

Эта часть работы выложена в ознакомительных целях. Если вы хотите получить работу полностью, то приобретите ее воспользовавшись формой заказа на странице с готовой работой:

<https://stuservis.ru/magisterskaya-rabota/249686>

Тип работы: Магистерская работа

Предмет: Биохимия

Введение

1. Искусственный интеллект в медицине	4
1.1. Искусственный интеллект – терминология и базовые понятия	11
1.1.1. Искусственный интеллект и цифровизация революционизируют лабораторную диагностику	11
1.1.2. Задачи и алгоритмы искусственного интеллекта в медицине.	15
1.2. Методы и модели искусственного интеллекта в медицине	20
1.2.1. Принципы и алгоритмы машинного обучения	20
1.2.2. Спектр машинного обучения	25
1.2.3. Типы обучения	27
1.2.4. Методы машинного обучения	28
2. Искусственный интеллект в гематологии	32
2.1. Применение искусственного интеллекта в гематологии	32
2.1.1. Машинное обучение в гематологии.	32
2.1.2. Анализ изображений.	33
2.1.3. Лабораторные данные и данные ЭМК	35
2.1.4. Искусственный интеллект в диагностических методах гематологии	37
2.1.5. Гематологический анализатор визуализации с искусственным интеллектом	44
2.2. Методы и модели искусственного интеллекта в диагностике гематологических заболеваний.	46
2.2.1. Моделирование	46
2.2.2. Алгоритмы машинного обучения в классификации гематологических заболеваний.	49
2.2.3. Текущие проблемы клинического внедрения методов на основе ИИ	57
2.2.4. Возможности и перспективы методов и моделей искусственного интеллекта в диагностике гематологических заболеваний	58
3. Гематологические анализаторы с искусственным интеллектом в лабораторной информационной системе	61
3.1. Гематологические анализаторы в лабораторной информационной системе.	61
3.1.1. Структура и функции гематологического анализатора	61
3.1.2. Визуализация монослоя в реальном времени	66
3.1.3. Окрашивание и мультиспектральная визуализация.	67
3.1.4. Сканирующее оборудование	68
3.1.5. Алгоритмический анализ	69
3.2. Гематологические анализаторы с искусственным интеллектом.	71
3.2.1. ABX Horiba (Франция)	72
3.2.2. Becton Coulter (США)	88
3.2.3. Sysmex (Япония)	91
Заключение.	108
Список использованных источников.	110

Введение

Искусственный интеллект (ИИ) становится незаменимым в секторе здравоохранения. Примеры успешных приложений или многообещающих подходов варьируют от применения программного обеспечения для распознавания образов для предварительной обработки и анализа цифровых медицинских изображений до алгоритмов глубокого обучения для классификации подтипов или заболеваний, технологии цифровых двойников и клинических испытаний на основе компьютерного моделирования (*in silico*). Кроме того, методы машинного обучения используются для выявления закономерностей и аномалий в электронных медицинских картах и выполнения специальной оценки данных, собранных с носимых устройств отслеживания состояния здоровья, для глубокого продольного фенотипирования. В последние годы был достигнут значительный прогресс в автоматизированной классификации изображений, в некоторых случаях достигший даже сверхчеловеческого уровня.

Перспектива ИИ в здравоохранении заключается в улучшении качества и безопасности медицинской помощи, а потенциал демократизировать экспертизу.

Приложения ИИ в медицине включают устройства, применяемые для клинической диагностики в неврологии и сердечно-легочных заболеваниях, а также использование экспертных или основанных на знаниях систем в рутинной клинической практике для диагностики, терапевтического лечения и прогностической оценки. Биологические приложения включают секвенирование генома или микроматрицы экспрессии генов ДНК, моделирование генных сетей, анализ и кластеризацию данных экспрессии генов, распознавание образов в ДНК и белках, прогнозирование структуры белков.

Nakagawa и др. [1] разработали систему искусственного интеллекта на основе глубокого обучения для оценки поверхностной плоскоклеточной карциномы пищевода (SCC). Инвазия в глубину опухоли является критическим фактором, влияющим на выбор лечения. Однако оценка глубины рака является субъективной, и вариабельность между наблюдателями является обычным явлением. Авторы получили 8660 не увеличенных эндоскопических (не МЭ) и 5678 МЭ изображений в качестве обучающего набора данных и 405 не МЭ изображений от 155 пациентов в качестве проверочного набора. Система показала чувствительность и специфичность 90,1 и 95,8% соответственно, а ее эффективность в диагностике глубины инвазии при поверхностном плоскоклеточном раке была сравнима с таковой у опытных эндоскопистов.

