

СИСТЕМА АНАЛИЗА ТЕКСТУРЫ БИМЕДИЦИНСКИХ ИЗОБРАЖЕНИЙ

Е. В. Поляков¹, В. В. Дмитриева²

^{1,2} Национальный исследовательский ядерный университет «МИФИ», Москва, Россия
¹ EVPolyakov@mephi.ru, ² VVdmitriyeva@mephi.ru

Аннотация. *Актуальность и цели.* В условиях современного здравоохранения возрастает потребность в эффективных методах анализа биомедицинских изображений для диагностики заболеваний. Настоящее исследование направлено на разработку системы анализа текстуры биомедицинских изображений, которая использует различные подходы для выявления структурных различий между объектами. *Материалы и методы.* В работе применяются методы анализа локальных распределений пикселей, Фурье-преобразования и фракталов. Для оценки информативности текстурных признаков используются классификатор «случайный лес» и методы уменьшения размерности и кластеризации, реализованные в библиотеке Scikit-learn. Экспериментальные данные включают изображения клеток костного мозга, КТ-снимки и новообразования кожи. *Результаты.* Результаты экспериментов показывают, что для классификации изображений клеток крови костного мозга наиболее информативными являются признаки на основе матрицы пространственной смежности и Фурье-преобразования. Для КТ-изображений новообразований кожи также выявлены эффективные текстурные признаки, достигающие f1 метрики до 0,93. *Выводы.* Разработанная система позволяет эффективно анализировать текстуру биомедицинских изображений и предоставляет инструменты для автоматизированной оценки характеристик опухолей, что может значительно повысить точность диагностики. Дальнейшие исследования будут направлены на расширение функционала системы и улучшение методов визуализации данных.

Ключевые слова: машинное обучение, биомедицинские изображения, текстурные признаки, анализ характеристики изображений, методы снижения размерности

Для цитирования: Поляков Е. В., Дмитриева В. В. Система анализа текстуры биомедицинских изображений // Модели, системы, сети в экономике, технике, природе и обществе. 2025. № 2. С. 85–94. doi: 10.21685/2227-8486-2025-2-7

BIOMEDICAL IMAGE TEXTURE ANALYSIS SYSTEM

E.V. Polyakov¹, V.V. Dmitrieva²

^{1,2} National Research Nuclear University MEPHI (Moscow Engineering Physics Institute),
Moscow, Russia
¹ EVPolyakov@mephi.ru, ² VVdmitriyeva@mephi.ru

Abstract. *Background.* In today's healthcare environment, there is an increasing need for efficient methods to analyze biomedical images for disease diagnosis. The present study aims to develop a biomedical image texture analysis system that uses various approaches to detect

structural differences between objects. *Materials and methods.* In this work, local pixel distributions, Fourier transform, and fractal analysis methods are applied. A random forest classifier and dimensionality reduction and clustering methods implemented in the Scikit-learn library are used to evaluate the informativeness of texture features. Experimental data include bone marrow cell images, CT scans, and skin neoplasms. *Results.* Experimental results show that features based on spatial adjacency matrix and Fourier transform are the most informative for classifying blood and bone marrow cell images. For CT images and skin neoplasms, effective texture features are also identified, achieving f1 metrics as high as 0.93. *Conclusions.* The developed system enables efficient texture analysis of biomedical images and provides tools for automated evaluation of tumor features, which can significantly improve diagnostic accuracy. Further research will focus on extending the functionality of the system and improving data visualization methods.

Keywords: machine learning, biomedical images, texture features, image feature analysis, dimensionality reduction methods

For citation: Polyakov E.V., Dmitrieva V.V. Biomedical image texture analysis system. *Modeli, sistemy, seti v ekonomike, tekhnike, prirode i obshchestve = Models, systems, networks in economics, technology, nature and society.* 2025;(2):85–94. (In Russ.). doi: 10.21685/2227-8486-2025-2-7

Введение

Использование современных высокотехнологичных методов визуализации при анализе интересующих объектов позволяет эффективно решать задачи распознавания и классификации многих структур на изображениях для промышленности и медицины. В частности, возникает необходимость выбора интересующей области или разделение изображения на определенные типы на основе структурных различий объектов или их фрагментов. Актуальной сферой применения современных технологий является обработка биомедицинских изображений [1–2].

