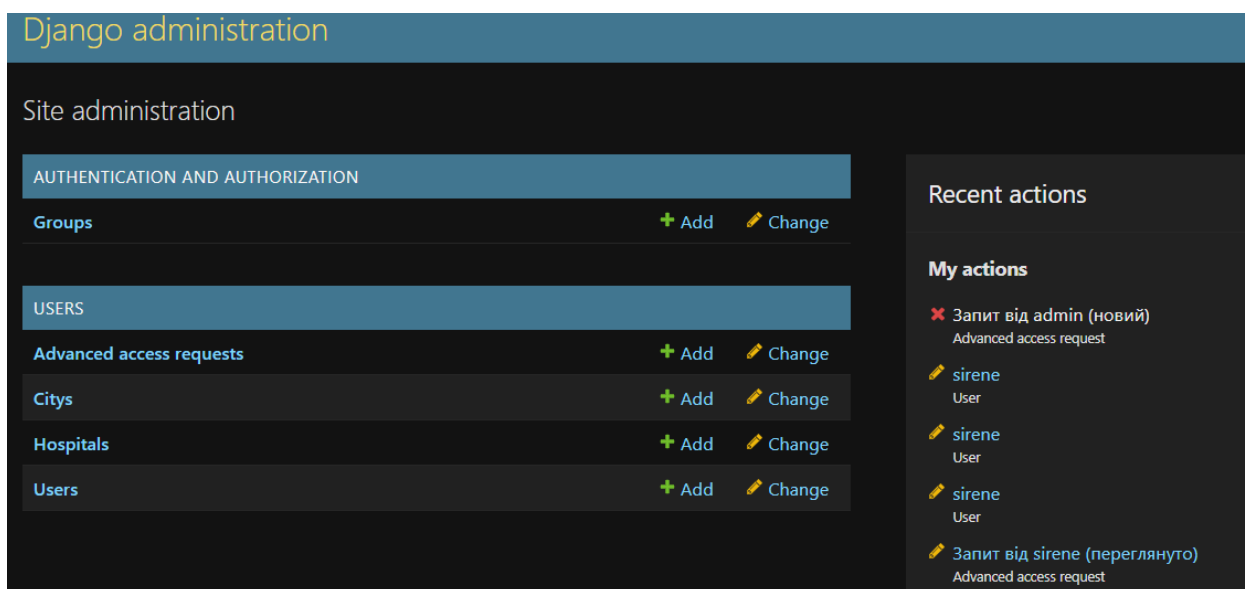





Рисунок 2.4 – Головна сторінка адміністратора

Запит від сірени (новий) HISTORY

User:   

Works in hospital

Hospital name:

Purpose:

Contact email:

Contact phone:

Reviewed

Рисунок 2.5 — Вигляд заявки на розширений доступ у Django admin

Перевагою реалізованої адміністративної панелі є повна інтеграція всіх моделей через `admin.site.register`, що дозволяє обійтися без написання окремого фронтенду для управління даними. Завдяки кастомізації списків (`list_display`, `list_filter`, `search_fields`) адміністратор має змогу швидко орієнтуватися у великій кількості записів та ефективно знаходити потрібну інформацію. Крім того, підтримка редагування записів безпосередньо з адмінки значно спрощує тестування функціоналу та подальше обслуговування системи в реальному використанні.

2.2.4 Вебінтерфейс

Фронтенд частина платформи реалізована за допомогою шаблонів Django та CSS-фреймворку Bootstrap 5. Такий підхід дозволив створити адаптивний інтерфейс, що коректно відображається як на настільних комп'ютерах, так і на мобільних пристроях. Завдяки використанню системи шаблонів із базовим файлом `base.html`, усі сторінки мають єдиний стиль, з фіксованим верхнім меню, підключеними стилями, скриптами та підтримкою перемикачів.

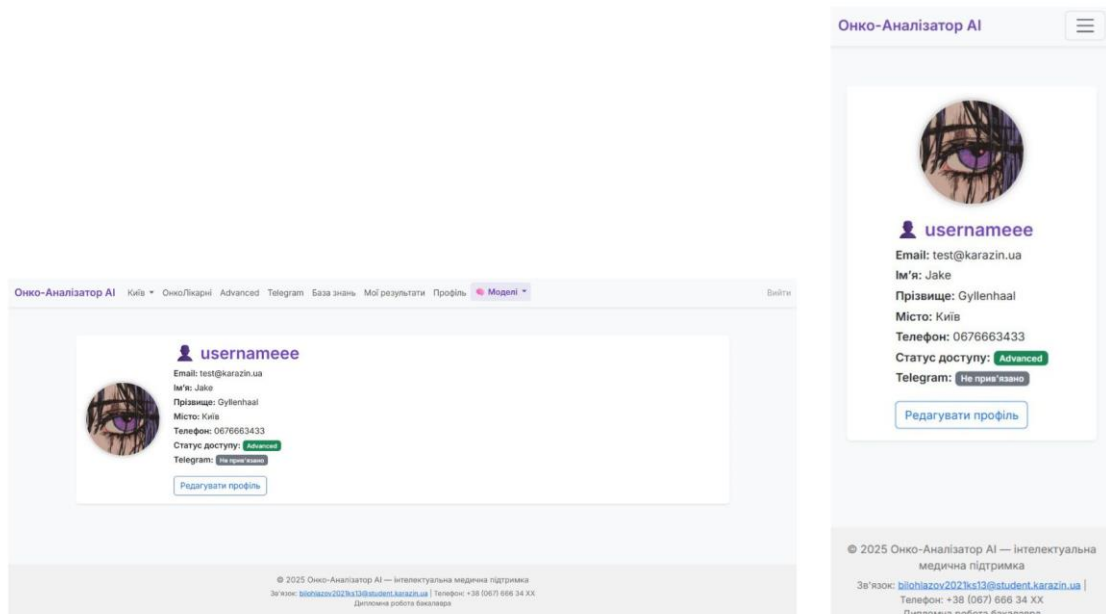


Рисунок 2.6 — Вигляд сторінки профілю на десктопі та мобільному

Для авторизованих користувачів доступне динамічне меню з моделями. Це меню дозволяє швидко переходити до відповідного модуля діагностики. У шапці сайту реалізовано зручний перемикач міста, що дозволяє в будь-який момент оновити профіль користувача та прив'язати його до актуального населеного пункту.

Інтерфейс також передбачає розмежування функціоналу: для звичайних користувачів доступ обмежено певними моделями та кількістю завантажень, тоді як розширені користувачі можуть працювати з усіма моделями, завантажувати групові файли та переглядати історію попередніх діагностик. Після кожної обробки даних користувач бачить результат, а в разі розширеного доступу — також можливість завантажити звіт у форматі PDF, CSV або Excel.

Щоб узагальнити функціональність вебінтерфейсу з погляду користувача, на рисунку 2.7 представлено Use-Case діаграму, яка демонструє основні варіанти взаємодії через сайт.

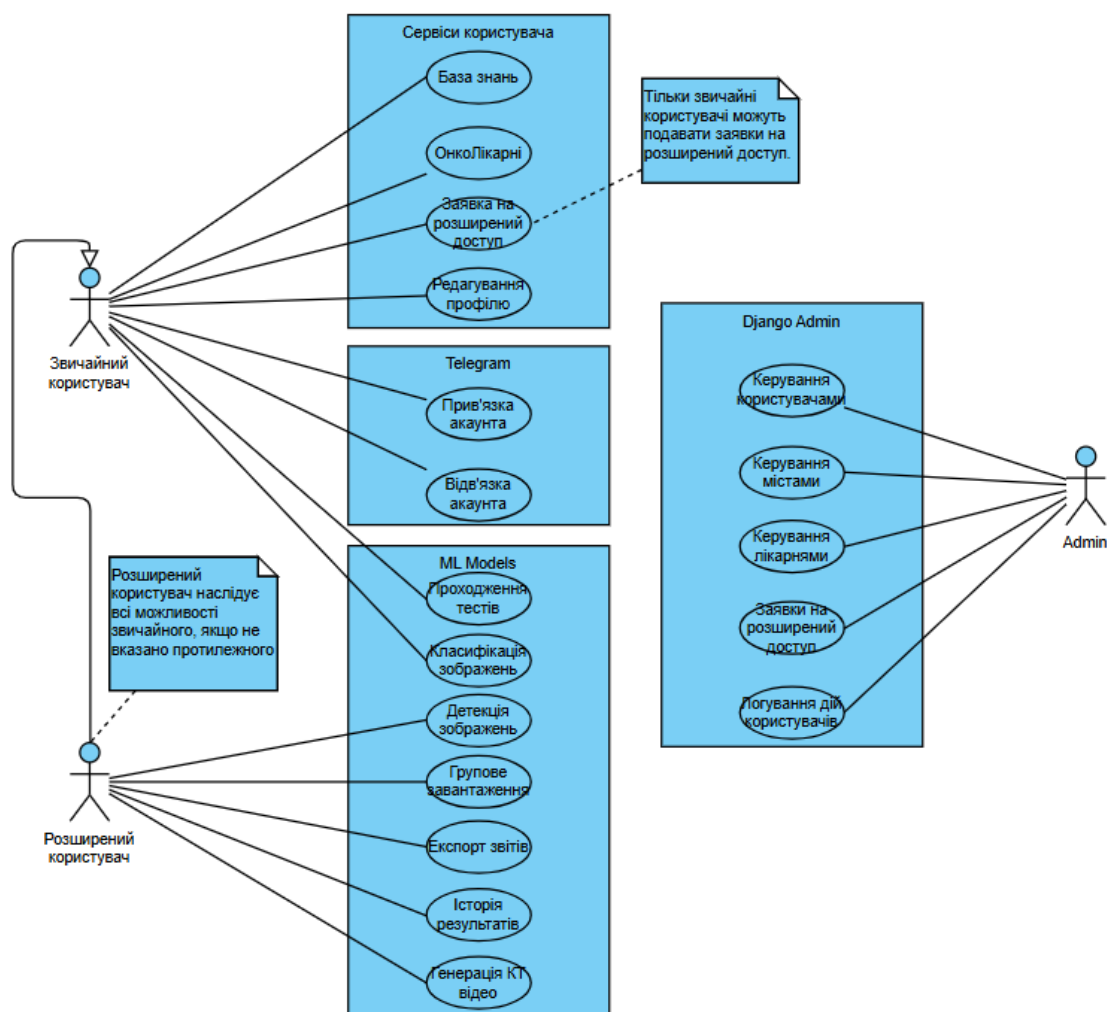


Рисунок 2.7 – Use-Case діаграма вебінтерфейсу

2.2.5 Telegram-bot

Telegram-bot у системі реалізовано як окремий асинхронний сервіс на мові Python із використанням бібліотеки `python-telegram-bot`. Його запуск не залежить від основного сайту, але завдяки спільній базі даних і чітко структурованій взаємодії, бот має змогу повноцінно працювати з обліковими записами користувачів та з деякими з моделей машинного навчання.

Ключовим етапом у взаємодії між ботом і сайтом є механізм прив'язки акаунтів. Користувач у боті вводить команду `/link`, після чого отримує унікальний одноразовий код. Цей код потрібно ввести на сайті в особистому кабінеті, і після підтвердження акаунти зв'язуються. Telegram ID зберігається

у спеціальній моделі TelegramProfile, пов'язаній з користувачем через OneToOne-зв'язок. Усі подальші дії бот виконує вже з урахуванням прив'язаного акаунта.

Бот дозволяє користувачеві працювати з окремими моделями системи, зокрема з DermaScanAI, LungPredictLite та LungPredictPro. Через інтерфейс Telegram доступна не лише обробка зображень і вивід результатів, а й можливість змінити місто проживання, оновити фото профілю, отримати список онкологічних лікарень у вибраному місті, а також перемкнути мову взаємодії між українською та англійською.

Наявність Telegram bot значно підвищує доступність і зручність взаємодії, особливо для користувачів мобільних пристроїв.



Рисунок 2.7 — Схема взаємодії Telegram-бота із сайтом (послідовність прив'язки)

Для наочності наведено Use-Case діаграму взаємодії користувача з Telegram-ботом. Вона демонструє доступні сценарії: прив'язка акаунта, передача даних до моделей, отримання результатів, перемикання мови та інші ключові дії.

