

УДК 519:616-079.4:616.5



Е.В. Высоцкая¹, Э.Н. Солошенко², А.И. Печерская¹

¹ ХНУРЭ, г. Харьков, Украина, diagnost@kture.kharkov.ua;

² ГП «Институт дерматологии и венерологии НАМНУ», г. Харьков, Украина

ОПТИМИЗАЦИЯ ДИАГНОСТИЧЕСКИХ КОЭФФИЦИЕНТОВ ДЛЯ ДИФФЕРЕНЦИАЛЬНОЙ ДИАГНОСТИКИ РАСПРОСТРАНЕННЫХ ДЕРМАТОЗОВ ПУТЕМ ПРИМЕНЕНИЯ ЭВОЛЮЦИОННОЙ СТРАТЕГИИ

Статья посвящена оптимизации диагностических коэффициентов, используемых при дифференциальной диагностике распространенных дерматозов, с целью минимизации ошибки верификации диагноза. Проведенные экспериментальные исследования подтверждают эффективность применения оптимизированных диагностических коэффициентов.

ДИФФЕРЕНЦИАЛЬНАЯ ДИАГНОСТИКА, РАСПРОСТРАНЕННЫЕ ДЕРМАТОЗЫ, ОПТИМИЗАЦИЯ, ЭВОЛЮЦИОННАЯ СТРАТЕГИЯ

Введение

Применение современных математических методов и информационных технологий к решению задачи дифференциальной диагностики распространенных дерматозов является неотъемлемой частью повышения качества диагностического процесса. Это связано как с наличием большого количества диагностических критериев, требующих анализа, так и с растущим числом атипичных проявлений распространенных дерматозов, что затрудняет постановку качественного диагноза [1].

Информационная технология дифференциальной диагностики распространенных дерматозов, разработанная в [2], заключается в определении патологии кожи, с которой состояние пациента наиболее сходно, на основе математического моделирования диагностического процесса. Формально суть этой задачи состоит в следующем. Пусть каждому элементу множества дерматозов $D = \{D_i\}_{i=1}^n$ поставлена в соответствие последовательность информативных параметров-симптомов S_j , состоящая из m упорядоченных элементов $D_i = \{S_{1i}, S_{2i}, \dots, S_{mi}\}$, каждый из которых характеризуется коэффициентом γ_{ij} , характеризующим выраженность (по сравнению с нормой) j -го симптома при i -ом заболевании, и коэффициентом α_{ijk} , характеризующим вероятность k -ой выраженности j -го симптома при i -ом заболевании. Таким образом, дерматопатология может быть охарактеризована трехмерной матрицей

$$A = \|\alpha_{ijk}\|_{k,j,i=1}^{q,m,n}.$$

Информация об оценке множества диагнозов согласно критериям выраженности и встречаемости получена путем экспертного опроса на основе метода структуризации принятия решений с использованием дельфийской процедуры обработки экспертных ответов [3].

Тогда задача верификации дифференцированного диагноза формулируется следующим образом: найти такой диагноз $D^o \in D$, который обеспечивает

оптимум целевому функционалу математической модели:

$$D^o = \arg \text{extr } \rho(A, B, \Delta, H),$$

где D^o — дерматопатология пациента; $\rho(A, B, \Delta, H)$ — критерий отличия дерматологического состояния пациента от состояний при дифференцируемых дерматозах; $A = \{\alpha_{ijk}\}$ — множество коэффициентов, характеризующих вероятность k -ой выраженности j -го симптома при i -ом заболевании; $B = \{\beta_{jk}\}$ — матрица коэффициентов, характеризующих наличие (отсутствие) k -ой выраженности j -го симптома у пациента; $H = \{\gamma_k\}$ — вектор-массив коэффициентов, характеризующих выраженность симптома (по сравнению с нормой); $\Delta = \{\delta_{ij}\}$ — множество коэффициентов, характеризующих вес j -го симптома для диагностики i -го заболевания.