Точно так же Horie и др. [2] разработали CNN с глубоким обучением и проверили ее способность диагностировать плоскоклеточный рак пищевода и аденокарциному. Они ретроспективно собрали 8428 обучающих изображений известной карциномы пищевода от 384 пациентов в своей больнице, а затем подготовили 1118 тестовых изображений от 47 пациентов с раком пищевода и 50 пациентов без рака, чтобы оценить точность диагностики. CNN потребовалось всего 27 секунд для анализа тестовых изображений с чувствительностью 98%. Он выявил все виды рака размером менее 10 мм. Авторы считают, что дополнительное обучение приведет к еще большей диагностической точности, что облегчит раннюю диагностику с последующим улучшением прогноза для пациентов с раком пищевода

Hirasawa и др. [3] разработали CNN для обнаружения рака желудка на эндоскопических изображениях. Они обучили свою диагностическую систему на основе CNN, используя 13584 эндоскопических изображения рака желудка. Для оценки диагностической точности к построенной CNN был применен независимый тестовый набор из 2296 изображений, полученных от 69 последовательных пациентов с 77 поражениями рака желудка. CNN правильно диагностировал 71 из 77 раковых поражений с общей чувствительностью 92,2%. Правильно выявлены 70 из 71 очага (98,6%) диаметром 6 мм и более, а также все инвазивные раки. Все пропущенные поражения были поверхностно депрессивными и дифференцированными – рак внутри слизистой оболочки, который было трудно отличить от гастрита даже для опытных эндоскопистов. Таким образом, система, разработанная Hirasawa и др. смогла обработать множество сохраненных эндоскопических изображений за очень короткое время с клинически значимой диагностической способностью и может применяться в повседневной клинической практике для снижения нагрузки на эндоскопистов.

Esteva и др. [4] разработали глубокую CNN для различения наиболее распространенных видов рака кожи, включая злокачественную меланому. Они сравнили свой алгоритм с алгоритмом 21 сертифицированного дерматолога при оценке подтвержденных биопсией клинических изображений и продемонстрировали, по крайней мере, эквивалентное, если не прямое превосходство. Авторы предположили, что мобильные устройства, такие как смартфоны, могут быть развернуты с аналогичными алгоритмами, обеспечивая потенциально недорогой универсальный доступ к жизненно важной диагностической помощи в любой точке мира. Дигитальная патология становится новым стандартом лечения в дерматологии и персонализированной медицине. Это сотрудничество между дерматопатологией и дерматологией (персонализированная дерматология) направлено на терапию, адаптированную к конкретным

потребностям каждого пациента [5].

В другом недавнем исследовании Gulshan и др [6] применили подход глубокой CNN к тестовому набору из более чем 128 000 изображений глазного дна сетчатки взрослых пациентов с диабетом для выявления подлежащей лечению диабетической ретинопатии. Алгоритм, который они разработали, продемонстрировал очень высокую чувствительность и специфичность для выявления диабетической ретинопатии и макулярного отека. Это исследование показало, что ИИ будет использоваться не для замены врачей, а скорее для выполнения простых, экономически эффективных и широко доступных обследований и анализов, которые могут помочь выявить пациентов из группы риска, которым требуется направление на специализированную помощь, а также убедить других пациентов в отсутствии ретинопатии.

В недавнем исследовании Dong и др. [7] использовали алгоритмы машинного обучения для прогнозирования течения болезни Крона у китайских пациентов. Болезнь Крона – сложное заболевание, и его течение трудно предсказать. Предложенная ими модель машинного обучения точно предсказала риск хирургического вмешательства у их пациентов. Авторы были уверены, что его можно использовать для разработки стратегий лечения с учетом индивидуальных особенностей пациентов с болезнью Кона. В радиологии ИИ повышает точность диагностической визуализации. Поскольку изображения пациентов могут быть напрямую получены в цифровом виде для централизованного архивирования и просмотра электронных копий, рентгенологическая практика с готовностью внедрила ИИ в клиническую практику. Налаженная инфраструктура цифровых изображений позволила беспрепятственно интегрировать ИИ в рабочий процесс радиологии. Большие объемы данных могут быть переведены и переданы в течение нескольких минут. Для изображений пациентов, созданных с помощью различных методов визуализации, таких как рентген, магнитно-резонансная томография, компьютерная томография, УЗИ и маммография, искусственный интеллект с глубоким обучением может быть автоматизирован для точного определения областей интереса и диагностики. Распознавание изображений с использованием ИИ с глубоким обучением с помощью CNN значительно улучшилось и все чаще применяется для диагностической визуализации [8]. Несмотря на растущее осознание важности генетического контекста, диагностика в гематологии по-прежнему в основном основывается на оценке фенотипа. Либо путем анализа микроскопических изображений клеток в цитоморфологии, либо путем анализа клеточных популяций на двумерных графиках, полученных методом проточной цитометрии. Здесь алгоритмы ИИ не только обнаруживают детали, которые могут ускользнуть от человеческого глаза, но также могут определять совершенно новые способы интерпретации этих изображений. С внедрением высокопроизводительного секвенирования следующего поколения в молекулярной генетике объем доступной информации увеличивается в геометрической прогрессии, открывая возможности для применения подходов машинного обучения. Целью всех подходов является обеспечение персонализированных и информированных вмешательств, повышение эффективности лечения, повышение своевременности и точности диагнозов, а также минимизация неправильной классификации, вызванной техническими причинами.