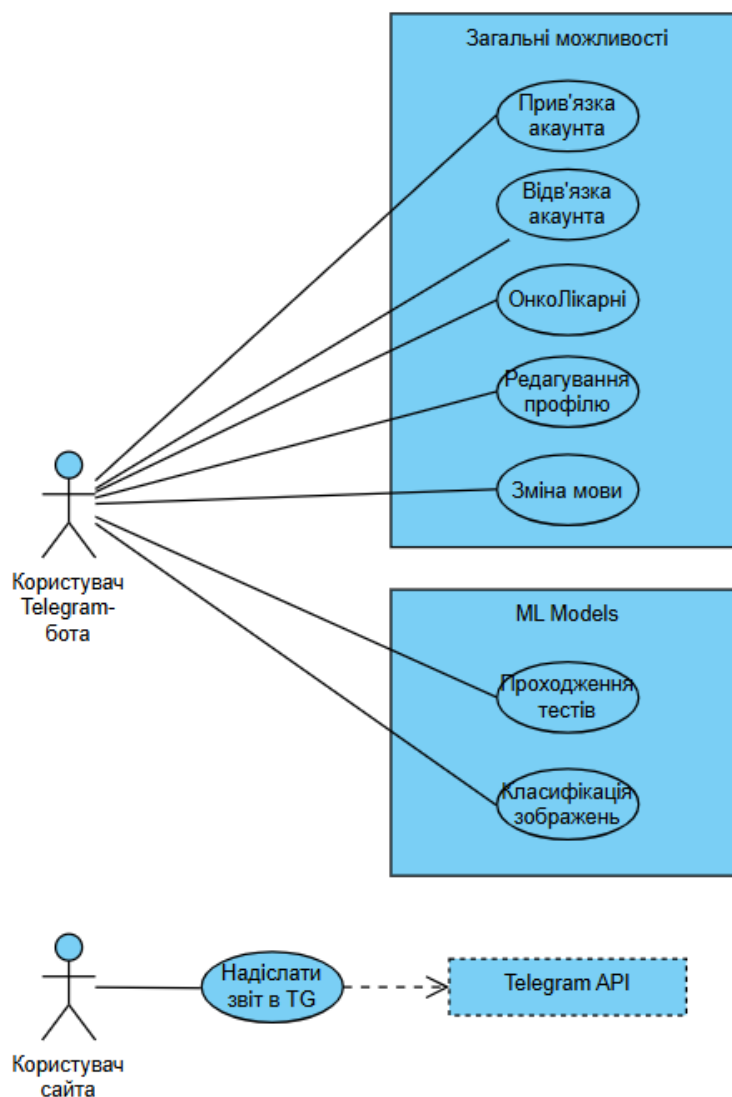


Рисунок 2.8 - Use-Case діаграма взаємодії з Telegram Bot

2.2.6 Інтеграція між компонентами

Telegram-бот та вебсайт працюють як окремі сервіси, але взаємодіють через спільну базу даних PostgreSQL. Завдяки цьому між ними не потрібно створювати окремий API або проміжний сервер обміну — бот безпосередньо

читає та записує дані в таблиці, спільні з сайтом. Зокрема, для прив'язки акаунта використовується таблиця `TelegramLinkCode`, а для збереження Telegram ID — `TelegramProfile`, яка має OneToOne-зв'язок із `CustomUser`.

Такий підхід дозволяє уникнути дублювання логіки на рівні обробки профілів користувача, запуску моделей та обмежень доступу. Всі перевірки прав, історія результатів, а також стан доступу до моделей контролюються на рівні єдиної централізованої системи. Таким чином, незалежно від того, чи користувач працює через сайт, чи через бот, результати будуть формуватися однаково — з тією ж логікою обробки, обмеженнями та виводом.

Ця інтеграція дозволяє досягти високої узгодженості компонентів системи при збереженні модульності та незалежності запуску, що спрощує підтримку та розширення функціоналу в майбутньому.

2.3 Методологія створення моделей

У цьому розділі розглянуто процес створення моделей машинного навчання, що використовуються в системі для вирішення різних типів завдань — класифікації зображень, аналізу структурованих даних та виявлення об'єктів на медичних знімках.

Моделі навчалися в хмарному середовищі з використанням фреймворку глибокого навчання, що забезпечує підтримку GPU та гнучке керування архітектурою мереж, вибором функцій втрат, оптимізаторів, обробкою даних і збереженням результатів. Кожен тип задачі вимагав окремого підходу до формування архітектури, структури вхідних даних, способу аугментації, а також вибору відповідних метрик для оцінки якості.

Важливою частиною розробки була попередня обробка — нормалізація, масштабування, розділення на навчальні, валідаційні та тестові вибірки. Для

контролю ефективності навчання використовувалися метрики точності, функції втрат, а також візуальний аналіз динаміки показників по епохах.

У наступних підрозділах буде детально описано побудову та навчання моделей для кожного окремого типу задач, включно з прикладами коду, графіками точності та втрат, а також характеристиками обраних архітектур.

2.3.1 Класифікація зображень

Для вирішення задачі класифікації зображень було обрано архітектуру ResNet34 (Residual Network), яка належить до класу згорткових нейронних мереж із залишковими з'єднаннями. Ключова особливість цієї архітектури полягає у використанні пропускних зв'язків (skip connections), які дозволяють передавати вихідні дані блоку безпосередньо до його виходу, обходячи проміжні перетворення. Такий підхід ефективно вирішує проблему згасання градієнта під час зворотного поширення, що є критичним для навчання глибоких мереж. Завдяки залишковим з'єднанням градієнти можуть вільно протікати через всю мережу, забезпечуючи стабільне навчання навіть при значній глибині моделі.

ResNet34 містить 34 ваговані шари та демонструє оптимальне співвідношення між складністю моделі та обчислювальними вимогами. Порівняно з більш глибокими варіантами (ResNet50, ResNet101), вона потребує менше ресурсів для навчання та інференсу, водночас забезпечуючи високу точність класифікації. Це робить її особливо придатною для задач із обмеженими обчислювальними ресурсами, зокрема для класифікації медичних зображень в рамках даного дослідження.

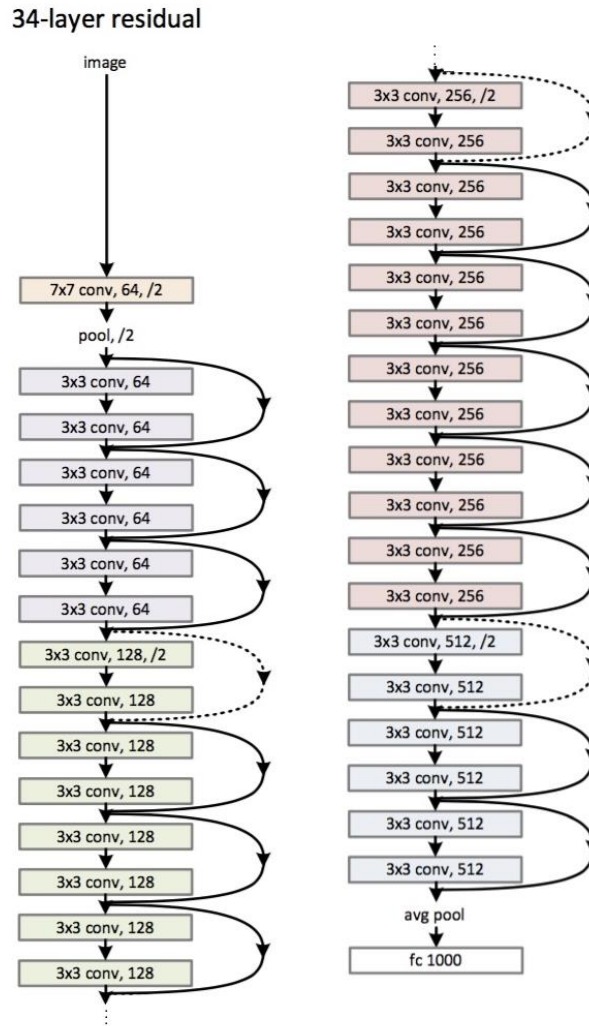


Рисунок 2.8 – архітектура ResNet34

Наведений далі приклад стосується моделі, що класифікує зображення МРТ мозку за чотирма класами. Водночас аналогічна архітектура (ResNet34 із адаптованим класифікатором) була застосована і для інших моделей, які класифікують гістопатологічні, дерматологічні, гематологічні та нефрологічні зображення. Усі ці моделі мають спільну основу, однак відрізняються кількістю вихідних класів, розміром вхідних зображень, способом попередньої обробки, а також об'ємом і структурою навчального набору.

У процесі реалізації було використано попередньо натреновану модель ResNet34 (на ImageNet), у якій останній шар замінено на лінійний з виходом, що відповідає кількості цільових класів. Для навчання використовувалась

функція втрат CrossEntropyLoss та оптимізатор Adam. Динаміка швидкості навчання контролювалась через ReduceLROnPlateau.

Зображення піддавались попередній обробці: зміні розміру до 224×224 , нормалізації та базовій аугментації (обертання, горизонтальне віддзеркалення). Навчальні дані було поділено на тренувальний та валідаційний набори, а найкраща модель зберігалась на основі валідаційної точності.

Прикладовий датасет включав понад 7000 МРТ-зображень і був сформований на основі об'єднання кількох джерел. Окремі піддатасети проходили попереднє очищення: зображення з сумнівною якістю або некоректною класифікацією виключались.

Модель показала стабільне зниження функції втрат та зростання точності впродовж епох, що свідчить про ефективність архітектури для задач подібного типу.

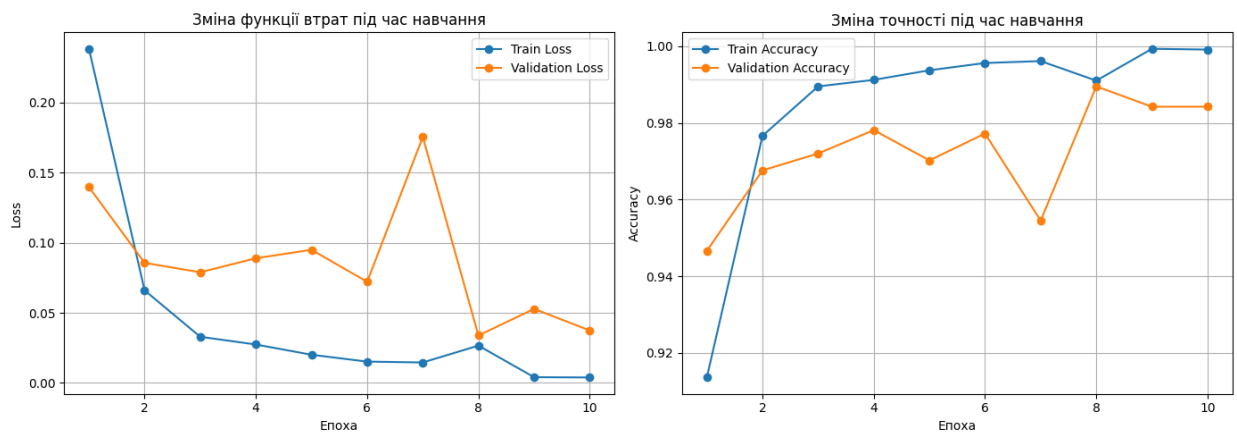


Рисунок 2.9 — Графік зміни точності та функції втрат під час навчання моделі BrainScanPro

Лістинг програмної реалізації моделі для класифікації зображень наведено у Додатку А.

У межах роботи було навчено п'ять окремих моделей класифікації медичних зображень на основі архітектури ResNet34. Для кожної з них

використовувалися різні датасети зображень: від МРТ мозку до гістологічних знімків. Хоча загальна структура архітектури залишалася незмінною, кількість вихідних класів, кількість епох, обсяг датасету та типи патологій значно відрізнялись.

У таблиці 2.1 представлено узагальнену інформацію про всі моделі: тип зображень, кількість класів, розмір датасету, досягнуту точність та інші ключові параметри. Ця інформація дає змогу порівняти ефективність навчання в різних задачах класифікації.

Таблиця 2.1 – Основні характеристики моделей, навчених на архітектурі ResNet34

Назва моделі	Тип зображень	Кількість класів	Обсяг датасету	Точність
BrainScanPro	МРТ мозку	4	7022	98.86%
DermaScanAI	Новоутворення на шкірі	2	3297	91.67%
KidneyDetectAI	КТ знімки нирок	4	12,446	100%
HistoColonAI	Зображення мазків крові	4	4454	99.85%
LeukemiaVision	Гістопатологія кишківника	6	6512	95.31%

У межах дослідження було використано чотири публічні датасети для класифікації зображень, які потребували обов'язкового цитування: EBNI-Seg [16], Acute Lymphoblastic Leukemia (ALL) [17], CT Kidney Dataset [18] та Skin Cancer: Malignant vs. Benign [19]. Детальні описи наведено у списку джерел.

2.3.2 Обробка табличних даних

Окрема категорія задач у системі стосується класифікації табличних медичних даних. Такі дані містять числові ознаки пацієнтів, які зазвичай збираються під час опитувань, анкетування або автоматично витягуються з електронних медичних записів. Вони відображають важливі характеристики стану здоров'я: вік, стать, наявність симптомів, шкідливі звички, анамнез хвороб тощо. Ці параметри дозволяють будувати моделі прогнозування, які є корисними для первинного скринінгу та прийняття клінічних рішень.

Для обробки таких даних використовувалися прості багат шарові нейронні мережі, які складаються з повнозв'язних (fully connected) шарів із функціями активації ReLU у прихованих шарах та Sigmoid на виході. Вихідний шар дозволяє інтерпретувати результат як ймовірність належності до позитивного класу (наприклад, наявності захворювання).

Архітектура повнозв'язної нейронної мережі для класифікації медичних даних складається з декількох послідовно з'єднаних шарів, у яких використовуються різні функції активації залежно від призначення шару.

У прихованих шарах застосовується функція активації ReLU (Rectified Linear Unit):

$$ReLU(x) = \max(0, x) \quad (2.1)$$

Ця функція забезпечує нелінійність та усуває проблему згасання градієнта, характерну для сигмоїдальних функцій у глибоких мережах.

У вихідному шарі для задач бінарної класифікації використовується сигмоїдна функція активації:

$$\sigma(x) = \frac{1}{1 + e^{-x}} \quad (2.2)$$

Сигмоїд перетворює вихідне значення в інтервал $[0,1]$, що дозволяє інтерпретувати результат як ймовірність належності до позитивного класу.

Математично мережа з двома прихованими шарами описується наступними рівняннями:

$$h_1 = \text{ReLU}(W_1x + b_1), \quad (2.3)$$

$$h_2 = \text{ReLU}(W_2h_1 + b_2), \quad (2.4)$$

$$y = \sigma(W_3h_2 + b_3), \quad (2.5)$$

де x — вектор вхідних ознак пацієнта;

W_i — матриця ваг i -го шару;

b_i — вектор зсувів (bias) i -го шару;

y — прогнозована ймовірність позитивного класу.

Перед подачею в мережу дані проходили стандартну обробку: масштабування ознак за допомогою `StandardScaler`, а також поділ на тренувальну та тестову вибірки для забезпечення надійної оцінки результатів.