Проблемой анализа, обнаружения и классификации медицинских изображений является обучение модели [3]. Для решения данной задачи требуется идеальная методика обучения с оптимальным балансом способностей к обобщению и вычислительно эффективной эвристической модели. Чтобы обучить модель со способностями к обобщению, необходима парадигма обучения, которая использует истинные метки и предоставляет эффективные инструменты для работы с доступными наборами данных и эффективными алгоритмами обучения.

Существует множество подходов, позволяющих выполнять сегментацию и классификацию: классические методы, основанные на гистограммах изображений и фильтрах, текстурный анализ и нейронные сети (в том числе использующие сверточные слои или трансформер) [4–5].

Для эффективного анализа медицинских изображений необходимо провести предварительный отбор характеристик, подходящих для каждой конкретной задачи и объекта. В настоящее время представлено множество инструментов, таких как MATLAB, OpenCV, Amazon Rekognition, Microsoft Azure Computer Vision, Google Colab, ij.imjoy.io, R, DeepAI, NVIDIA Clara и IBM Watson Visual Recognition, которые могут быть использованы для извлечения характеристик. Однако многие из этих решений являются коммерческими или узкоспециализированными, некоторые из них не предоставляют прямых инструментов для расчета текстурных признаков или требуют реализации

сложных алгоритмов, что затрудняет их применение в исследованиях различных биомедицинских изображений.

В связи с этим возникает необходимость в инструменте, который объединял бы основные возможности расчета характеристик с возможностью работы с пользовательскими изображениями в удобном формате, позволяя проводить сравнение и анализ. В качестве анализируемой характеристики объектов рассматривается их текстура, а также используются методы текстурного анализа.

Цель исследования – разработка системы анализа текстуры биомедицинских изображений.

Материалы и методы

Формирование подхода к анализу текстуры объекта интереса на основе тона и текстуры – один из фундаментальных признаков человеческой интерпретации и идентификации объектов или областей, представляющих интерес на цветном изображении. Текстура и тон имеют неразрывную связь друг с другом.

На данный момент существует множество способов описать текстуру изображения. Один из подходов – статистический – основывается на распределении пикселей во всем изображении или в некоторой окрестности заданной точки. Простейший вариант – анализ гистограммы изображения и подсчет некоторых статистических характеристик по ней, но в этом подходе анализируется все изображение в целом, не учитываются локальные распределения пикселей. Другой способ – анализ определенных примитивов на изображении. Например, это могут быть пары пикселей, серии или зоны с одинаковой яркостью.

Принципиально другая группа подходов анализа текстуры – методы, основанные на преобразованиях. При данном подходе изображение представляется в пространстве, система координат которого имеет интерпретацию, тесно связанную с характеристиками текстуры (такими как частота или масштаб) [6]. Наиболее часто применяемые преобразования – Фурье-преобразование, вейвлет-преобразование, признаки Тампа и преобразование Габора. В случае с преобразованием Фурье анализируются частоты, в случае вейвлет-преобразования – частоты с учетом их локализации и масштаба [6–9].

Еще один подход – текстурные характеристики, вычисление которых основывается на использовании моделей. Примерами таких методов являются использование авторегрессионной или фрактальной модели [6]. В литературе рассмотрено множество способов для расчета фрактальной размерности [10–15]. Преимуществом использования фрактальных текстурных признаков является интерпретируемость, так как фрактальная размерность отражает сложность контура и его самоподобие на разных масштабах. К недостаткам можно отнести сложный процесс подбора, настройки параметров и выбор из большого количества различных подходов к расчету.

Ввиду разнообразия подходов к анализу текстуры в работе показаны три подхода с наименьшими сложностями в подборе параметров, которые рассматривают текстуру с принципиально разных сторон:

- анализ локальных распределений пикселей: признаки, основанные на матрице пространственной смежности и длинах серий;

- анализ как локальных, так и более глобальных структур с точки зрения их частотных составляющих: текстурные признаки на основе Фурье-преобразования;

– анализ самоподобия и сложности контуров деталей текстуры: текстурные признаки на основе фракталов для псевдотрехмерного изображения и контуров, полученных с помощью адаптивной бинаризации.