В области гематологии первые устройства на основе ИИ были применены для рутинного управления лабораторными данными. Новые инструменты касаются дифференциальной диагностики конкретных заболеваний, таких как анемии, талассемии и лейкемии, на основе нейронных сетей, обученных на данных анализа периферической крови. Революцией в диагностике рака, включая диагностику гематологических злокачественных новообразований, стало внедрение первого основанного на микрочипах и биоинформатического подхода для молекулярной диагностики: систематического подхода, основанного на мониторинге одновременной экспрессии тысяч генов с использованием ДНК-микрочипов, независимо от предыдущих биологических знаний, проанализированные с помощью устройств ИИ. Используя профилирование генов, традиционные диагностические пути переходят от клинических к молекулярно-ориентированным диагностическим системам.

За последние 15 лет комплексная диагностика лейкемии и лимфомы становится все более сложной задачей. Чтобы следовать рекомендациям классификации Всемирной организации здравоохранения (ВОЗ), для постановки диагноза необходимо объединить результаты из разных областей, включая цитоморфологию, цитогенетику, иммунофенотипирование и молекулярную генетику. Повышение пропускной способности благодаря внедрению технологий секвенирования нового поколения и сопутствующее расширение аналитического спектра в молекулярной генетике повысили ценность молекулярно-генетических результатов для диагностики, о чем свидетельствует пересмотр классификации ВОЗ лейкемий и лимфом в 2017 г. [9].

Изобилие доступной молекулярной информации расширило возможности диагностики лейкемии и лимфомы и привело к новому пониманию биологии, лежащей в основе соответствующих заболеваний, что

спровоцировало сдвиг в диагностике от фенотипа к генотипу. Кроме того, идентификация растущего списка диагностических и прогностических маркеров, точная оценка межиндивидуальной вариативности и продолжающиеся усилия по установлению корреляций между различными уровнями информации, которые в конечном итоге могут привести к улучшению вариантов таргетной терапии, прокладывают путь для персонализированной медицины. Параллельно с этим бесспорно то, что процесс сбора данных становится цифровым, что позволяет автоматизировать интеграцию различных результатов испытаний и обеспечивает легкий доступ для всех заинтересованных сторон. Следовательно, путь идет от аналогового к цифровому и от фенотипа к генотипу.

Цифровые данные также являются основной предпосылкой для применения новых методов искусственного интеллекта. Вместе с глубоким обучением (deep learning, DL) и машинным обучением (machine learning, ML) ИИ в настоящее время является актуальным почти во всех научных дисциплинах и может революционизировать диагностические подходы в гематологии. Благодаря резкому повышению производительности в последние годы ИИ находится на грани внедрения в рутинную диагностику для улучшения методов диагностики, но еще больше для облегчения классификации заболеваний и руководства лечением. Одной из захватывающих перспектив является разработка цифровых двойников для прогнозирования траекторий развития рака и прогнозирования потенциального воздействия различных терапевтических стратегий компьютерного моделирования. Оценка этих симуляций может помочь выбрать наиболее перспективные вмешательства для каждого отдельного пациента.