Для навчання моделей використовувалась функція втрат `BCELoss`, оптимізатор `Adam`, а сам процес навчання включав декілька епох з поступовим оновленням ваг. Протягом тренування відслідковувалась динаміка функції втрат та точності класифікації, що дозволяло оцінити стабільність та ефективність моделі.

На основі цієї архітектури було реалізовано три окремі моделі: для оцінки ризику раку легенів, виявлення легеневих захворювань, а також класифікації типу пухлини молочної залози. Кожна модель була протестована на відповідному датасеті, що містив реальні або змодельовані медичні дані, та продемонструвала високий рівень точності. У таблиці 2.2. узагальнено результати кожної з моделей.

Лістинг навчання моделі на табличних даних наведено у Додатку Б.

Таблиця 2.2 - Основні характеристики моделей, навчених на табличних даних

Назва моделі	Призначення	Кількість ознак	Розмір датасету	Точність
LungPredictLite	Прогноз ризику раку легенів	16	309	96.77%
LungPredictPro	Прогноз ризику раку легенів	18	5000	90.80%
MammoPredict30	Класифікація пухлин молочної залози	32	569	98.25%

2.3.3 Обробка зображень методом детекції об'єктів

Для задачі не лише класифікації, а й виявлення розташування пухлин у легенях, було використано офіційну реалізацію YOLOv5, а саме версію yolov5x. Ця версія є найбільшою за розміром моделлю в серії YOLOv5, призначеною для досягнення максимальної точності детекції об'єктів. Вона включає три основні компоненти:

- Backbone — модифікований CSPDarknet, який виконує виділення ознак з вхідного зображення, формуючи ієрархічні представлення з різним рівнем деталізації.
- Neck — гібридна архітектура, що поєднує PANet та FPN (Feature Pyramid Network), забезпечуючи ефективне об'єднання характеристик різних масштабів та створення багаторівневих

пірамідальних представлень для покращення детекції об'єктів різного розміру.

- Head — вихідний блок, який генерує тензори з координатами обмежувальних рамок (bounding boxes), класифікаційними оцінками та коефіцієнтами довіри для кожного виявленого об'єкта.

Ключовою особливістю цієї архітектури є одноетапний підхід до детекції (single-stage detection), що дозволяє виконувати детекцію об'єктів за один прохід через мережу. Це забезпечує оптимальний баланс між швидкістю інференсу та точністю детекції, роблячи модель придатною як для застосувань реального часу, так і для задач, що вимагають високої точності.

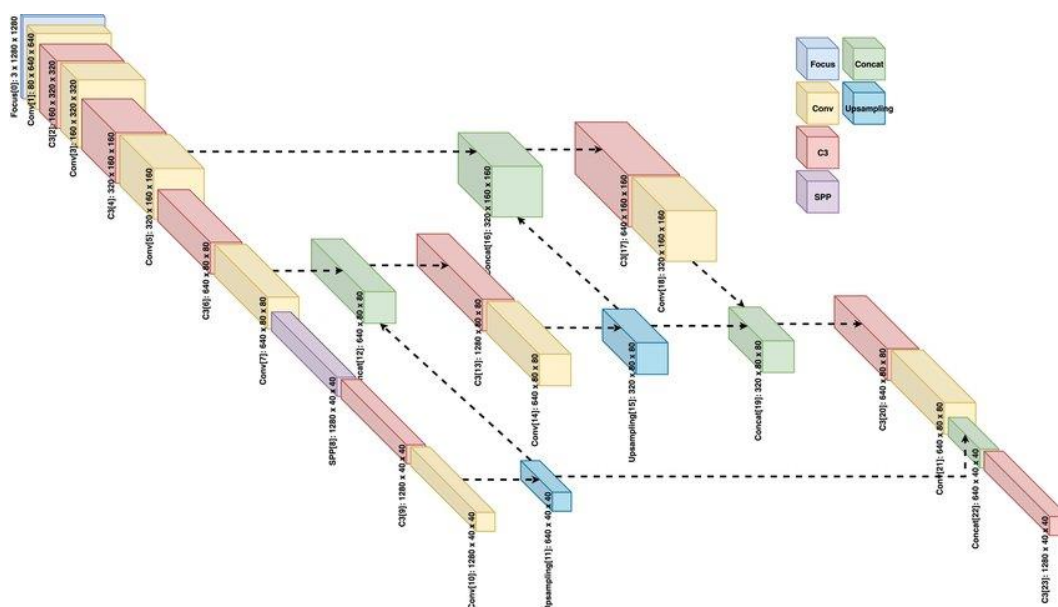


Рисунок 2.10 – архітектура YOLOv5x

У цьому проєкті застосовано великий медичний набір даних Lung-PET-CT-Dx, який містить більше ніж 250 тисяч DICOM-зображень. Зображення були отримані шляхом КТ-сканування (СТ) та ПЕТ-КТ (ПЕТ/СТ) пацієнтів, у яких підозрювався рак легень. Для кожного пацієнта виконано біопсію, а остаточний діагноз встановлювався патогістологічно.

Усі пухлини були розмічені п'ятьма експертами-рентгенологами з використанням програми LabelImg, а координати збережені у форматі PASCAL VOC (.xml).

Кожен пацієнт мав прив'язаний діагноз:

- A – аденокарцинома (Adenocarcinoma)
- B – дрібноклітинний рак (Small Cell Carcinoma)
- E – великоклітинний рак (Large Cell Carcinoma)
- G – плоскоклітинний рак (Squamous Cell Carcinoma)

Оригінальний датасет не був у форматі, сумісному з YOLOv5, тому перед тренуванням було виконано низку підготовчих кроків. По-перше, зображення мали формат DICOM (.dcm), тому їх було конвертовано у PNG. Далі XML-розмітки у форматі PASCAL VOC було перетворено у YOLO-формат (class x_center y_center width height). Також було виконано:

- ресайз зображень до фіксованого розміру (512×512),
- структурування директорій у вигляді images/train, labels/train, images/val, labels/val,
- створення файлів data.yaml, train.txt, val.txt, необхідних для запуску моделі YOLOv5.

Використовувались наступні параметри для тренування моделі для детекції об'єктів:

- вхідний розмір зображень: 512×512
- кількість епох: 50
- batch size: 32
- вага початкової моделі: yolov5x.pt
- використання GPU (--device 0)

Під час тренування автоматично велося логування ключових метрик за допомогою сервісу Weights & Biases (wandb.ai). Серед показників, що відслідковувалися:

- Recall – вказує, яку частку всіх реальних пухлин модель змогла виявити.

- Precision – показує, яка частка знайдених пухлин справді є пухлинами, а не хибнопозитивним результатом.
- mAP@0.5 — показує, наскільки добре модель знаходить пухлини, якщо вважати правильним передбаченням, де рамка моделі перекриває справжню пухлину хоча б на 50%.
- mAP@0.5:0.95 — більш суворий показник, який враховує точність при різних рівнях допустимого перекриття від 50% до 95%.

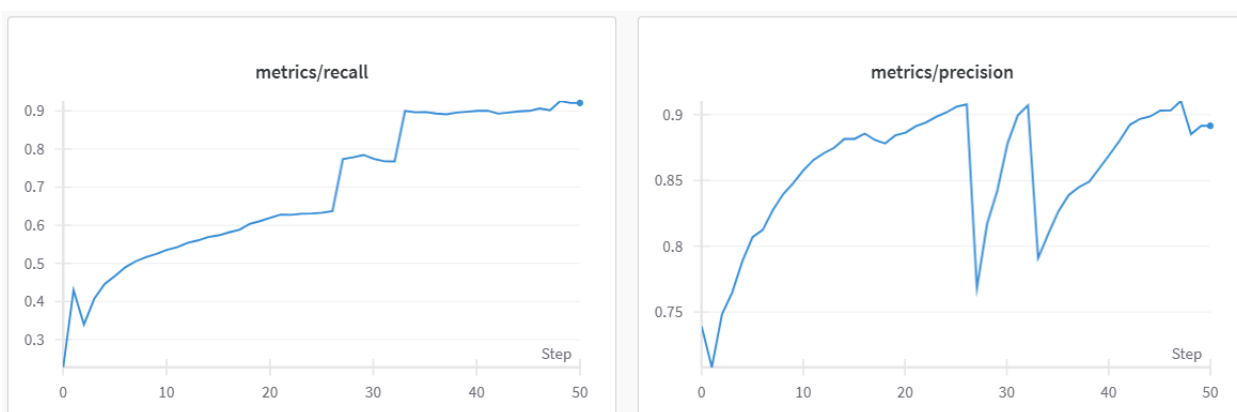


Рисунок 2.11 – графіки recall і precision

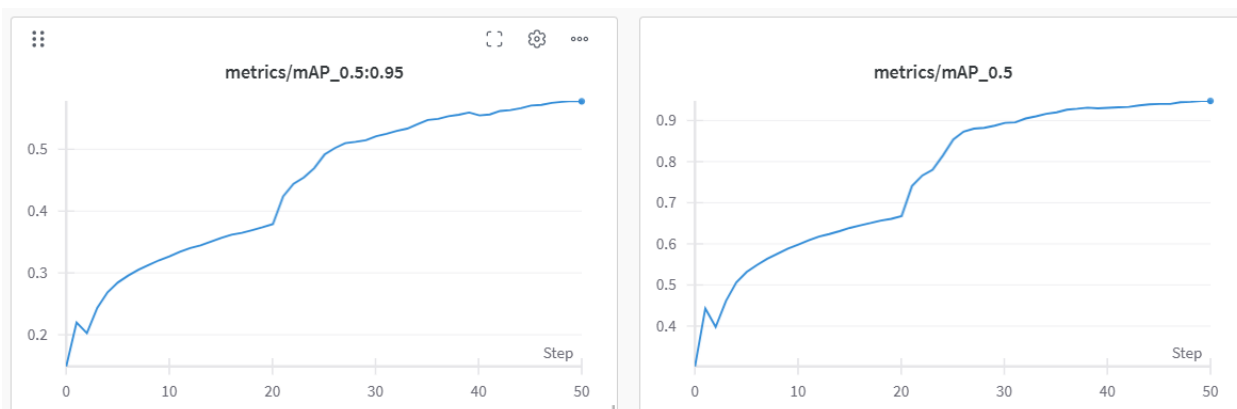


Рисунок 2.12 – Графіки mAP_0.5:0.95 і mAP_0.5

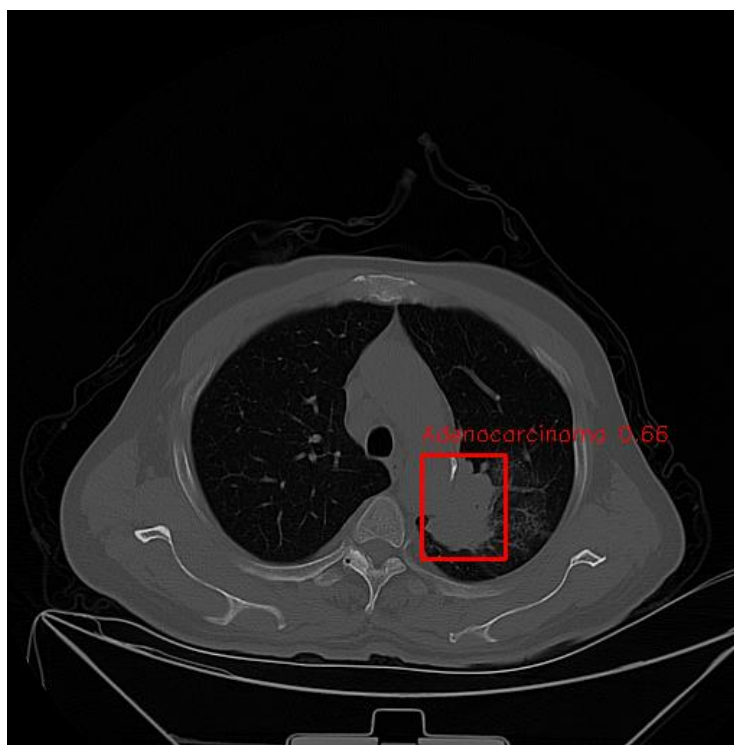


Рисунок 2.13 – Результат роботи моделі (легені, вид зверху)

Загальна інформація про навчання моделі та отримані результати узагальнена в таблиці 2.3.

Таблиця 2.3 – Характеристики YOLO-моделі

Модель	Зображень	Recall	Precision	mAP@0.5	mAP@0.5:0.95
YOLOv5x	~250,000	0.92	0.89	0.94	0.57

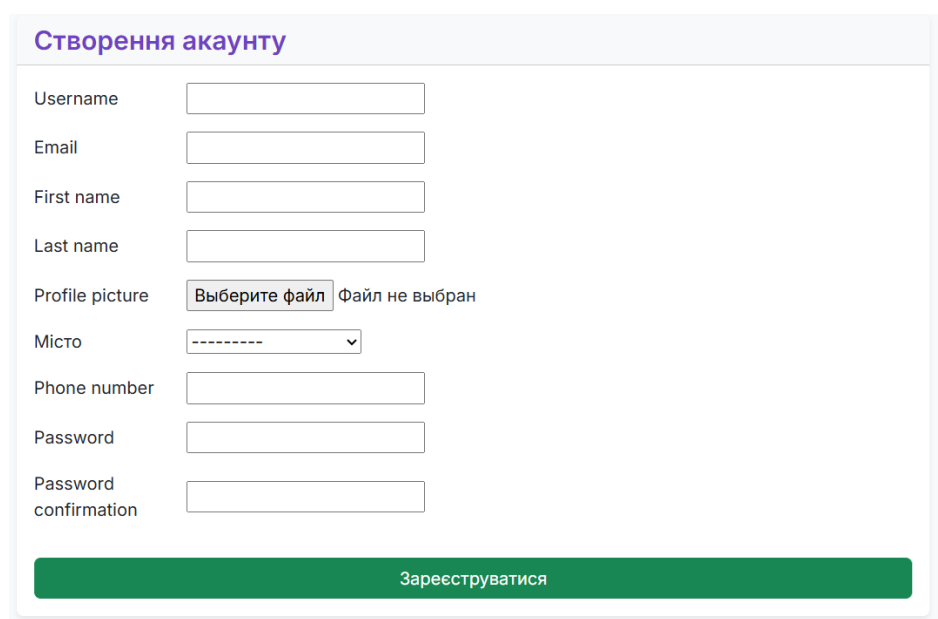
Для навчання моделі локалізації та класифікації пухлин легень було використано відкритий датасет Lung-PET-CT-Dx [20], доступний через ресурс TCIA (The Cancer Imaging Archive). Цитування набору даних згідно з вимогами TCIA наведено у переліку використаних джерел.