Целевой функционал, который лежит в основе предлагаемой модели, выглядит следующим образом:

$$\rho_i(A, B, \Delta, H, M) = \sum_{j=1}^m \left[\delta_{ij} \cdot \sum_{k=1}^q \gamma_k (\alpha_{ijk} - \beta_{jk})^2 \right] \rightarrow \min_{\rho}. \quad (1)$$

Дерматоз, который минимально отличается от состояния пациента и есть искомый диагноз [2]. При этом качество диагностики зависит от правильности определения диагностических коэффициентов и корректности оценки состояния больного.

1. Постановка задачи

Целью работы является минимизация ошибки дифференциации диагноза пациента с дерматопатологией.

Для решения поставленной задачи целесообразно провести оптимизацию диагностических коэффициентов α_{ijk} , полученных экспертным путем. Это представляется возможным при увеличении контрольной группы за счет добавления новых клинически выверенных, получивших адекватную терапию и выздоровевших пациентов. При этом диагностические коэффициенты должны меняться таким образом, чтобы адекватно отражать

проявления патологии у всей выборки пациентов, характеризующих конкретный диагноз.

2. Выбор метода решения задачи оптимизации диагностических коэффициентов

Основными группами методов поиска оптимального решения являются:

- аналитические, сфера применения которых ограничивается локальностью области поиска оптимума, непосредственно окружающей данную точку [4];

- переборные, заключающиеся в последовательном определении и анализе значения функции цели в каждой точке пространства поиска, и вследствие этого обладающие низкой эффективностью [5];

- методы случайного поиска, основанные на случайном перемещении по пространству и запоминанию наилучшего из найденных решений, эффективность которых также оказывается случайной величиной [6];

- эволюционные алгоритмы, основанные на механизмах естественного отбора и наследования. Устойчивость методов этой группы обусловлена следующими преимуществами:

- 1) обработка не значений параметров, а их закодированной формы;

- 2) поиск оптимального решения в некоторой популяции, а не исходя из единственной точки;

- 3) использование минимума информации о задаче, то есть эволюционные алгоритмы используют непосредственно целевую функцию, а не ее производные или другие дополнительные сведения;

- 4) рандомизация операций, а именно использование вероятностных, а не детерминированных правил выбора.

К эволюционным алгоритмам относятся генетические алгоритмы, эволюционные стратегии, эволюционное программирование и генетическое программирование. Выбор одного из них проводится на основе условий конкретной решаемой задачи [7].

Так как целевая функция математической модели дифференциальной диагностики распространенных дерматозов (1), являющаяся функцией приспособленности эволюционного алгоритма, минимизируется, то применение классического генетического алгоритма без предварительных преобразований невозможно. Представление особей при помощи векторов вещественных чисел, содержащих значения переменных решаемой задачи (выраженность и встречаемость диагностических критериев) ограничивает возможность применения генетического программирования. Эволюционное программирование, при котором новая популяция формируется при помощи ранговой селекции не только из мутировавших особей, но и из особей старой популяции, ограничивается высокой

вероятностью доминирования над всей популяцией единственной особи, имеющей малое значение функции приспособленности, но слишком большие, либо слишком малые значения стандартных отклонений. Следовательно, целесообразным является использование для решения поставленной задачи эволюционной стратегии (μ, λ) , отвечающей всем перечисленным выше ограничениям.

Таким образом, целью данной работы является решение задачи поиска оптимального набора диагностических коэффициентов, позволяющего наиболее точно описать дифференцируемые дерматозы и минимизировать количество ошибочных диагнозов путем применения эволюционной стратегии (μ, λ) . При этом оптимизация коэффициентов каждого из пяти дифференцируемых дерматозов будет проводиться последовательно.

3. Применение эволюционной стратегии к решению задачи поиска оптимального дифференцированного диагностического решения в дерматологии

Определим основные понятия, используемые при реализации эволюционных алгоритмов.

Конечное множество всех возможных по МКБ заболеваний кожи представляет собой *популяцию*, *особями* которой являются возможные дерматологические состояния.

Каждая *особь* представляется *хромосомами* с закодированными в них диагностическими коэффициентами — *генами*.