При анализе текстур можно заметить, что в каждом случае в основе метода лежит простая идея, основанная на определенных особенностях текстуры, что позволяет подобрать набор подходов, который будет наилучшим образом отражать особенности текстуры изображений заданного биомедицинского объекта. Таким образом, можно получить множество интерпретируемых текстурных признаков для каждой группы классов классифицируемых текстур. Но для выявления наиболее эффективных подходов необходимо проанализировать значимость каждой группы признаков.

Рассмотрим подходы к анализу значимости признаков [16]. Первая группа основана на распределении признаков: расчет дисперсии и корреляции. Вторая группа – оценка значимости признаков, встроенная в некоторые модели машинного обучения: логистическая регрессия, решающие деревья и ансамбли деревьев. Третья группа – методы, не зависящие от глобальной модели (global model agnostic methods), которые отражают общее поведение модели. К этой группе относятся, например, partial dependence plot и permutation feature importance. Четвертая группа – методы, не зависящие от локальной модели (local model agnostic methods), позволяющие объяснять поведение модели на конкретных данных. Например, один из таких методов – local surrogate models (LIME), Shapley values, SHAP [16].

В работе представлен наиболее простой подход, который сочетается с применением классификатора «случайный лес» (Random Forest), – оценка информативности, встроенная в данный метод и использующая значения показателя неоднородности (Gini Impurity). Применены методы уменьшения размерности и кластеризации. В первую очередь выбор метода кластеризации и уменьшения размерности был обусловлен простотой его использования в создаваемой системе: число параметров, время вычисления, наличие библиотек Python (рассматривались библиотеки Scikit-learn).

Распространенными методами кластеризации, реализованными в Scikit-learn, являются k-means, spectral clustering и DBSCAN (Density-Based Spatial Clustering of Applications with Noise) [17]. Для уменьшения размерности данных рассматривались два подхода: метод главных компонент (PCA) и стохастическое вложение соседей с распределением Стьюдента (t-SNE) [18–19].

Применение текстурного анализа для выявления текстурных особенностей на изображениях КТ, МРТ и ПЭТ для ранней диагностики новообразований [20–26], получившая название радиомика, предлагает ряд стратегий и подходов для преобразования медицинских изображений в количественные, интерпретируемые и поддающиеся анализу многомерные данные [21].

Текстурный анализ позволяет добиться улучшения диагностики новообразований и предоставляет некоторые дополнительные возможности [21]:

- предоставление дополнительной информации о внутренней структуре опухоли и описание некоторых ее характеристик, например структуры внутри опухоли, сосудистые паттерны и градиенты плотности;

- предоставление численной и автоматизированной оценки характеристик опухоли, что может помочь устранить субъективность и повысить эффективность диагностики;

- извлечение невидимой человеческому глазу информации;
- отслеживание изменений опухоли в динамике (так как с численными характеристиками проще работать).

При тестировании в работе использованы изображения клеток костного мозга на различных стадиях гемопоэза, а также данные из открытых источников для анализа текстуры КТ-снимков из злокачественного новообразования кожи.

Результаты и обсуждение

Разработана система анализа биомедицинских изображений. Расчет текстурных характеристик реализуется модулем на языке Python с функциями на языке C++. Это обосновывается тем, что в ряде случаев реализация с использованием языка Python неэффективна по времени, даже несмотря на использование numpy массивов и list comprehension. В связи с этим высоконагруженные и длительные вычисления вынесены отдельно в динамическую библиотеку dll, написанную на языке C++, и организованное взаимодействие между ней и модулем на Python с помощью ctypes. Таким образом, гибкость Python и быстродействие C++ совмещены для достижения удобной и эффективной работы модуля.

Отдельно следует отметить использование библиотеки OpenCV в ходе реализации некоторых подходов к анализу текстуры. Функционал библиотеки позволяет использовать ее для эффективного и быстрого выделения и анализа контуров, загрузки изображений, применения алгоритмов бинаризации, а также получения Фурье-преобразования.

Система с модулем анализа текстуры реализована в виде интернет-приложения на базе трех технологий: Flask – веб-сервер, React – веб-интерфейс и Plotly.js – создание графиков. При разработке интерфейса с визуализацией и анализом полученных данных применялись следующие библиотеки:

- Glob – для работы с путями нахождения необходимых объектов;
- OpenCV – для загрузки изображений;
- Matplotlib с модулем Pyplot и Seaborn – для визуализации полученных данных при проведении эксперимента;
- Pandas и Scikit-learn – для анализа данных с использованием методов машинного обучения;
- Plotly – для интерактивной визуализации данных.