Код запуску та консольний вивід результатів навчання моделі наведені в Додатку В.

2.4 Реалізація функціоналу сайту

Для забезпечення зручної взаємодії користувача з інтелектуальною системою було реалізовано повнофункціональний вебінтерфейс, який охоплює всі етапи роботи: від реєстрації нового користувача до отримання результатів діагностики та перегляду персональної історії. Сайт створений з використанням фреймворку Django та відповідає сучасним вимогам до інформаційних медичних систем.

Реєстрація та активація облікового запису: Після переходу на сторінку реєстрації користувач має змогу створити обліковий запис. Одразу після заповнення форми на вказану електронну адресу надсилається лист із посиланням для підтвердження реєстрації.



The image shows a registration form titled "Створення акаунту" (Account Creation). The form contains the following fields and elements:

- Username:
- Email:
- First name:
- Last name:
- Profile picture: Файл не выбран
- Місто:
- Phone number:
- Password:
- Password confirmation:

At the bottom of the form is a green button labeled "Зареєструватися" (Register).

Рисунок 2.14 – сторінка реєстрації

Механізм скидання пароля: У випадку втрати доступу до облікового запису користувач може скористатися формою скидання пароля. На вказаний email надсилається посилання для відновлення доступу. Функціонал реалізовано з використанням вбудованих механізмів Django.

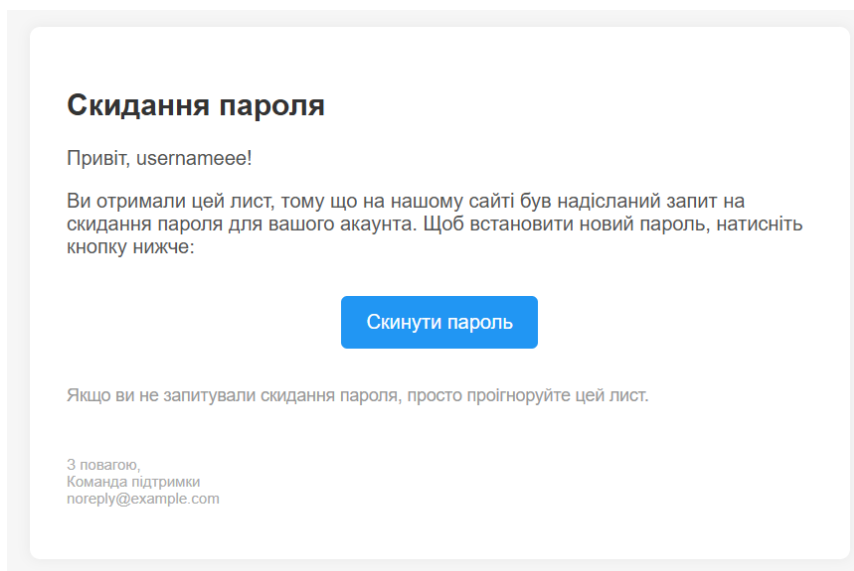



Рисунок 2.15 – повідомлення про скидання пароля

Особистий кабінет користувача: У профілі відображається базова персональна інформація, статус доступу, а також статус прив'язки до Telegram. Користувач має змогу редагувати власний профіль. Якщо пошта користувача належить до спеціальної доменної зони, статус доступу автоматично оновлюється до розширеного (`is_advanced_user=True`).

Редагування профілю



Змінити фото:

Currently: [profiles/974ccb5a-9ca7-4bd2-b9af-1bd7e41070ac.jpg](#) Clear

Change: Файл не выбран

Ім'я

Прізвище

Email

Телефон

Місто

Рисунок 2.16 – сторінка редагування профілю

Завантаження даних до моделей: Вебінтерфейс підтримує завантаження даних до різних моделей машинного навчання. Основні методи вводу включають: ручне введення значень, завантаження одного зображення

(доступно всім користувачам), групове завантаження зображень або CSV (доступно лише користувачам з розширеним доступом).

LeukemiaVision
Інтелектуальна класифікація периферичних мазків крові

Як працює LeukemiaVision?

LeukemiaVision — це високоточна модель штучного інтелекту, створена для автоматичного виявлення гострого лімфобластного лейкозу (ALL) та його підтипів на основі зображень периферичних мазків крові. Модель допомагає мінімізувати людські помилки під час первинної діагностики та прискорює процес скринінгу.

Що означають результати класифікації:

- **Benign** — нормальні клітини крові, без ознак лейкемії.
- **Early Pre-B** — рання стадія розвитку лімфобластів, можливий початок захворювання.
- **Pre-B** — проміжна стадія розвитку патологічних клітин, характерна для ALL.
- **Pro-B** — пізня та агресивна форма B-клітинного лейкозу.

Навчальний набір	6512 зображень мазків крові
Медичні параметри	Кольорові зображення клітин, сегментовані за допомогою HSV-обробки зі 100× збільшенням
Архітектура моделі	ResNet34, адаптована для багатокласової класифікації, оптимізатор Adam, функція втрат CrossEntropy
Точність моделі	99.85% точності на тестовому наборі

LeukemiaVision призначена для використання медичними працівниками як інструмент підтримки рішень. Вона не замінює клінічну діагностику, але дозволяє швидше та точніше ідентифікувати потенційні ризики для подальшого обстеження.

Завантаження зображень

Вибрати файли Файл не вибран

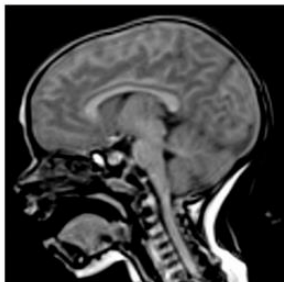
Класифікувати

Рисунок 2.17 – сторінка взаємодії з LeukemiaVision

Крім того, для кожної моделі реалізовано підтримку генерації результатів у форматах PDF, CSV, Excel та ZIP. Також ждя моделі LungYolo реалізовано функцію створення відеоролика у форматі MP4 на основі серії оброблених зображень. Якщо в ході діагностики система опрацювала серію рентгенівських зображень легень, то після завершення аналізу користувач має можливість скористатися кнопкою «Завантажити відео КТ з анотаціями пухлин». Система послідовно об’єднує всі анотовані (тобто знімки з нанесеними моделлю LungYOLO позначками виявлених областей) та не анотовані зображення в один відеофайл стандарту MP4. Такий формат представлення результатів дозволяє переглядати всю серію знімків у вигляді безперервного відеоряду, що полегшує сприйняття динаміки змін та є зручним для демонстрації результатів.

Model: BrainScanPro
 Generated on: 18.05.2025 09:21
 File: img.png
 Predicted Class: notumor
 Class Probabilities:

- glioma: 0.00%
- meningioma: 0.05%
- notumor: 99.94%
- pituitary: 0.00%



Note: This result was generated by an AI-based diagnostic support system. While the model provides predictions based on medical imaging, it is not a substitute for professional clinical judgment. All results should be interpreted by qualified healthcare professionals in the context of the full clinical picture.

Рисунок 2.18 – експортований PDF-звіт однієї з моделей

Підтримка DICOM у LungYOLO: У межах функціоналу завантаження даних до моделі LungYOLO додано підтримку медичного формату зображень DICOM (.dcm). При надходженні DICOM-файлу система автоматично конвертує його у графічний формат PNG для подальшої обробки.. Такий підхід дає змогу використовувати зображення, отримані безпосередньо з медичного обладнання (рентгенівські знімки, КТ тощо), без ручної конвертації, що значно підвищує зручність роботи з додатком.

Використання UID як імені зображення: Реалізовано опцію автоматичного присвоєння завантаженим DICOM-знімкам імен файлів на основі їхнього унікального ідентифікатора (UID), який міститься у метаданих зображення. Якщо користувач встановить прапорець «Використовувати UID з DICOM як назву файлу» під час завантаження, система замінить оригінальну назву файлу на видобутий UID. Це гарантує унікальність найменування кожного зображення та допомагає уникнути плутанини при обробці великої кількості знімків. Використання UID у назвах також полегшує інтеграцію результатів аналізу зі сторонніми медичними системами, де UID слугує основним ідентифікатором зображень.

Інтеграція з базою онкологічних клінік: Система автоматично підбирає та відображає список лікарень, що спеціалізуються на лікуванні онкологічних захворювань, відповідно до міста, вказаного у профілі користувача. Інформація оновлюється централізовано через Django admin.

Лікарні у вашому місті

Зверніть увагу:
Наведено лише частину закладів, що спеціалізуються на лікуванні онкологічних захворювань. Ви також можете звернутись до інших медичних центрів за власним вибором. Представлені лікарні не є рекламowanими або пріоритетними — ми не отримували оплату за їх згадування.

Онкологічна клініка Крокус

Адреса: вул.Садова, 1-А, с.Новосілки, Київська обл., 03027 Україна

Телефони: +38067 7776238, +38063 7776232

Email: info@krocus.com.ua

Сайт: <https://krocus.com.ua/>

Інформація про клініку (назва, адреса, телефонні номери, вебсайт та опис) була зібрана з відкритих джерел, зокрема з офіційних сайтів закладів. Опис клініки взято без змін з офіційного сайту станом на 08.05.2025. Ми не гарантуємо повну актуальність контактних даних, оскільки вони могли змінитися після останнього оновлення. Якщо ви помітили неточності, бажаєте оновити або вилучити інформацію про свою клініку, будь ласка, зверніться за адресою: biolhazov2021ks13@student.karazin.ua

Київський міський клінічний онкологічний центр

Адреса: 03115, м. Київ, вул. Верховинна, 69

Телефони: +38(044) 365 07 05, +38(044) 365 04 10, +38(044) 450 75 76

Email: kmkoc.kiev@gmail.com

Сайт: <https://onko.com.ua/>

Інформація про клініку (назва, адреса, телефонні номери, вебсайт та опис) була зібрана з відкритих джерел, зокрема з офіційних сайтів закладів. Опис клініки взято без змін з офіційного сайту станом на 08.05.2025. Ми не гарантуємо повну актуальність контактних даних, оскільки вони могли змінитися після останнього оновлення. Якщо ви помітили неточності, бажаєте оновити або вилучити інформацію про свою клініку, будь ласка, зверніться за адресою: biolhazov2021ks13@student.karazin.ua

Рисунок 2.19 – список лікарень в місті користувача

Історія діагностичних результатів: На окремій сторінці користувач може переглядати власну історію результатів, які автоматично зберігаються після кожного звернення до моделі. Дані згруповані за моделями та датами. Користувач має змогу очистити всю історію одним натисканням.

Моя історія діагнозів

BrainScanPro

- 18.05.2025 06:21 — (1 зображення)
 - Результат:** notumor
 - Файл:** img.png
- 18.05.2025 06:21 — (1 зображення)
- 18.05.2025 02:44 — (6 зображення)

LungYOLO

Рисунок 2.20 – історія діагнозів користувача

База знань: Для зручності користувачів у системі реалізовано розділ “База знань”, що містить структуровані та зрозумілі відповіді на поширені запитання, пов’язані з онкологією. Інформація має ознайомчий характер і спрямована на підвищення обізнаності користувачів щодо ключових понять, ризиків і типів захворювань. Таким чином, база знань доповнює функціонал системи як освітній ресурс.

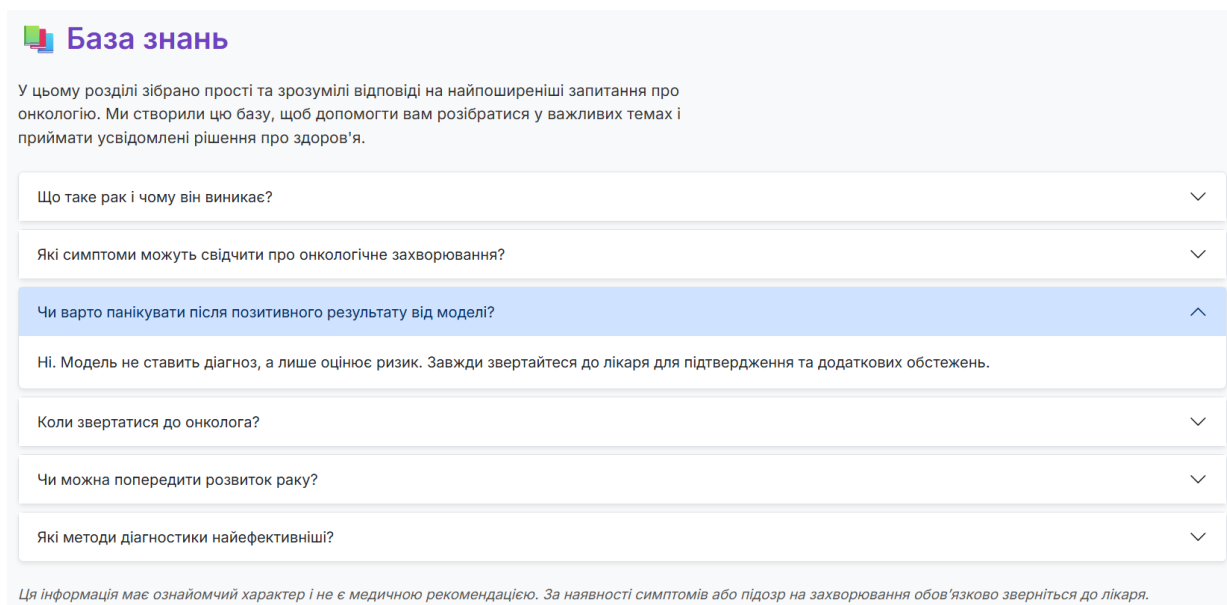


Рисунок 2.21 – сторінка бази знань

Головна сторінка: На головній сторінці представлено загальну інформацію про проєкт, мету розробки, перелік моделей та сфери їхнього застосування.