На каждой итерации эволюционного алгоритма приспособленность каждой конкретной особи в популяции оценивается при помощи *функции приспособленности* $f(dr_{ip})$, в качестве которой выступает функция общей среднеквадратической погрешности между действительными и определенными по предложенной методике диагнозами пациентов контрольной группы, взятая со знаком минус:

$$f(dr_{pi}) = -Q_i = \frac{1}{P_i} \sum_{p=1}^{P_i} (dd_{pi} - dr_{pi})^2, \quad (2)$$

где Q_i — погрешность диагностики i -го диагноза; P_i — количество пациентов с i -ым диагнозом; $p = 1, 2, \dots, P_i$ — порядковый номер пациента с i -ым диагнозом; dd_{pi} — действительный диагноз p_i -го пациента ($dd_{pi}=1$); dr_{pi} — расчетный диагноз p_i -го пациента (если пациенту поставлен верный диагноз $dr_{pi}=1$, в противном случае $dr_{pi}=0$).

Таким образом, чем меньше погрешность диагностики, тем выше функция приспособленности коэффициентов для диагностики i -го дерматоза.

Реализация эволюционной стратегии (μ, λ) при решении задачи поиска максимума функции приспособленности и оптимизации диагностических коэффициентов выглядит следующим образом.

На первом этапе задаются значения параметров стратегии μ (размер исходной родительской

популяции) и λ (размер временной популяции), причем $\lambda \geq \mu$. Диагностика проводится с использованием функции (1), приспособленность особей оценивается согласно (2), а наиболее приспособленными признаются те особи, которые характеризуются наибольшими значениями этой функции.

Каждая особь состоит из векторов α_{ijk} и σ . Хромосома σ содержит значения стандартных отклонений соответствующих генов хромосомы α_{ijk} , которые используются в процессе мутации.

На втором этапе случайным образом генерируется исходная родительская популяция **P**, состоящая из μ особей. Если особи начальной родительской популяции заданы экспертом, количество итераций значительно уменьшается.

На третьем этапе путем репродукции формируется временная популяция **T**, состоящая из λ особей. Репродукция заключается в многократном случайном выборе λ особей из популяции **P** и включении их во временную популяцию **T**.

На четвертом этапе особи, вошедшие в популяцию **T**, подвергаются скрещиванию и мутации, в результате чего формируется популяция потомков **O**, численность которой также равна λ . Так как генетическим операциям подвергаются обе хромосомы – и вектор независимых переменных α_{ijk} , и вектор стандартных отклонений σ , на этом этапе также производится модификация величины мутации.

Скрещивание заключается в обмене или усреднении генов двух случайно выбранных особей.

Первой мутации подвергается хромосома σ в соответствии с формулой

$$\sigma'_j = \sigma_j \exp(\tau' N(0,1) + \tau N_j(0,1)), \quad (3)$$

где $j = 1, \dots, m$; m – длина хромосомы (соответствует количеству диагностических критериев); $N(0,1)$ – случайное число, имеющее нормальное распределение, которое выбирается один раз для всей хромосомы; $N_j(0,1)$ – случайное число, имеющее нормальное распределение, которое разыгрывается для каждого гена в отдельности; τ' и τ – параметры

эволюционной стратегии, влияющие на сходимость алгоритма:

$$\tau' = \frac{1}{\sqrt{2m}}, \quad \tau = \frac{1}{\sqrt{2\sqrt{m}}}. \quad (4)$$

Мутация α_{ijk} производится на основе определенных с помощью (2) мутировавших σ , а именно:

$$\alpha'_{ijk} = \alpha_{ijk} + \sigma'_j N_j(0,1). \quad (5)$$

На пятом шаге из популяций **O** выбираются μ лучших потомков, которые составят новую родительскую популяцию **P** [8].

Рассмотрим пример оптимизации диагностических коэффициентов заболевания Д5 при дифференциации пяти наиболее распространенных дерматозов (Д1 – атопический дерматит, Д2 – дерматит Дюринга, Д3 – лекарственная болезнь, Д4 – псориаз, Д5 – экзема) на основании анализа 14 информативных диагностических критериев в контрольной группе из 100 пациентов с Д5.