Для эффективной работы врача-исследователя с системой анализа текстур предоставлена возможность загрузки изображений, расчета текстурных признаков, визуализации и анализа полученных данных (рис. 1).

Предложены текстурные характеристики для анализа биомедицинских изображений, рассматривающие понятие текстуры с разных сторон и имеющие сравнительно небольшое число параметров для настройки. К ним относятся характеристики на основе матрицы пространственной смежности, матрицы длин серий, фракталов и Фурье-преобразования. С применением разработанной системы проведен анализ закономерностей между текстурными признаками и визуальным восприятием текстуры и структурными различиями биомедицинских объектов.

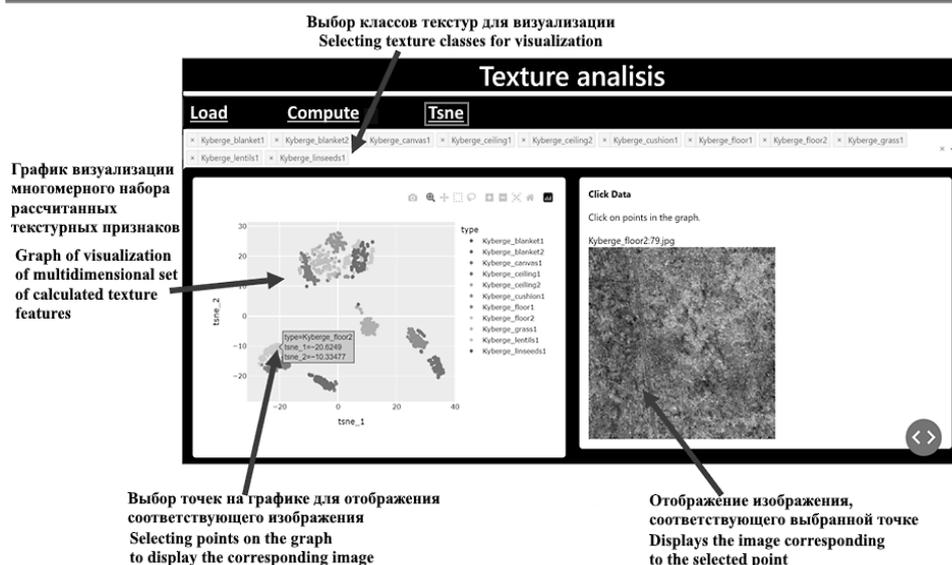


Рис. 1. Визуализация данных в интернет-приложении

Проведено сравнение эффективности текстурных признаков для классификации различных изображений биомедицинских объектов:

- для изображений клеток крови костного мозга информативными являются признаки, основанные на матрице пространственной смежности и Фурье-преобразовании;
- для фрагментов КТ-изображений в норме и патологии информативными являются признаки на основе матрицы пространственной смежности;
- для паттерна пигментной сети на новообразовании кожи информативны признаки на основе Фурье-преобразования и фракталов, для паттернов негативная сеть и точки/глобулы – признаки на основе матрицы пространственной смежности и фракталов.

Заключение

Исследование посвящено разработке системы анализа текстуры и проверке ее эффективности для выявления структурных различий биомедицинских изображений. Реализовано решение на основе интернет-технологий для анализа текстуры и визуализации полученных данных. Проведены эксперименты по анализу корректности работы модуля и эффективности текстурных характеристик для классификации изображений медико-биологических объектов. В ходе исследования выделены структурные различия на КТ-изображениях нормальной ткани и с наличием новообразований. Характеристики рассчитывались для фрагментов изображений, f1 метрика составила для классификатора «случайный лес» (Random Forest) – $0,79 \pm 0,04$. Проведен поиск паттернов на изображениях новообразований кожи. Для найденных паттернов (пигментная сеть, негативная сеть, точки/глобулы) на изображениях новообразований кожи вычислена f1 метрика, классификатор «случайный лес» (Random Forest) – $0,93 \pm 0,01$. Выполнен анализ структурных различий изображений ядер, содержащих клетки костного мозга на разных стадиях гемопоэза. Рассчитана f1

метрика для классификаторов «случайный лес» (Random Forest) – $0,64 \pm 0,01$ и метода опорных векторов (Support Vector Machines) – $0,71 \pm 0,01$.