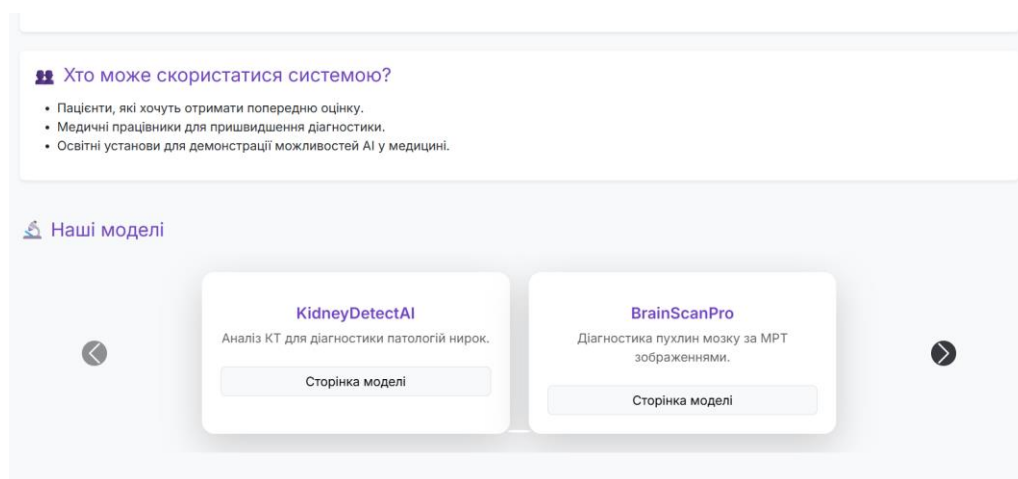


Рисунок 2.22 – головна сторінка сайту (нижня частина)

Переваги розширеного доступу: Для підвищення ефективності використання системи було реалізовано функціональну сторінку, яка наочно демонструє відмінності між звичайним та розширеним доступом. Ця сторінка слугує довідковим інструментом для користувачів, які розглядають можливість подачі заявки на додаткові можливості.

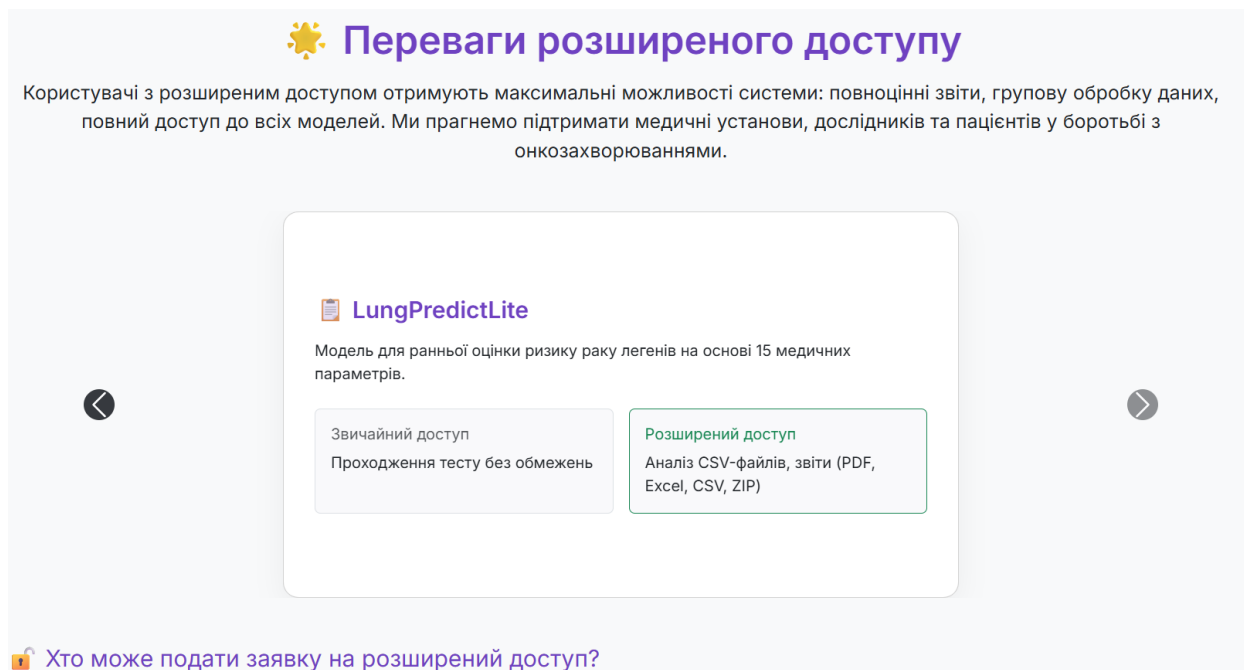


Рисунок 2.23 – сторінка інформації про розширений доступ

Прив'язка Telegram-акаунту: Однією з додаткових можливостей системи є інтеграція з месенджером Telegram. Це дозволяє користувачам оперативно отримувати результати діагностики, повідомлення та нагадування безпосередньо через бот. Реалізація такого функціоналу значно покращує взаємодію користувача із системою, дозволяє скоротити час очікування та забезпечити зручний доступ до персональних результатів.

Цей функціонал розроблено з урахуванням вимог до безпеки, валідації кодів та перевірки унікальності Telegram-профілів, пов'язаних з обліковими записами сайту.

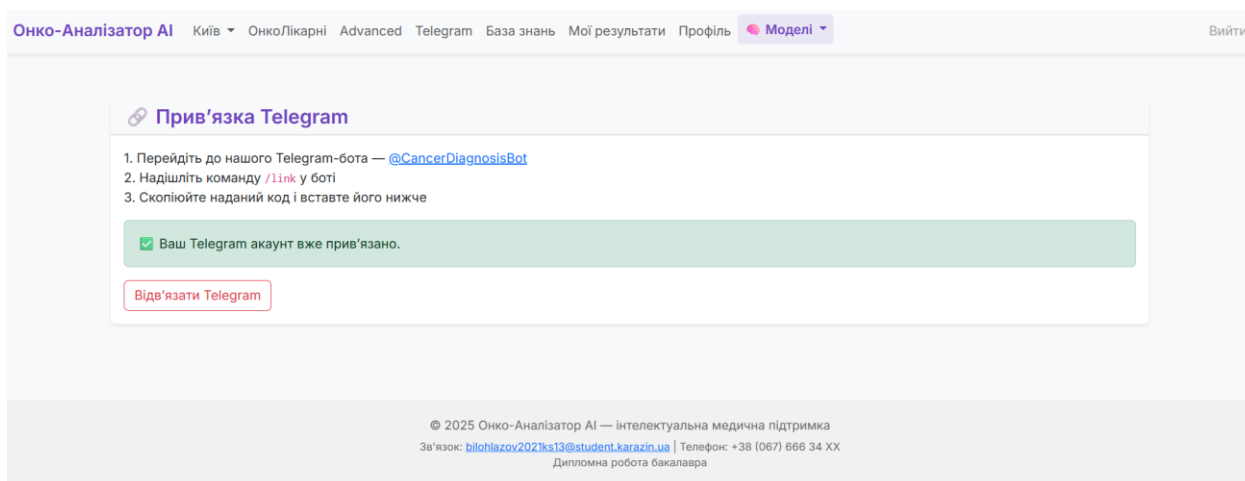


Рисунок 2.24 – сторінка взаємодії з Telegram

Надсилання звітів у Telegram: Реалізовано можливість для користувачів з розширеним доступом надсилати результати діагностики безпосередньо у свій Telegram-акаунт, яка стає доступною відразу після генерації результатів та підтримує передачу звітів у різних форматах: PDF, CSV, Excel, а також зображень з анотаціями. Для використання цієї функції користувач повинен попередньо прив'язати свій обліковий запис Telegram до профілю на сайті. Після успішної прив'язки на сторінці з результатами з'являється кнопка для надсилання.

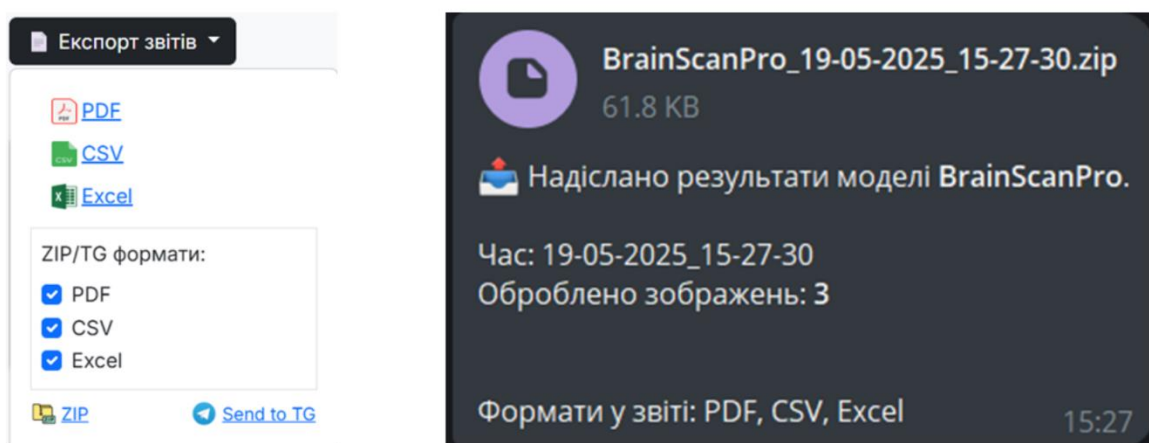


Рисунок 2.25 – Інтерфейс експорту звітів на сайті та приклад отриманого звіту в Telegram-боті

2.5 Telegram-бот: логіка і взаємодія

У рамках системи було реалізовано повноцінного Telegram-бота, який дозволяє користувачам взаємодіяти з платформою безпосередньо через месенджер. Такий підхід забезпечує зручність доступу до функціоналу для тих користувачів, які не бажають або не можуть користуватися веб-інтерфейсом. Бот підтримує дві мови: українську та англійську.

Telegram-бот підтримує такі ключові команди:

- /start — вітальне повідомлення з вибором мови.
- /link та /unlink — прив'язка або відв'язка акаунту.
- /info – інформація про можливості бота.
- /myprofile — перегляд інформації профілю користувача.
- /setphoto — оновлення фотографії профілю.
- /hospitals — відображення списку онкологічних закладів у поточному місті користувача.
- /setcity [місто] — оновлення міста проживання.
- /language, /lang_uk, /lang_en — перемикання мови інтерфейсу.

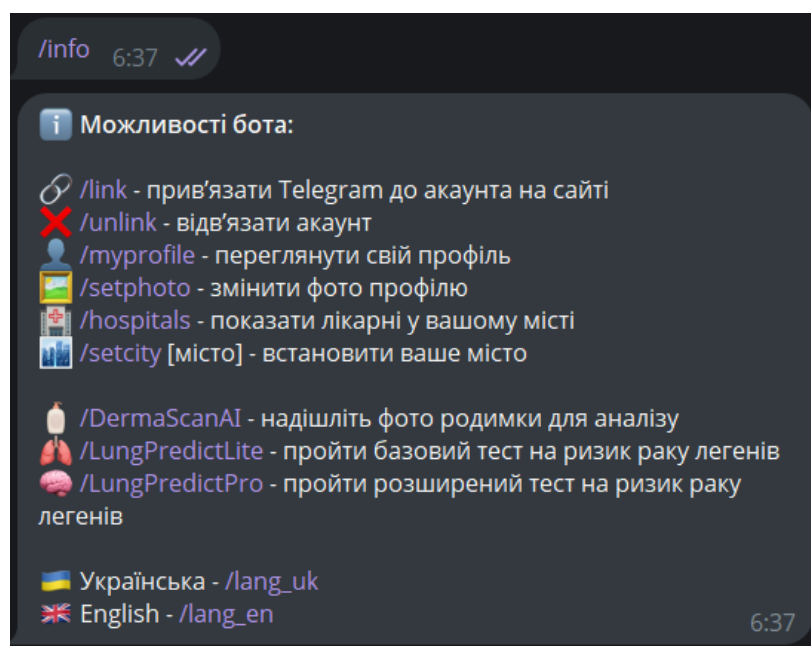


Рисунок 2.25 – приклад команди /info

Було інтегровано три ML-моделі, доступні безпосередньо через бот:

- /DermaScanAI — модель для аналізу фотографій родимок. Користувач надсилає зображення, після чого отримує класифікацію (доброякісна / злоякісна). У разі підозри на злоякісність додається попередження і пропозиція звернутися до лікаря.
- /LungPredictLite — базова модель оцінки ризику раку легенів. Користувач проходить послідовне анкетування, після чого отримує рівень ризику (низький, середній, високий).
- /LungPredictPro — розширена модель прогнозу, яка включає більшу кількість показників (включаючи сатурацію, історію хвороб, рівень енергії, сімейний анамнез тощо). Результат доповнюється персоналізованою рекомендацією.

Усі відповіді користувачів обробляються поетапно. Кожен користувач проходить анкету в діалозі, після чого модель генерує прогноз. Результат зберігається у базі даних.