Для реализации генетического алгоритма в качестве начальной популяции выберем две особи, одна из которых соответствует диагнозу Д5, коэффициенты которого оптимизируются, а вторая – диагнозу Д4, который наиболее часто ошибочно диагностирован в рассматриваемой группе.

Таким образом, размер исходной родительской популяции $\mu=2$. Начальные значения компонентов вектора σ принимаем равными 1.

Каждая особь состоит из четырнадцати элементных векторов α_{ijk} и σ .

В табл. 1 представлены начальные значения компонентов вектора α_{ijk} двух сформированных особей.

Очевидно, что максимальной приспособленностью обладает первая особь.

Теперь при помощи случайного выбора с возвратом выбираем четыре особи для формирования временной популяции **T**. Предположим, что отобраны хромосомы 1, 1, 2, 1.

В соответствии с формулой (3) проводим процесс мутации каждого компонента векторов σ . При этом для каждой хромосомы случайным

Таблица 1

Исходная родительская популяция **P**

α_{ijk}		j														$f(dr_{pi})$
i	k	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	
1	1	0,0001	0,001	0,0001	0,0001	0,001	0,01	0,0001	0,1	0,1	0,0001	0,001	0,0001	0,9999	0,9999	0,92
	2	0,001	0,1	0,001	0,001	0,01	0,1	0,001	0,9999	0,9999	0,9999	0,1	0,001	0,1	0,1	
	3	0,1	0,9999	0,01	0,01	0,9999	0,9999	0,9999	0,0001	0,01	0,001	0,9999	0,01	0,01	0,01	
	4	0,9999	0,01	0,1	0,1	0,1	0,001	0,1	0,01	0,001	0,1	0,01	0,9999	0,001	0,001	
	5	0,01	0,0001	0,9999	0,9999	0,0001	0,0001	0,01	0,001	0,0001	0,01	0,0001	0,1	0,0001	0,0001	
2	1	0,001	0,001	0,9999	0,001	0,01	0,001	0,0001	0,1	0,1	0,001	0,0001	0,0001	0,01	0,9999	0,03
	2	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,01	0,001	0,9999	0,9999	0,1	0,9999	0,9999	0,1	0,1	
	3	0,9999	0,9999	0,01	0,9999	0,9999	0,9999	0,9999	0,0001	0,01	0,9999	0,001	0,001	0,9999	0,01	
	4	0,01	0,01	0,001	0,01	0,001	0,1	0,1	0,01	0,001	0,01	0,1	0,1	0,001	0,001	
	5	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,01	0,001	0,0001	0,0001	0,01	0,01	0,0001	0,0001	

образом разыгрываем значения $N(0,1)$. Допустим $N_1(0,1) = 0,94$, а $N_2(0,1) = 0,15$. Процесс мутации элементов σ_j представлен в табл. 2.

Таблица 2

Мутация генов хромосомы σ

j	$i = 1$			$i = 2$		
	σ_j	$N_j^\sigma(0,1)$	σ'_j	σ_j	$N_j^\sigma(0,1)$	σ'_j
1	1	0,16	1,27	1	0,90	1,67
2	1	0,67	1,53	1	0,54	1,46
3	1	0,74	1,57	1	0,70	1,55
4	1	0,01	1,20	1	0,44	1,41
5	1	0,50	1,44	1	0,51	1,44
6	1	0,04	1,21	1	0,12	1,25
7	1	0,78	1,60	1	0,19	1,28
8	1	0,23	1,30	1	0,32	1,35
9	1	0,48	1,43	1	0,64	1,51
10	1	0,84	1,63	1	0,15	1,26
11	1	0,42	1,40	1	0,08	1,23
12	1	0,81	1,61	1	0,37	1,37
13	1	0,05	1,22	1	0,41	1,39
14	1	0,70	1,55	1	0,08	1,23

На основании полученных новых значений величины σ'_j по формуле (5) проводится мутация хромосом α_{ijk} . По завершении всех генетических операций получим популяцию **О**, представленную в табл. 3.