Дальнейшая работа предполагает дополнение модуля к анализу текстур на основе вейвлетов и локальных двоичных шаблонов, а также расширение способов визуализации и интерпретации распределений данных в рассматриваемую систему.

Список литературы

1. Jiang X., Hu Z., Wang S., Zhang Y. Deep learning for medical image-based cancer diagnosis // *Cancers*. 2023. Т. 15, № 14. P. 3608.
2. Fanous M. J., Pillar N., Ozcan A. Digital staining facilitates biomedical microscopy // *Frontiers in Bioinformatics*. 2023. Т. 3. P. 1243663.
3. Tavakoli S., Ghaffari A., Kouzehkanan Z. M., Hosseini R. New segmentation and feature extraction algorithm for classification of white blood cells in peripheral smear images // *Scientific Reports*. 2021. Т. 11, № 1. P. 19428.
4. Ryu D., Kim J., Lim D. J. [et al.]. Label-free white blood cell classification using refractive index tomography and deep learning // *BME frontiers*. 2021.
5. Mollazade K. [et al.]. Analysis of texture-based features for predicting mechanical properties of horticultural products by laser light backscattering imaging // *Computers and electronics in agriculture*. 2013. Т. 98. P. 34–45.
6. Tang X., Stewart W. K. Optical and sonar image classification: wavelet packet transform vs Fourier transform // *Computer vision and image understanding*. 2000. Т. 79, № 1. P. 25–46.
7. Abdesselam A. Texture image retrieval using Fourier transform // *Proc. Int. Conf. Commun., Comput. Power (ICCCP'09)*. 2009.
8. Gibson D., Gaydecki P. A. Definition and application of a fourier domain texture measure: applications to histological image segmentation // *Computers in biology and medicine*. 1995. Т. 25, № 6. P. 551–557.
9. Dincic M., Popovic T. B., Kojadinovic M. [et al.]. Morphological, fractal, and textural features for the blood cell classification: The case of acute myeloid leukemia // *European Biophysics Journal*. 2021. Т. 50. P. 1111–1127. doi: 10.1007/s00249-021-01574-w
10. Zhuang X., Meng Q. Local fuzzy fractal dimension and its application in medical image processing // *Artificial Intelligence in Medicine*. 2004. Т. 32, № 1. P. 29–36.
11. Metze K., Adam R., Florindo J. B. The fractal dimension of chromatin-a potential molecular marker for carcinogenesis, tumor progression and prognosis // *Expert review of molecular diagnostics*. 2019. Т. 19, № 4. P. 299–312.
12. Costa A. F., Humpire-Mamani G., Traina A. J. M. An efficient algorithm for fractal analysis of textures // *25th SIBGRAPI conference on graphics, patterns and images*. 2012. P. 39–46.
13. Costa A. F., Tekli J., Traina A. J. M. Fast fractal stack: fractal analysis of computed tomography scans of the lung // *Proceedings of the 2011 international ACM workshop on Medical multimedia analysis and retrieval*. 2011. P. 13–18.
14. A multiresolution clinical decision support system based on fractal model design for classification of histological brain tumours // *Computerized Medical Imaging and Graphics*. 2015. Т. 41. P. 67–79.
15. Molnar C. Interpretable machine learning // *Lulu. Com*. 2020.
16. Pedregosa [et. al.]. Scikit-learn: Machine Learning in Python // *JMLR* 12. 2011. P. 2825–2830.
17. Rudin C. [et al.]. Interpretable machine learning: Fundamental principles and 10 grand challenges // *Statistic Surveys*. 2022. Т. 16. P. 1–85.
18. Van der Maaten L., Hinton G. Visualising Data using t-SNE // *J. of machine learning research*. 2008. Vol. 9, № 11.