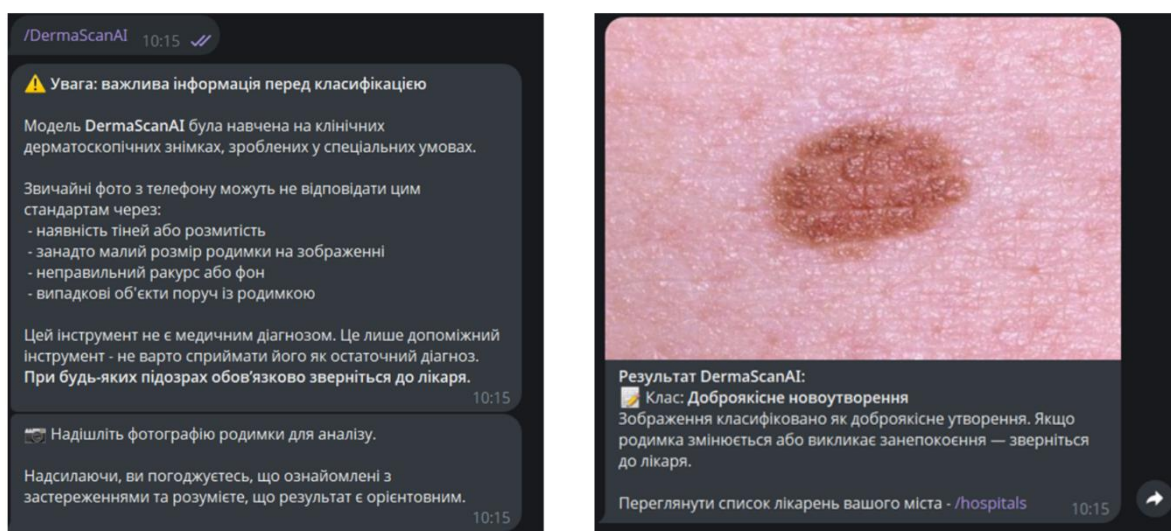


Рисунок 2.26 – виконання команди /DermaScanAI

Telegram-бот суттєво підвищує доступність функцій системи та може використовуватись як альтернативний канал для скрінінгу в умовах обмеженого інтернет-доступу або для швидкої перевірки без входу на сайт.

2.6 Система прав доступу

Для забезпечення контролю за використанням ресурсоемних функцій та звітності, система підтримує дворівневу модель прав доступу. Відмінності між рівнями стосуються обсягу функціональності.

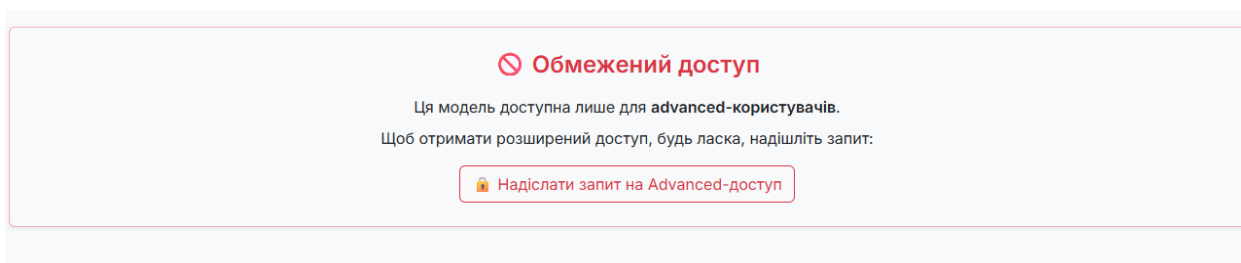


Рисунок 3.28 – обмежений доступ до моделі для звичайного користувача

Система передбачає два способи отримання розширеного доступу:

- через заповнення заявки в інтерфейсі сайту.
- автоматично, якщо користувач реєструється з корпоративної поштової адреси.

Обмежений доступ

Ця модель доступна лише для **advanced-користувачів**.
Щоб отримати розширений доступ, будь ласка, надішліть запит:

[Надіслати запит на Advanced-доступ](#)

Форма запити: Вкажіть причину запити або додаткову інформацію.

Чи працюєте ви в лікарні?

Назва лікарні (якщо так):

Мета отримання розширеного доступу:

Контактна пошта:

Контактний телефон:

[Відправити запит](#)

Рисунок 3.29 – форма запити на розширений доступ

Для кращої наочності таблиця 3.4 охоплює ключові функції, доступні в системі, та дозволяє чітко побачити різницю між рівнями доступу.

Таблиця 2.4 – Порівняння прав доступу

Функціонал	Звичайний користувач	Розширений користувач
Доступ до моделей	LungPredictLite, LungPredictPro, DermaScanAI, KidneyDetectAI, BrainScanPro	Всі моделі
Групове завантаження зображень	Ні	Так
Завантаження CSV-файлів	Ні	Так
Генерація звітів (PDF, Excel, CSV, MP4, ZIP)	Ні	Так
Історія результатів	Ні	Так

2.7 Труднощі та компроміси

У процесі розробки інтелектуальної системи діагностики виникали різнопланові виклики — як технічного, так і організаційного характеру. Багато з них вимагали нестандартних рішень, гнучкого підходу до реалізації, компромісів між зручністю користувача та технічними обмеженнями, а також ретельної перевірки кожного етапу впровадження. Нижче наведено основні труднощі, з якими довелося зіткнутися:

1. Тривалий і складний процес навчання моделей

Однією з найсерйозніших проблем став час, необхідний для навчання моделей, особливо тих, які працюють із зображеннями (наприклад, ResNet34, YOLOv5). Навчання однієї моделі могло тривати від 1 до 20 годин, навіть на GPU з підтримкою прискорення обчислень. Перед самим навчанням значну кількість часу займала підготовка датасетів: конвертація зображень з формату DICOM у PNG, анотація, перевірка точності розмітки, нормалізація вхідних даних, формування структури папок, конфігураційних файлів, а також перевірка балансу класів.

2. Відмова від окремого API для Telegram-бота

Ще одним нетривіальним рішенням було уникнення повноцінного REST API між сайтом та Telegram-ботом. Замість стандартної архітектури з API було обрано шлях прямої взаємодії бота з базою даних Django за допомогою асинхронних викликів (через `asgiref.sync`). Це дозволило значно скоротити час реалізації, але потребувало особливої уваги до безпеки, збереження зв'язку між Telegram-акаунтом і користувачем сайту, а також до синхронізації змін. Зокрема, система прив'язки через унікальний код та обмеження доступу до функцій вимагали окремого тестування.

3. Нестандартизованість та обмеження медичних зображень

Робота з медичними зображеннями передбачала значну варіативність їх форматів. В датасеті використовувались DICOM-зображення, що вимагають спеціального оброблення та попередньої конвертації перед передачею до моделей. До зображень були надані анотації у форматі XML (Pascal VOC), які не підтримуються деякими сучасними фреймворками, тому виникала потреба у створенні власних скриптів для їх перетворення у формат YOLO (TXT).

4. Гнучке обмеження доступу для звичайних користувачів

Оскільки в системі реалізовано поділ на звичайних і розширених користувачів, необхідно було забезпечити справедливу логіку обмежень. Наприклад, звичайний користувач не може завантажити більше ніж 3 зображення на день, не має доступу до звітів або до історії діагнозів. Водночас ці обмеження не мали створювати відчуття неповноцінного функціоналу. Було реалізовано повідомлення про обмеження з поясненням, а також можливість подати запит на розширений доступ через вбудовану форму.

5. Багатомовність Telegram-бота

Для підвищення доступності та зручності взаємодії з Telegram-ботом було впроваджено підтримку двох мов: української та англійської. Хоча Telegram дозволяє реалізовувати мультимовні інтерфейси, він не надає вбудованих засобів для повноцінної локалізації команд і повідомлень. Тому було використано готові бібліотечні підходи до мультимовності, зокрема словникові структури та асоціацію користувача з вибраною мовою. Разом із тим, реалізація виявилась доволі трудомісткою. Потрібно було для кожної команди та повідомлення передбачити окремі варіанти текстів обома мовами, структурувати їх у спеціальний модуль, а також стежити за тим, щоб вибір мови зберігався й використовувався при кожній взаємодії.

2.8 Висновки до розділу

У цьому розділі реалізовано інтелектуальну систему, що поєднує вебзастосунок і Telegram-бот для діагностики онкологічних захворювань за допомогою нейронних мереж. Система охоплює повний цикл взаємодії — від реєстрації до отримання результатів і збереження історії діагнозів.

Завдяки комплексному підходу вдалося об'єднати кілька типів моделей (класифікація зображень, обробка опитувальників, виявлення об'єктів) в єдиному інтерфейсі. Рівень доступу користувачів (звичайний або розширений) впливає на функціонал, що дозволяє гнучко керувати можливостями без перевантаження системи.

Проект побудовано на Django з базою даних PostgreSQL. Telegram-бот інтегровано напряду через базу, без додаткового API, що спростило архітектуру. Передбачено зручну структуру моделей, генерацію звітів, підтримку декількох мов, історію результатів і обробку зображень.

Основні переваги підходу: модульність, масштабованість, зручність та розширюваність. У майбутньому систему можна доповнити новими моделями, REST API, мобільним застосунком та автоматичним аналізом великих наборів даних.

3 РЕЗУЛЬТАТИ ДОСЛІДЖЕННЯ ТА ЇХ ОЦІНКА

3.1 Досягнення поставленої мети

На початку роботи було сформульовано наступну мету: створення інтелектуальної системи, яка дозволяє користувачам здійснювати попередню діагностику онкологічних захворювань за допомогою декількох моделей машинного навчання, через єдиний інтерфейс — як вебзастосунок, так і Telegram-бот. Система мала бути доступною для різних категорій користувачів, з урахуванням рівня доступу, зручною, масштабованою та здатною до подальшого розширення.

У ході реалізації було створено повноцінний вебсервіс на базі фреймворку Django, який включає:

- підтримку декількох моделей (як на основі табличних даних, так і зображень);
- систему розмежування прав доступу (звичайний і розширений користувач);
- зручну форму завантаження даних та отримання результатів;
- автоматичне формування звітів (PDF, Excel, CSV, MP4);
- збереження історії результатів;
- Telegram-бот з двомовною підтримкою та інтеграцією ключових моделей.

Таким чином, поставлена мета була повністю досягнута. Система відповідає сучасним вимогам до медичних інформаційних сервісів: вона інтуїтивна, захищена, адаптивна до різних сценаріїв використання (пацієнти, лікарі, дослідники) і має потенціал подальшого розвитку.

3.2 Виконання поставлених завдань

На етапі постановки мети було визначено перелік завдань, необхідних для досягнення основної мети дослідження. У цьому підрозділі надається коментар до кожного з них із зазначенням, як саме і на якому етапі проєкту воно було реалізовано.

1. Проаналізувати наукові дослідження щодо застосування штучного інтелекту в онкологічній діагностиці.

У межах роботи було проведено огляд сучасної наукової літератури, що висвітлює використання алгоритмів машинного навчання для виявлення онкологічних захворювань на основі зображень та табличних даних. Розглянуто як академічні дослідження, так і приклади реального впровадження. Див. 1.2, 1.3, 1.4, 1.5 і 2.3.

2. Реалізувати систему, яка забезпечує зручний доступ до моделей.

Було створено повноцінний вебінтерфейс на базі Django, який дозволяє користувачам легко взаємодіяти з моделями. Крім того, реалізовано Telegram-бота з підтримкою основних моделей, що розширює доступність системи. Реалізація описана в розділах 2.2, 2.4 та 2.5.

3. Забезпечити можливість безпечної роботи користувача з даними.

Реалізовано систему авторизації, підтвердження email. Доступ до функцій поділено на два рівні: для звичайних користувачів і для розширених. Це дозволяє обмежити використання складного функціоналу тими, хто не має достатнього досвіду, та уникнути неправильного трактування результатів. Для безпечної прив'язки Telegram-бота до акаунту на сайті генерується одноразовий код, який користувач самостійно вводить у відповідному полі. Див. 2.4, 2.5 і 2.6.

4. Надати користувачам корисні рекомендації відповідно до результатів.

Після отримання результату користувачеві надаються індивідуальні рекомендації, сформовані відповідно до виявленого рівня ризику. У разі

виявлення високого рівня ризику користувачеві надається перелік медичних закладів у його місті, до яких рекомендовано звернутися для подальшого обстеження та консультації. Див. 2.4 і 2.5.

5. Побудувати систему гнучкого управління правами доступу.

Впроваджено чітку систему ролей: звичайні користувачі мають базовий функціонал, розширені — повний доступ до моделей, історії, звітів. Реалізація викладена у підрозділі 2.6.

6. Забезпечити підтримку кількох мов.

Telegram-бот підтримує українську та англійську мови, включно з перекладом команд, інструкцій, результатів. Механізм реалізований через словник відповідей та обробку стану користувача. Див. 2.5.

7. Реалізувати формування результатів у вигляді звітів.

Після аналізу результатів користувач може експортувати їх у форматах PDF, CSV, Excel, MP4, ZIP. Див. 2.4.

8. Реалізувати додатковий канал взаємодії через Telegram-бот.

Telegram-бот дозволяє користувачеві пройти тест, надіслати фото, змінити місто, отримати рекомендації, переглянути профіль. Прив'язка акаунта здійснюється за одноразовим кодом. Див 2.5.

Таким чином, усі поставлені завдання були виконані повною мірою. Система реалізована відповідно до первинного плану, і демонструє функціональну завершеність, інтегрованість і придатність до практичного використання.

3.3 Оцінка отриманих результатів

Результати реалізованої системи підтверджують її ефективність у розв'язанні поставленої задачі – створення доступного, зручного та функціонального інструменту для попередньої діагностики онкологічних захворювань.