В новую родительскую популяцию включаются две лучшие особи популяции потомков **О**. В нашем случае это особи 2 и 4. При сравнении таблиц 1 и 3 заметно улучшение показателей. Новая популяция **Р** более близка к оптимальному решению.

В результате выполнения 200 поколений эволюционной стратегии были найдены значения весовых коэффициентов, полученные уже в 179 поколении (табл. 4), которым соответствует максимальное значение функции приспособленности $\rho = 0,97$.

Проанализируем результаты выполнения эволюционной стратегии на протяжении 200 поколений. На рис. 1 демонстрируется изменение наилучшего (жирная линия) и среднего (тонкая линия) значений функции приспособленности на протяжении 200 поколений.

На графике заметно улучшение результатов, достигнутое во втором поколении, однако уже на следующем шаге показатели сильно ухудшились. Это обусловлено тем, что, согласно эволюционной стратегии (μ, λ) , наиболее приспособленные особи из предыдущей популяции не переносятся во вновь созданную.

Аналогичным образом проводится оптимизация диагностических коэффициентов диагнозов Д1, Д2, Д3 и Д4.

Таблица 3

Популяция потомков

α_{ijk}		j														$f(dr_{pi})$
i	k	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	
1	1	0,0025	0,0153	0,0087	0,0276	0,0019	0,0254	0,1371	0,0016	0,0153	0,0178	0,5789	0,0025	0,9999	0,9999	0,67
	2	0,0129	0,1371	0,0016	0,0147	0,0178	0,1573	0,5789	0,0056	0,1371	0,5912	0,357	0,0129	0,0276	0,5789	
	3	0,1824	0,5789	0,0056	0,0691	0,5912	0,9951	0,357	0,0571	0,0025	0,8647	0,0005	0,1824	0,0691	0,0019	
	4	0,8173	0,357	0,0571	0,0584	0,8647	0,0063	0,1481	0,9942	0,0129	0,0259	0,5789	0,9999	0,0584	0,0178	
	5	0,0257	0,0005	0,9942	0,8146	0,0259	0,0715	0,0361	0,0082	0,1824	0,01	0,0153	0,1	0,8146	0,5912	
2	1	0,0017	0,0102	0,0058	0,0184	0,0013	0,0169	0,0914	0,0011	0,0102	0,0119	0,3859	0,0017	0,6666	0,6666	0,93
	2	0,0086	0,0914	0,0011	0,0098	0,0119	0,1049	0,3859	0,0037	0,0914	0,3941	0,2380	0,0086	0,0184	0,3859	
	3	0,1216	0,3859	0,0037	0,0461	0,3941	0,6634	0,2380	0,0381	0,0017	0,5765	0,0003	0,1216	0,0461	0,0013	
	4	0,5449	0,2380	0,0381	0,0389	0,5765	0,0042	0,0987	0,6628	0,0086	0,0173	0,3859	0,6666	0,0389	0,0119	
	5	0,2085	0,6616	0,0064	0,0790	0,6757	1,1373	0,4080	0,0653	0,0029	0,9882	0,0006	0,2085	0,0790	0,0022	
3	1	0,9341	0,4080	0,0653	0,0667	0,9882	0,0072	0,1693	1,1362	0,0147	0,0296	0,6616	1,1427	0,0667	0,0203	0,34
	2	0,0294	0,0006	1,1362	0,9310	0,0296	0,0817	0,0413	0,0094	0,2085	0,0114	0,0175	0,1143	0,9310	0,6757	
	3	0,0019	0,0117	0,0066	0,0210	0,0014	0,0194	0,1045	0,0012	0,0117	0,0136	0,4411	0,0019	0,7618	0,7618	
	4	0,4843	0,2116	0,0338	0,0346	0,5124	0,0037	0,0878	0,5892	0,0076	0,0153	0,3431	0,5925	0,0346	0,0105	
	5	0,1853	0,5881	0,0057	0,0702	0,6006	1,0109	0,3627	0,0580	0,0025	0,8784	0,0005	0,1853	0,0702	0,0019	
4	1	0,8303	0,3627	0,0580	0,0593	0,8784	0,0064	0,1505	1,0100	0,0131	0,0263	0,5881	1,0158	0,0593	0,0181	0,78
	2	0,0261	0,0005	1,0100	0,8275	0,0263	0,0726	0,0367	0,0083	0,1853	0,0102	0,0155	0,1016	0,8275	0,6006	
	3	0,0017	0,0102	0,0058	0,0184	0,0013	0,0169	0,0914	0,0011	0,0102	0,0119	0,3859	0,0017	0,6666	0,6666	
	4	0,0086	0,0914	0,0011	0,0098	0,0119	0,1049	0,3859	0,0037	0,0914	0,3941	0,2380	0,0086	0,0184	0,3859	
	5	0,1216	0,3859	0,0037	0,0461	0,3941	0,6634	0,2380	0,0381	0,0017	0,5765	0,0003	0,1216	0,0461	0,0013	