19. Mayerhoefer M. E. [et al.]. Introduction to radiomics // *J. of Nuclear Medicine*. 2020. Vol. 61, № 4. P. 488–495.
20. Ursprung S. [et al.]. Radiomics of computed tomography and magnetic resonance imaging in renal cell carcinoma—a systematic review and meta-analysis // *European radiology*. 2020. Т. 30. P. 3558–3566.
21. Гордуладзе Д. Н., Сирота Е. С., Рапопорт Л. М. [и др.]. Возможности текстурного анализа лучевых методов визуализации в диагностике образований паренхимы почки // *Онкоурология*. 2021. № 4. С. 129–135.
22. Gorduladze D., Sirota E., Rapoport L. [et al.] Prospects of texture analysis in radiological imaging for diagnosis of renal parenchyma tumor // *Cancer Urology*. 2021. № 17. P. 129–135. doi: 10.17650/1726-9776-2021-17-4-129-135
23. Manaev A. V., Trukhin A. A., Zakharova S. M. [et al.]. Textural Statistical Features of Ultrasound Imaging of Thyroid Nodules in the Assessment of Malignancy Status // *Physics of Atomic Nuclei*. 2023. Т. 86, № 11. P. 2500–2506.
24. Дмитриева В. В., Тупицын Н. Н., Поляков Е. В [и др.]. Медицинская информационная система с применением web-технологий для диагностики острых лимфобластных лейкозов и минимальной остаточной болезни // *Безопасность информационных технологий*. 2021. Т. 28, № 3. С. 44–45. doi: 10.26583/bit.2021.3.03
25. Selchuk V. Y., Rodionova O. V., Sukhova O. G. [et al.]. Methods of formation of the knowledge base in the diagnosis of melanoma // *Journal of Physics: Conference Series*. 2017. Т. 798, № 1. P. 012137.
26. Fazeli S., Samiei A., Lee T. D., Sarrafzadeh M. Beyond Labels: Visual Representations for Bone Marrow Cell Morphology Recognition // *Computer Vision and Pattern Recognition*. 19.05.2022. doi: 10.48550/arXiv.2205.09880

References

1. Jiang X., Hu Z., Wang S., Zhang Y. Deep learning for medical image-based cancer diagnosis. *Cancers*. 2023;15(14):3608.
2. Fanous M.J., Pillar N., Ozcan A. Digital staining facilitates biomedical microscopy. *Frontiers in Bioinformatics*. 2023;3:1243663.
3. Tavakoli S., Ghaffari A., Kouzehkanan Z.M., Hosseini R. New segmentation and feature extraction algorithm for classification of white blood cells in peripheral smear images. *Scientific Reports*. 2021;11(1):19428.
4. Ryu D., Kim J., Lim D. J. et al. Label-free white blood cell classification using refractive index tomography and deep learning. *BME frontiers*. 2021.
5. Mollazade K. et al. Analysis of texture-based features for predicting mechanical properties of horticultural products by laser light backscattering imaging. *Computers and electronics in agriculture*. 2013;98:34–45.
6. Tang X., Stewart W.K. Optical and sonar image classification: wavelet packet transform vs Fourier transform. *Computer vision and image understanding*. 2000;79(1):25–46.
7. Abdesselam A. Texture image retrieval using Fourier transform. *Proc. Int. Conf. Commun., Comput. Power (ICCCP'09)*. 2009.
8. Gibson D., Gaydecki P.A. Definition and application of a fourier domain texture measure: applications to histological image segmentation. *Computers in biology and medicine*. 1995;25(6):551–557.
9. Dincic M., Popovic T.B., Kojadinovic M. et al. Morphological, fractal, and textural features for the blood cell classification: The case of acute myeloid leukemia. *European Biophysics Journal*. 2021;50:1111–1127. doi: 10.1007/s00249-021-01574-w
10. Zhuang X., Meng Q. Local fuzzy fractal dimension and its application in medical image processing. *Artificial Intelligence in Medicine*. 2004;32(1):29–36.
11. Metze K., Adam R., Florindo J.B. The fractal dimension of chromatin—a potential molecular marker for carcinogenesis, tumor progression and prognosis. *Expert review of molecular diagnostics*. 2019;19(4):299–312.