Усі компоненти системи – як вебінтерфейс, так і Telegram-бот – успішно пройшли етап інтеграції та функціонують як єдина екосистема. Завдяки зручній формі введення, користувачі можуть надсилати медичні зображення, проходити опитування, переглядати результати та отримувати рекомендації. Система адаптується до рівня доступу: розширені користувачі отримують додаткові переваги у вигляді звітів, групового аналізу, історії результатів.

Успішна робота моделей підтверджується як внутрішнім тестуванням, так і якістю прогнозів. Наприклад:

- модель DermaScanAI (на основі ResNet34) демонструє точність понад 98% на тестовому наборі з клінічних зображень;
- модель LungPredictLite дозволяє швидко оцінити ризик раку легенів на основі 15 факторів, зручна для не технічних користувачів;
- модель LungYOLO візуалізує локалізацію підозрілих зон на КТ-знімках, що дозволяє покращити сприйняття результату навіть без медичних знань.

Користувачі отримують відповіді не лише у вигляді сухих класів чи рівнів ризику, але й у вигляді персоналізованих рекомендацій та звітів.

Разом з тим, система має певні обмеження:

- Залежність від якості вхідних зображень. Звичайні фотографії, зроблені телефоном, не завжди відповідають клінічним стандартам, що особливо важливо для моделей аналізу шкіри. Це може впливати на точність прогнозу.
- Обмеження для звичайних користувачів. Із міркувань безпеки та оптимального розподілу ресурсів, звичайні користувачі мають обмежений функціонал: лише базові моделі, обмеження на кількість завантажень, відсутність історії та експорту.

- Відсутність REST API. Telegram-бот працює напряму з базою даних, без проміжного API. Це спрощує реалізацію, але обмежує можливості інтеграції зі сторонніми сервісами у майбутньому.

Попри ці обмеження, система успішно виконує своє призначення: надає користувачам можливість отримати попередній аналіз за допомогою сучасних ML-моделей, у зручній та доступній формі.

3.4 Порівняння з існуючими підходами

Розроблена система повністю відповідає актуальним світовим тенденціям у сфері медичних інформаційних технологій. Одним із ключових напрямів сьогодення є використання ML для скринінгу та попередньої діагностики – саме цей підхід і було покладено в основу реалізації.

На відміну від традиційних інструментів, які орієнтовані виключно на професійне використання у клініках і часто потребують складного налаштування, запропонована система робить акцент на доступність для широкого кола користувачів. Користувач може взаємодіяти з нею як через вебінтерфейс, так і через Telegram-бот — це забезпечує багатоканальність, що є важливою вимогою в сучасних умовах мобільного та віддаленого доступу до медичних сервісів.

Перевагами розробленої системи у порівнянні з багатьма існуючими рішеннями є її загальна простота у використанні — інтерфейс інтуїтивно зрозумілий і не потребує спеціальних знань у галузі медицини чи програмування, що особливо важливо для звичайних користувачів. Система є повністю безкоштовною у базовій версії, а розширений доступ може бути наданий безоплатно за запитом, що робить її привабливою для закладів освіти, дослідницьких організацій і лікарів. Також вона демонструє високу гнучкість і масштабованість: легко адаптується до нових типів моделей, форматів вхідних даних чи мов інтерфейсу. Завдяки модульній архітектурі нові моделі

можуть інтегруватися без потреби зміни основного коду. Важливою перевагою є і відсутність комерційних обмежень — на відміну від багатьох закритих рішень, ця система відкрита до подальших змін, адаптації та розвитку, що дозволяє активно використовувати її у навчальних і дослідницьких цілях.

Таким чином, система не лише відповідає сучасним технологічним стандартам, а й має практичні переваги, які дозволяють їй бути ефективним і доступним інструментом у реальних умовах.

3.5 Галузі потенційного використання

Система має широкий потенціал практичного застосування в різних сферах. Передусім, вона може бути інтегрована в медичні установи, поліклініки, діагностичні кабінети або лікарські амбулаторії як допоміжний інструмент для первинного скринінгу пацієнтів. Такий підхід дозволяє швидко обробляти великі обсяги даних, виявляти пацієнтів із підвищеним ризиком та спрямовувати їх до подальшого обстеження.

Окремим напрямком використання є освітні установи — медичні факультети, коледжі та інші навчальні заклади. Система може слугувати наочним прикладом застосування сучасних методів штучного інтелекту в медицині, демонструючи принципи роботи нейронних мереж, обробки даних і побудови інтерфейсів користувача.

Крім того, система є корисною для пацієнтів, які хочуть самостійно пройти базовий скринінг або отримати попередню оцінку на основі своїх симптомів чи медичних зображень. Простий інтерфейс, доступ через браузер і Telegram-бот, а також рекомендації після кожного результату роблять її зручною для використання без спеціальної підготовки.

3.6 Значущість роботи

З наукової точки зору, було здійснено практичну реалізацію системи, що поєднує кілька сучасних моделей глибокого навчання, зокрема ResNet та YOLOv5, для вирішення прикладних задач медичної діагностики. Було показано, як ці моделі можна адаптувати до реальних сценаріїв роботи з медичними зображеннями та опитувальниками, інтегрувати в єдиний програмний інтерфейс і забезпечити стабільну взаємодію з користувачем.

У соціальному аспекті система підвищує доступність до інструментів первинної діагностики. Пацієнти можуть отримати попередню оцінку ризику онкологічних захворювань без черг, попереднього запису або необхідності відвідувати медичний заклад. Це особливо важливо в регіонах із обмеженим доступом до вузькопрофільних фахівців.

З господарської точки зору, система має потенціал до впровадження в медичних установах як допоміжний інструмент. Вона може використовуватись для скринінгу, сортування пацієнтів за рівнем ризику, автоматичного формування попередніх висновків або збереження історії звернень. Простота інтеграції та безкоштовна модель розповсюдження робить її економічно привабливою для закладів з обмеженим бюджетом.

3.7 Висновки до розділу

У цьому розділі було узагальнено результати реалізації інтелектуальної системи для попередньої діагностики онкологічних захворювань. Система успішно поєднує вебінтерфейс і Telegram-бот, підтримує кілька моделей, генерацію звітів та гнучке управління доступом. Вона довела свою ефективність, зручність та придатність до практичного використання. Оцінено переваги розробки порівняно з наявними рішеннями, а також окреслено сфери її потенційного застосування та напрямки подальшого розвитку.

ВИСНОВКИ

У межах дипломної роботи було розроблено систему для діагностики онкологічних захворювань, яка об'єднує кілька моделей машинного навчання та забезпечує доступ до їх функціоналу як через вебінтерфейс, так і через Telegram-бота. Реалізація підтвердила можливість ефективного поєднання глибокого навчання з прикладною медичною аналітикою у зручному для користувача вигляді.

Усі поставлені на початку роботи завдання були виконані. Система забезпечує обробку зображень та табличних даних, автоматичне формування діагностичних висновків, підтримку різних рівнів доступу, формування звітів у різних форматах, збереження історії результатів та локалізацію інтерфейсу. Також було реалізовано механізм прив'язки Telegram-акаунта до облікового запису на сайті, що дало змогу взаємодіяти з моделями безпосередньо через бот.

Особливо цінним є модульний і масштабований підхід до побудови системи: кожна модель із різним типом вхідних даних інтегрована у єдину структуру. Це дозволяє надалі розширювати систему — додавати нові моделі, змінювати логіку генерації рекомендацій, інтегрувати інші канали взаємодії з користувачем (наприклад, мобільний додаток або API).

Робота має не лише наукову цінність як приклад успішного поєднання штучного інтелекту та медичних задач, але й потенціал до практичного впровадження в закладах охорони здоров'я, навчальних установах або дослідницьких групах.

ПЕРЕЛІК ДЖЕРЕЛ ПОСИЛАННЯ

1. Ardila D., Kiraly A.P., Bharadwaj S. та ін. End-to-end lung cancer screening with three-dimensional deep learning on low-dose chest computed tomography // Nature Medicine. 2019. Vol. 25(6). P. 954–961. DOI: 10.1038/s41591-019-0447-x.
URL: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31110349/>
2. McKinney S.M., Sieniek M., Godbole V. та ін. International evaluation of an AI system for breast cancer screening // Nature. 2020. DOI: 10.1038/s41586-019-1799-6. URL: <https://www.nature.com/articles/s41586-019-1799-6>
3. Campanella G., Hanna M.G., Geneslaw L. та ін. Clinical-grade computational pathology using weakly supervised deep learning on whole slide images // Nature Medicine. 2019. Vol. 25(8). P. 1301–1309. DOI: 10.1038/s41591-019-0508-1.
URL: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31308507/>
4. Zhu M., Sali R., Baba F. та ін. Artificial intelligence in pathologic diagnosis, prognosis and prediction of prostate cancer // Am J Clin Exp Urol. 2024. Vol. 12(4). P. 200–215. DOI: 10.62347/JSAE9732.
URL: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11411179/>
5. Paige Receives First Ever FDA Approval for AI Product in Digital Pathology // BusinessWire. 2021. URL: <https://www.businesswire.com/news/home/20210922005369/en/Paige-Receives-First-Ever-FDA-Approval-for-AI-Product-in-Digital-Pathology>
6. Eloy C., Marques A., Pinto J. та ін. Artificial intelligence–assisted cancer diagnosis improves the efficiency of pathologists in prostatic biopsies // Virchows Archiv. 2023. № 3. P. 595–604. DOI: 10.1007/s00428-023-03518-5. URL: <https://ouci.dntb.gov.ua/en/works/IRmBK0E4/>
7. Benjamin. Breakthrough AI tool promises to transform cancer diagnostics // XRPH Magazine. 2025. 7 квітня. URL: <https://xrphmagazine.ai/paige-ai-gets-fda-breakthrough-nod/>

8. Shao J., Ma J., Zhang Q. та ін. Predicting gene mutation status via artificial intelligence technologies based on multimodal integration (MMI) to advance precision oncology // *Seminars in Cancer Biology*. 2023. Vol. 91. P. 1–15. DOI: 10.1016/j.semcancer.2023.02.007. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1044579X23000299>
9. Kather J.N., Pearson A.T., Halama N. та ін. Deep learning can predict microsatellite instability directly from histology in gastrointestinal cancer // *Nature Medicine*. 2019. Vol. 25. P. 1054–1056. DOI: 10.1038/s41591-019-0462-y. URL: <https://www.nature.com/articles/s41591-019-0462-y>
10. Zhao Y., Xiong S., Ren Q. та ін. Deep learning using histological images for gene mutation prediction in lung cancer: a multicentre retrospective study // *The Lancet Oncology*. 2025. Vol. 26(1). P. 136–146. DOI: 10.1016/S1470-2045(24)00599-0. URL: [https://www.thelancet.com/journals/lanonc/article/PIIS1470-2045\(24\)00599-0/abstract](https://www.thelancet.com/journals/lanonc/article/PIIS1470-2045(24)00599-0/abstract)
11. Chen Q., Cherry D.R., Nalawade V. та ін. Clinical Data Prediction Model to Identify Patients With Early-Stage Pancreatic Cancer // *JCO Clinical Cancer Informatics*. 2021. № 5. P. CCI.20.00137. DOI: 10.1200/CCI.20.00137. URL: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8462624/>
12. Vittone J., Gill D., Goldsmith A. та ін. A multi-cancer early detection blood test using machine learning detects early-stage cancers lacking USPSTF-recommended screening // *npj Precision Oncology*. 2024. Vol. 8. Article № 91. DOI: 10.1038/s41698-024-00568-z. URL: <https://www.nature.com/articles/s41698-024-00568-z>
13. RadNet. Artificial intelligence – Breast // RadNet.com. URL: <https://www.radnet.com/artificial-intelligence-breast>
14. Zhu M., Sali R., Baba F. та ін. Artificial intelligence in pathologic diagnosis, prognosis and prediction of prostate cancer // *Am J Clin Exp Urol*. 2024. Vol. 12(4). P. 200–215. DOI: 10.62347/JSAE9732. URL: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11411179/>

15. Dembrower K., Crippa A., Colón E. та ін. Artificial intelligence for breast cancer detection in screening mammography in Sweden: a prospective, population-based, paired-reader, non-inferiority study // *Lancet Digital Health*. 2023. Vol. 5(10). P. e646. DOI: 10.1016/S2589-7500(23)00153-X. URL: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37690911/>
16. Shi L., Li X., Hu W. та ін. EBHI-Seg: A Novel Endoscopy Biopsy Histopathological Haematoxylin and Eosin Image Dataset for Image Segmentation Tasks // *arXiv*. 2022. arXiv:2212.00532. DOI: 10.48550/arXiv.2212.00532. URL: <https://arxiv.org/abs/2212.00532>
17. Aria M., Ghaderzadeh M., Bashash D. та ін. Acute Lymphoblastic Leukemia (ALL) image dataset // *Kaggle*. 2021. DOI: 10.34740/KAGGLE/DSV/2175623. URL: <https://www.kaggle.com/dsv/2175623>
18. Islam M.N., Hasan M., Hossain M. та ін. CT Kidney Dataset: Normal-Cyst-Tumor and Stone // *Scientific Reports*. 2022. Vol. 12(1). P. 1–4. URL: <https://www.kaggle.com/datasets/mansoordaku/ct-kidney-dataset-normal-cyst-tumor-and-stone>
19. Fanconi C. Skin Cancer: Malignant vs. Benign. Processed Skin Cancer pictures of the ISIC Archive // *Kaggle*. URL: <https://www.kaggle.com/datasets/fanconic/skin-cancer-malignant-vs-benign>
20. Li, P., Wang, S., Li, T., Lu, J., HuangFu, Y., & Wang, D. (2020). A Large-Scale CT and PET/CT Dataset for Lung Cancer Diagnosis (Lung-PET-CT-Dx) [Data set]. The Cancer Imaging Archive. URL: <https://doi.org/10.7937/TCIA.2020.NNC2-0461>