Список использованных источников

1. Nakagawa K., et al. Classification for invasion depth of esophageal squamous cell carcinoma using a deep neural network compared with experienced endoscopists //Gastrointest Endosc. – 2019. – Vol. 90(3). – P. 407–414.
2. Horie Y., et al. Diagnostic outcomes of esophageal cancer by artificial intelligence using convolutional neural networks //Gastrointest Endosc. 2019. – Vol. 89(1). – P. 25–32.
3. Hirasawa T., et al. Application of artificial intelligence using a convolutional neural network for detecting gastric cancer in endoscopic images //Gastric Cancer. – 2018. – Vol. 21(4). – P. 653–60.
4. Esteva A., et al. Dermatologist-level classification of skin cancer with deep neural networks //Nature. – 2017. – Vol. 542(7639). – P. 115–8.
5. Pavlova O., Gilliet M., Hohl D. Digital pathology for the dermatologist //Rev Medical Suisse. – 2020. – Vol. 16(688). – P. 618–21.
6. Gulshan V., et al. Development and validation of a deep learning algorithm for detection of diabetic retinopathy in retinal fundus photographs. //JAMA. – 2016. – Vol. 316(22). – P. 2402–10.
7. Dong Y., et al. A novel surgical predictive model for Chinese Crohn's disease patients. //Medicine (Baltimore). 2019. – Vol. 98(46). – P. – 175–210.
8. Wong S.T.C. Is pathology prepared for the adoption of artificial intelligence? //Cancer Cytopathol. – 2018. – Vol. 126(6). – P. 373–375.
9. Swerdlow S.H., et al. editors. WHO classification of tumours of haematopoietic and lymphoid tissues. //Revised 4th edn. Lyon. International Agency for Research on Cancer. – Vol. 2017.
10. Future of Artificial Intelligence in the Diagnostic Lab survey. Commissioned by Siemens Healthineers. 2018. – URL: <https://www.siemens-healthineers.com/en-us/news/mso-ai-will-change-clinical-laboratory.html>.
11. <https://www.ibm.com/blogs/watson/2016/05/biggest-data-challenges-might-not-even-know>.
12. Torkamani A., et al. High-definition medicine. //Cell. – 2017. – Vol. 170. – P. 828–843.
13. Esteva A., et al. A guide to deep learning in healthcare. //Nat Medical. – 2019. – Vol. 25. – P. 24–29.
14. Fraser K.C., Meltzer J.A., Rudzicz F. Linguistic features identify Alzheimer's disease in narrative speech. //Journal Alzheimers Dis. – 2016. – Vol. 49. – P. 407–422.
15. Rajkomar A., et al. Scalable and accurate deep learning for electronic health records. //NPJ Digit Medical – 2018. – Vol. 1. – P. 18.
16. Zou J., et al. A primer on deep learning in genomics. //Nat Genet. 2019. – Vol. 51. – P. 12–18.
17. Eraslan G., et al. Deep learning: new computational modelling techniques for genomics. //Nat Rev Genet. 2019. – Vol. 20. – P. 389–403.
18. Zhang Z., et al. An automated framework for efficiently designing deep convolutional neural networks in genomics // Nature Machine Intelligence. – August 19, 2020.
19. Quang D., Xie X., DanQ: a hybrid convolutional and recurrent deep neural network for quantifying the function of DNA sequences. //Nucleic Acids Res. – 2016. – Vol. 44. – P. e107.
20. Retson T.A., et al. Machine learning and deep neural networks in thoracic and cardiovascular imaging. //Journal

Thorac Imaging. - 2019. - Vol. 34. - P. 192-201.