12. Costa A.F., Humpire-Mamani G., Traina A.J.M. An efficient algorithm for fractal analysis of textures. *25th SIBGRAPI conference on graphics, patterns and images*. 2012:39–46.
13. Costa A.F., Tekli J., Traina A.J.M. Fast fractal stack: fractal analysis of computed tomography scans of the lung. *Proceedings of the 2011 international ACM work-shop on Medical multimedia analysis and retrieval*. 2011:13–18.
14. A multiresolution clinical decision support system based on fractal model design for classification of histological brain tumours. *Computerized Medical Imaging and Graphics*. 2015;41:67–79.
15. Molnar C. Interpretable machine learning. *Lulu. Com*. 2020.
16. Pedregosa et. al. Scikit-learn: Machine Learning in Python. *JMLR 12*. 2011:2825–2830.
17. Rudin C. et al. Interpretable machine learning: Fundamental principles and 10 grand challenges. *Statistic Surveys*. 2022;16:1–85.
18. Van der Maaten L., Hinton G. Visualising Data using t-SNE. *J. of machine learning research*. 2008;9(11).
19. Mayerhoefer M.E. et al. Introduction to radiomics. *J. of Nuclear Medicine*. 2020;61(4):488–495.
20. Ursprung S. et al. Radiomics of computed tomography and magnetic resonance imaging in renal cell carcinoma—a systematic review and meta-analysis. *European radiology*. 2020;30:3558–3566.
21. Gorduladze D.N., Sirota E.S., Rapoport L.M. [et al.]. Possibilities of textural analysis of radiation imaging methods in the diagnosis of kidney parenchyma formations. *Onkourologiya = Oncourology*. 2021;(4):129–135. (In Russ.)
22. Gorduladze D., Sirota E., Rapoport L. [et al.]. Prospects of texture analysis in radiological imaging for diagnosis of renal parenchyma tumor. *Cancer Urology*. 2021;(17):129–135. doi: 10.17650/1726-9776-2021-17-4-129-135
23. Manaev A.V., Trukhin A.A., Zakharova S.M. et al. Textural Statistical Features of Ultrasound Imaging of Thyroid Nodules in the Assessment of Malignancy Status. *Physics of Atomic Nuclei*. 2023;86(11):2500–2506.
24. Dmitrieva V.V., Tupitsyn N.N., Polyakov E.V [et al.]. A web-based medical information system for the diagnosis of acute lymphoblastic leukemia and minimal residual disease. *Bezopasnost' informatsionnykh tekhnologiy = Information technology security*. 2021;28(3):44–45. (In Russ.). doi: 10.26583/bit.2021.3.03
25. Selchuk V.Y., Rodionova O.V., Sukhova O.G. et al. Methods of formation of the knowledge base in the diagnosis of melanoma. *Journal of Physics: Conference Series*. 2017;798(1):012137.
26. Fazeli S., Samiei A., Lee T.D., Sarrafzadeh M. Beyond Labels: Visual Representations for Bone Marrow Cell Morphology Recognition. *Computer Vision and Pattern Recognition*. 19.05.2022. doi: 10.48550/arXiv.2205.09880

Информация об авторах / Information about the authors

Евгений Валерьевич Поляков
 кандидат технических наук, доцент
 кафедры медицинской физики,
 Национальный исследовательский
 ядерный университет «МИФИ»
 (Россия, Москва, Каширское шоссе, 31)
 E-mail: EVPolyakov@mephi.ru

Evgeny V. Polyakov
 Candidate of technical sciences,
 associate professor of the sub-
 department of medical physics,
 National Research Nuclear University
 MEPhI (Moscow Engineering
 Physics Institute)
 (31 Kashirskoe shosse, Moscow, Russia)

Валентина Викторовна Дмитриева
кандидат технических наук, доцент
кафедры электрофизических установок,
Национальный исследовательский
ядерный университет «МИФИ»
(Россия, г. Москва, Каширское шоссе, 31)
E-mail: VVdmitriyeva@mephi.ru

Valentina V. Dmitrieva
Candidate of technical sciences,
associate professor of the sub-department
of electrophysical systems,
National Research Nuclear
University MEPHI (Moscow
Engineering Physics Institute)
(31 Kashirskoe shosse, Moscow, Russia)

**Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов /
The authors declare no conflicts of interests.**

Поступила в редакцию/Received 15.01.2025

Поступила после рецензирования/Revised 19.02.2025

Принята к публикации/Accepted 17.06.2025