ДОДАТОК А. Програмний код навчання моделі класифікації зображень

Лістинг А.1

```
DEVICE = torch.device("cuda" if torch.cuda.is_available() else "cpu")

TRAIN_DIR = "/content/Training"
TEST_DIR = "/content/Testing"

classes = ['glioma', 'meningioma', 'notumor', 'pituitary']
num_classes = len(classes)

transform_train = transforms.Compose([
    transforms.Resize((224, 224)),
    transforms.RandomHorizontalFlip(),
    transforms.RandomRotation(15),
    transforms.ToTensor(),
    transforms.Normalize([0.485, 0.456, 0.406],
                        [0.229, 0.224, 0.225])
])

transform_val_test = transforms.Compose([
    transforms.Resize((224, 224)),
    transforms.ToTensor(),
    transforms.Normalize([0.485, 0.456, 0.406],
                        [0.229, 0.224, 0.225])
])

full_train_dataset = datasets.ImageFolder(TRAIN_DIR,
transform=transform_train)
test_dataset = datasets.ImageFolder(TEST_DIR,
transform=transform_val_test)

val_size = int(0.2 * len(full_train_dataset))
train_size = len(full_train_dataset) - val_size
train_dataset, val_dataset = random_split(full_train_dataset, [train_size,
val_size])

val_dataset.dataset.transform = transform_val_test

train_loader = DataLoader(train_dataset, batch_size=32, shuffle=True)
val_loader = DataLoader(val_dataset, batch_size=32, shuffle=False)
test_loader = DataLoader(test_dataset, batch_size=32, shuffle=False)

model = models.resnet34(pretrained=True)
model.fc = nn.Linear(model.fc.in_features, num_classes)
model = model.to(DEVICE)
```

```

criterion = nn.CrossEntropyLoss()
optimizer = optim.Adam(model.parameters(), lr=1e-4)
scheduler = optim.lr_scheduler.ReduceLROnPlateau(optimizer, mode='min',
patience=2, factor=0.5, verbose=True)

NUM_EPOCHS = 10
best_acc = 0.0
train_losses, val_losses = [], []
train_accuracies, val_accuracies = [], []

for epoch in range(NUM_EPOCHS):
    print(f"\nЕпоха {epoch+1}/{NUM_EPOCHS}")
    print("-" * 30)

    model.train()
    running_loss, running_corrects = 0.0, 0
    for inputs, labels in tqdm(train_loader, desc="Тренування"):
        inputs, labels = inputs.to(DEVICE), labels.to(DEVICE)
        optimizer.zero_grad()
        outputs = model(inputs)
        loss = criterion(outputs, labels)
        loss.backward()
        optimizer.step()
        _, preds = torch.max(outputs, 1)
        running_loss += loss.item() * inputs.size(0)
        running_corrects += torch.sum(preds == labels.data)
    epoch_loss = running_loss / len(train_loader.dataset)
    epoch_acc = running_corrects.double() / len(train_loader.dataset)
    train_losses.append(epoch_loss)
    train_accuracies.append(epoch_acc.item())
    print(f"Тренування Loss: {epoch_loss:.4f} Асс: {epoch_acc:.4f}")

    model.eval()
    running_loss, running_corrects = 0.0, 0
    with torch.no_grad():
        for inputs, labels in tqdm(val_loader, desc="Валідація"):
            inputs, labels = inputs.to(DEVICE), labels.to(DEVICE)
            outputs = model(inputs)
            loss = criterion(outputs, labels)
            _, preds = torch.max(outputs, 1)
            running_loss += loss.item() * inputs.size(0)
            running_corrects += torch.sum(preds == labels.data)
    epoch_loss = running_loss / len(val_loader.dataset)
    epoch_acc = running_corrects.double() / len(val_loader.dataset)
    val_losses.append(epoch_loss)
    val_accuracies.append(epoch_acc.item())
    print(f"Валідація Loss: {epoch_loss:.4f} Асс: {epoch_acc:.4f}")

    scheduler.step(epoch_loss)

```

```
if epoch_acc > best_acc:
    best_acc = epoch_acc
    torch.save(model.state_dict(), "best_model_brain_tumor.pth")

model.load_state_dict(torch.load("best_model_brain_tumor.pth"))
model.eval()
y_true, y_pred = [], []
with torch.no_grad():
    for inputs, labels in tqdm(test_loader, desc="Тестування"):
        inputs, labels = inputs.to(DEVICE), labels.to(DEVICE)
        outputs = model(inputs)
        _, preds = torch.max(outputs, 1)
        y_true.extend(labels.cpu().numpy())
        y_pred.extend(preds.cpu().numpy())

accuracy = accuracy_score(y_true, y_pred)
print("\nКласифікаційний звіт")
print(classification_report(y_true, y_pred, target_names=classes))
print(f"Точність на тестовому наборі: {accuracy * 100:.2f}%")
```

ДОДАТОК Б.

Програмний код навчання моделі на табличних даних

Лістинг Б.1

```

df = pd.read_csv('/content/breast-cancer.csv')

df = df.drop('id', axis=1)
df['diagnosis'] = df['diagnosis'].map({'M': 1, 'B': 0})

X = df.drop('diagnosis', axis=1).values
y = df['diagnosis'].values

scaler = StandardScaler()
X = scaler.fit_transform(X)

X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X, y, test_size=0.2,
random_state=42)

class CancerDataset(Dataset):
    def __init__(self, X, y):
        self.X = torch.tensor(X, dtype=torch.float32)
        self.y = torch.tensor(y, dtype=torch.float32)

    def __len__(self):
        return len(self.X)

    def __getitem__(self, idx):
        return self.X[idx], self.y[idx]

train_loader = DataLoader(CancerDataset(X_train, y_train), batch_size=32,
shuffle=True)
test_loader = DataLoader(CancerDataset(X_test, y_test), batch_size=32)

class CancerClassifier(nn.Module):
    def __init__(self):
        super().__init__()
        self.fc = nn.Sequential(
            nn.Linear(X.shape[1], 64),
            nn.ReLU(),
            nn.Linear(64, 32),
            nn.ReLU(),
            nn.Linear(32, 1),
            nn.Sigmoid()
        )

    def forward(self, x):
        return self.fc(x)

```

```
model = CancerClassifier()

criterion = nn.BCELoss()
optimizer = torch.optim.Adam(model.parameters(), lr=0.001)

epochs = 25
for epoch in range(epochs):
    model.train()
    total_loss = 0
    for X_batch, y_batch in train_loader:
        optimizer.zero_grad()
        outputs = model(X_batch).squeeze()
        loss = criterion(outputs, y_batch)
        loss.backward()
        optimizer.step()
        total_loss += loss.item()
    print(f"Epoch {epoch+1}/{epochs}, Loss:
{total_loss/len(train_loader):.4f}")

model.eval()
correct = 0
total = 0
with torch.no_grad():
    for X_batch, y_batch in test_loader:
        outputs = model(X_batch).squeeze()
        predicted = (outputs > 0.5).float()
        correct += (predicted == y_batch).sum().item()
        total += y_batch.size(0)

print(f"Test Accuracy: {100 * correct / total:.2f}%")
```

ДОДАТОК В.

Навчання моделі для детекції об'єктів YOLOv5x

Лістинг В.1 – команда запуску моделі

```
!python train.py \
  --img 512 \
  --batch 32 \
  --epochs 50 \
  --data /content/lung_yolo_dataset/data.yaml \
  --weights yolov5x.pt \
  --project lung_train \
  --name yolo_lung_x \
  --device 0 \
  --exist-ok
```

Фрагмент В.1 – консольний вивід результатів навчання моделі YOLOv5x

```
with torch.cuda.amp.autocast(amp):
  49/49   19.3G   0.02795   0.001169   0.0005882   2
512: 100% 5041/5041 [21:44<00:00, 3.86it/s]
      Class      Images  Instances  P      R
mAP50  mAP50-95: 100% 632/632 [02:40<00:00, 3.95it/s]
      all      40436      6004      0.892   0.921
0.948      0.578

50 epochs completed in 20.750 hours.
Optimizer stripped from lung_train/yolo_lung_x/weights/last.pt, 173.1MB
Optimizer stripped from lung_train/yolo_lung_x/weights/best.pt, 173.1MB

Validating lung_train/yolo_lung_x/weights/best.pt...
Fusing layers...
Model summary: 322 layers, 86193601 parameters, 0 gradients, 203.8 GFLOPs
      Class      Images  Instances  P      R
mAP50  mAP50-95: 100% 632/632 [02:42<00:00, 3.90it/s]
      all      40436      6004      0.892   0.921
0.948      0.578
      Adenocarcinoma  40436      3920      0.906   0.899
0.956      0.583
      Small Cell      40436      629      0.904   0.971
0.974      0.61
      Large Cell      40436      28      0.858   0.862
0.897      0.535
      Squamous Cell  40436      1427      0.899   0.952
0.964      0.582
```

ДОДАТОК Г. Тестування функціональності системи

Для перевірки працездатності окремих компонентів інтелектуальної системи діагностики онкологічних захворювань було проведено інтеграційне тестування за допомогою Selenium та pytest.

1. Для тестування коректної взаємодії з моделлю та збереження історії було реалізовано автоматизований сценарій перевірки роботи системи на прикладі однієї з моделей

1. Симуляція входу користувача у систему.
2. Перехід на сторінку моделі /mlmodels/kidney/.
3. Із кожного з чотирьох класів (Cyst, Normal, Stone, Tumor) випадково вибираються по 2 зображення для завантаження.
4. Перевірка правильності класифікації кожного зображення.
5. Перехід на сторінку “Мої результати” та валідація історії:
 - а. правильна кількість збережених записів;
 - б. відповідність назв файлів та передбачених класів.

Результати: успішна класифікація 100% зображень, історія збережена коректно, система реагує відповідно до очікуваної логіки.

Фрагмент Г.1 – консольний звіт про виконання тесту:

```
Крок 1: Вхід користувача на сайт
→ Успішний вхід

Крок 2: Перехід на сторінку моделі KidneyDetectAI

Крок 3: Вибір і завантаження зображень з локального набору
→ Відкрито /mlmodels/kidney/
→ Обрано 2 випадкових зображення з папки: Cyst
→ Обрано 2 випадкових зображення з папки: Normal
→ Обрано 2 випадкових зображення з папки: Stone
→ Обрано 2 випадкових зображення з папки: Tumor
```

Крок 4: Запуск класифікації

→ Класифікацію запущено

Крок 5: Перевірка результатів класифікації

- Cyst- (172).jpg → Очікувано: Cyst, Отримано: Cyst
- Cyst- (889).jpg → Очікувано: Cyst, Отримано: Cyst
- Normal- (2059).jpg → Очікувано: Normal, Отримано: Normal
- Normal- (1411).jpg → Очікувано: Normal, Отримано: Normal
- Stone- (40).jpg → Очікувано: Stone, Отримано: Stone
- Stone- (1328).jpg → Очікувано: Stone, Отримано: Stone
- Tumor- (1372).jpg → Очікувано: Tumor, Отримано: Tumor
- Tumor- (660).jpg → Очікувано: Tumor, Отримано: Tumor

8/8 зображень класифіковано правильно.

КРОК 6: Перехід на сторінку Мої результати

→ Відкрито блок результатів KidneyDetectAI

→ Кількість зображень збігається: 8

КРОК 7: Перевірка відповідності імен файлів та результатів

- Tumor- (660).jpg → Отримано: Tumor, Очікувано: Tumor
- Tumor- (1372).jpg → Отримано: Tumor, Очікувано: Tumor
- Stone- (1328).jpg → Отримано: Stone, Очікувано: Stone
- Stone- (40).jpg → Отримано: Stone, Очікувано: Stone
- Normal- (1411).jpg → Отримано: Normal, Очікувано: Normal
- Normal- (2059).jpg → Отримано: Normal, Очікувано: Normal
- Cyst- (889).jpg → Отримано: Cyst, Очікувано: Cyst
- Cyst- (172).jpg → Отримано: Cyst, Очікувано: Cyst

8/8 результатів в історії відповідають очікуванням.

.

=====
44.22s ===== 1 passed in

2. Для тестування функціональності Telegram-бота було змодельовано сценарій прив'язки Telegram-акаунту до користувача та перевірки оновлення даних профілю через Telegram:

1. У базі даних створюється тестовий запис у моделі TelegramLinkCode, що містить Telegram ID та одноразовий код, який імітує код, згенерований ботом для прив'язки акаунта.
2. Користувач виконує вхід на сайт через стандартну форму авторизації (вводить логін і пароль).
3. Після входу він переходить на сторінку /users/telegram-link/, де вводить раніше згенерований код.
4. Після підтвердження коду перевіряється, що:
 - a. Telegram-акаунт успішно прив'язано;
 - b. в базі даних створено відповідний об'єкт TelegramProfile, який зв'язує Telegram ID з користувачем.
5. У моделі користувача вручну змінюється ім'я (first_name) через ORM, що імітує зміну даних, отриманих від Telegram-бота.
6. Користувач переходить на сторінку /users/profile/, де перевіряється, що змінене ім'я відображається в інтерфейсі.

Фрагмент Г.2 – консольний звіт про виконання тесту:

```
Крок 1: Вхід користувача на сайт.
Крок 2: Перехід на сторінку прив'язки Telegram та введення коду.
→ Telegram успішно прив'язано до облікового запису.
→ У базі даних знайдено TelegramProfile, що відповідає користувачу.
→ Ім'я користувача змінено вручну через ORM на: Bot Name
Крок 3: Перехід на сторінку профілю та перевірка наявності нового імені.
→ На сторінці профілю знайдено нове ім'я: Bot Name
.
===== 1 passed in
22.13s =====
```