Таблица 4

Оптимальные значения весовых коэффициентов

α_{ijk}		j														$f(dr_{pi})$
i	k	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	
1	1	0,0001	0,0011	0,0012	0,0002	0,0013	0,0157	0,0001	0,1039	0,1107	0,0002	0,0011	0,0001	0,7368	0,6957	0,97
	2	0,0012	0,1114	0,0014	0,0011	0,0116	0,109	0,0011	0,9360	0,9991	0,9580	0,1004	0,0013	0,1002	0,1005	
	3	0,1061	0,9697	0,0124	0,0112	0,9519	0,9689	0,9769	0,0003	0,0107	0,0011	0,9084	0,0116	0,0103	0,0108	
	4	0,9815	0,0115	0,1008	0,1070	0,1002	0,0011	0,1005	0,0101	0,0013	0,1061	0,0104	0,9995	0,0012	0,0011	
	5	0,0141	0,0003	0,9809	0,9979	0,0002	0,0001	0,0111	0,0014	0,0001	0,0121	0,0001	0,1079	0,0001	0,0002	

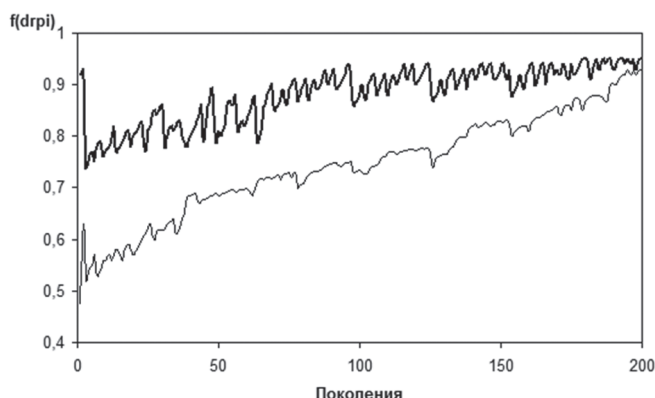


Рис. 1. График функции приспособленности особей на протяжении 200 поколений

Сравнение результатов дифференциальной диагностики распространенных дерматозов с использованием диагностических коэффициентов без оптимизации и после реализации эволюционной стратегии (табл. 5) доказывает эффективность применения разработанной методики.

Таблица 5

Результаты дифференциальной диагностики до и после оптимизации коэффициентов

Диаг- ноз	Коли- чество паци- ентов	Без оптимизации коэффициентов		После оптимизации коэффициентов	
		Количество корректных диагнозов	Ошиб- ка, %	Количество корректных диагнозов	Ошиб- ка, %
Д1	70	66	5,71	67	4,28
Д2	50	48	4,00	49	2,00
Д3	80	76	5,00	77	3,75
Д4	150	143	2,00	145	1,33
Д5	100	92	8,00	97	3,00
Всего	450	425	4,67	435	3,33

Выводы

Для решения задачи оптимизации диагностических коэффициентов, которые используются при дифференциальной диагностике распространенных дерматозов, применена эволюционная стратегия (μ, λ).

Преимуществами выбранной стратегии являются: отсутствие использования рекомбинаций лучших решений, оперирование векторами вещественных чисел, рандомизация эволюционных операций и нечувствительность к виду функции приспособленности.

Применение эволюционной стратегии к решению поставленной оптимизационной задачи благодаря большому количеству особей и, следовательно, большому разнообразию генотипов, позволяет избежать получения конечного решения в виде локального минимума.

В результате экспериментальных исследований ошибка диагностики была уменьшена на 1,34 %. Следовательно, полученные диагностические коэффициенты позволяют повысить качество дифференциации распространенных дерматозов.

Список литературы: 1. Туркевич, Ю.М. Шкірні та венеричні хвороби [Текст] / Ю.М. Туркевич, О.Ю. Туркевич, О.О. Сизон под общ. ред. Ю.М. Туркевич – Львів: ЗУКЦ, 2011. – 239 с. 2. Бых, А.И. Информационная технология дифференциальной диагностики распространенных дерматозов [Текст] / А.И. Бых, Е.В. Высоцкая, В.А. Клименко, А.И. Печерская // Радиоэлектронные и компьютерные системы. – 2012. №1. – С. 138 – 143. 3. Висоцька, О.В. Метод визначення інформативних ознак для диференціальної діагностики поширених дерматозів [Текст] / О.В. Висоцька, Е.М. Солошенко, А.І. Печерська // Системи обробки інформації. – 2012. – Вип. 5 (103). – С. 117 – 121. 4. Алексеев, С.И. Исследование систем управления – М.: Изд. центр ЕАОИ, 2008. – 195 с. 5. Соловьев, В.И. Методы оптимальных решений: Учебное пособие [Текст] / В.И. Соловьев. – М.: Финансовый университет, 2012. – 364 с. 6. Парасюк, И.Н. Размытый алгоритм метода вектора спада для решения оптимизационных задач на выборках [Текст] / И.Н. Парасюк, М.Ф. Каспшицкая // Компьютерная математика. – 2009. – № 1. – С. 152–163. 7. Рутковский, Л. Методы и средства искусственного интеллекта [Текст] : пер. с польск. / Л. Рутковский. – М.: Горячая линия – Телеком, 2010. – 520 с. 8. Скобцов, Ю.О. Основы эволюционных обчислень [Текст] / Ю.О. Скобцов – Донецк: ДонНТУ, 2009. – 316 с.

Поступила в редколлегию 31.05.2012

УДК 519:616-079.4:616.5

Оптимізація діагностичних коефіцієнтів для диференціальної діагностики поширених дерматозів шляхом застосування еволюційної стратегії / О.В. Висоцька, Е.М. Солошенко, А.І. Печерська // Біоніка інтелекту: наук.-техн. журнал. – 2012. – № 2 (79). – С. 63–67.

В статті запропонована методика оптимізації діагностичних коефіцієнтів з метою мінімізації похибки при диференціальній діагностиці поширених дерматозів. Розроблена методика передбачає пошук оптимальних значень діагностичних коефіцієнтів з множини початкових альтернатив шляхом виконання генетичних операцій схрещування, мутації та селекції.

Табл. 5. Іл. 1. Бібліогр.: 8 найм.

UDC 519:616-079.4:616.5

Optimization of diagnostic coefficients for differential diagnostics of widespread dermatosis by application the evolutionary strategy / O.V. Vysotska, E.M. Soloshenko, A.I. Pecherska // Bionics of Intelligence: Sci. Mag. – 2012. – № 2 (79). – P. 63–67.

The method optimization of diagnostic coefficients is offered with the purpose of minimization the error at differential diagnostics of widespread dermatosis is considered in the article. The developed method foresees finding an optimum values of diagnostic coefficients from the great number of initial alternatives by implementation the genetic operations of crossing, mutation and selection.

Tab. 5. Fig. 1. Ref.: 8 items.