21. Asch F.M., et al. Accuracy and reproducibility of a novel artificial intelligence deep learningbased algorithm for automated calculation of ejection fraction in echocardiography. //Journal Am Coll Cardiol. - 2019. - Vol. 73(9 Supplement 1). - P. 1447.
22. Le E.P.V., et al. Artificial intelligence in breast imaging. //Clin Radiol. - 2019. - Vol. 74. - P. 357-366.
23. Majumdar A., et al. Detecting intracranial hemorrhage with deep learning. //Conf Proc IEEE Eng Medical Biol Soc. - 2018. - Vol. 2018. - P. 583-7.
24. FDA approves stroke-detecting AI software. //Nat Biotechnol. 2018. - Vol. 36. - P. 290.
25. van der Heijden A.A., et al. Validation of automated screening for referable diabetic retinopathy with the IDx-DR device in the Hoorn diabetes care system. //Acta Ophthalmol. - 2018. - Vol. 96. - P. 63-8.
26. Evans A.J., et al. US Food and Drug Administration approval of whole slide imaging for primary diagnosis: a key milestone is reached and new questions are raised. //Arch Pathol Lab Medical 2018. - Vol. 142. - P. 1383-1387.
27. Esteva A., et al. Dermatologist-level classification of skin cancer with deep neural networks. //Nature. - 2017. - Vol. 542. - P. 115-118.
28. Niazi M.K.K, Parwani A.V., Gurcan M.N. Digital pathology and artificial intelligence. //Lancet Oncol. - 2019. - Vol. 29. - P. 253-261.
29. Deo R.C. Machine learning in medicine. Circulation. - 2015. - Vol. 132(20). - P. 1920-30.
30. Buch V.H., AhMedical I., Maruthappu M. Artificial intelligence in medicine. - P. current trends and future possibilities. //Br J Gen Pract. 2018 Mar. - Vol. 68(668). - P. 143-4.
31. Beam A.L., Kohane I.S. Big data and machine learning in health care. //JAMA. - 2018. - Vol. 319. - P. 1317-1328.
32. Liu Y., Chen P-HC, et al. How to read articles that use machine learning: Users' Guides to the Medical Literature. //JAMA. - 2019. - Vol. 322. - P. 1806-16.
33. Rajkomar A., Dean J., Kohane I. Machine learning in medicine. //N Engl J Medical - 2019. - Vol. 380. - P. 1347-58.
34. Samuel A.L. Some studies in machine learning using the game of checkers. //IBM J Res Dev. 1959. - Vol. 3. - P. 210-29.
35. Breiman L. Statistical modeling. - P. The two cultures (with comments and a rejoinder by the author). //Stat Sci. - 2001. - Vol. 16. - P. 199-231.
36. Wu J.T., et al. Comparison of chest radiograph interpretations by artificial intelligence algorithm vs radiology residents. //JAMA Netw Open. - 2020. - Vol. 3. - P. e2022779.
37. Esteva A., et al. Dermatologist-level classification of skin cancer with deep neural networks. //Nature. 2017. - Vol. 542. - P. 115-8.
38. Shahid A.H., Singh M.P. Computational intelligence techniques for medical diagnosis and prognosis. - P. problems and current developments. //Biocybern BioMedical Eng. - 2019. - Vol. 39(3). - P. 638-72.
39. Лучинин А.С. Искусственный интеллект в гематологии //Клиническая онкогематология. - 2022. - Vol. 15(1). - P. 16-27.
40. Guglielmelli P., et al. MIPSS70. - P. mutation-enhanced international prognostic score system for transplantation-age patients with primary myelofibrosis. //Journal Clin Oncol. - 2018. - Vol. 36. - P. 310-318.
41. Esteva A., et al. A guide to deep learning in healthcare. //Nat Medical 2019. - Vol. 25. - P. 24-29.
42. Kooi T., et al. Large scale deep learning for computer aided detection of mammographic lesions. //Medical Image Anal. - 2017. - Vol. 35. - P. 303-12.
43. Milea D., et al. Artificial intelligence to detect papilledema from ocular fundus photographs. //N Engl J Medical - 2020. - Vol. 382. - P. 1687-1695.
44. Frank E., et al. The WEKA Workbench. Online Appendix for" Data Mining: Practical Machine Learning Tools and Techniques. - Morgan kaufmann.
45. Shouval R., et al. Application of machine learning algorithms for clinical predictive modeling: a data-mining approach in SCT. //Bone Marrow Transplant. - 2014. - Vol. 49. - P. 332-337.
46. Alizadeh A.A., et al. Distinct types of diffuse large B-cell lymphoma identified by gene expression profiling. //Nature. - 2000. - Vol. 403. - P. 503-511.
47. Komorowski M., et al. The artificial intelligence clinician learns optimal treatment strategies for sepsis in intensive care. //Nat Medical - 2018. - Vol. 24. - P. 1716-1720.
48. Sagi O., Rokach L. Ensemble learning: a survey. - Wiley Interdisciplinary Reviews: Data Mining and Knowledge Discovery. - 2018. - Vol. 8. - P. e1249.
49. Chen T, Guestrin C. Xgboost: A scalable tree boosting system. //In: Proceedings of the 22nd acm sigkdd international conference on knowledge discovery and data mining. - P. 785-794, 2016.
50. Freund Y, Schapire R, Abe NJJ-JSAI. A short introduction to boosting. Journal-Japanese Society For Artificial

Intelligence. - 1999. - Vol. 14. - P. 1612.

51. Hastie T., et al. The Elements of Statistical Learning: Data Mining, Inference, and Prediction. Berlin, Germany: Springer Science & Business Media. - Vol. 2009.

52. Krogh A. What are artificial neural networks? //Nat Biotechnol. - 2008. - Vol. 26. - P. 195-197.

53. Noble W.S. What is a support vector machine? //Nat Biotechnol. - 2006. - Vol. 24. - P. 1565-1567.

54. Shouval R., et al. Prediction of hematopoietic stem cell transplantation related mortality- lessons learned from the In-Silico Approach: A European Society for Blood.

55. Shekelle P.G., et al. Machine Learning Versus Standard Techniques for Updating Searches for Systematic Reviews: A Diagnostic Accuracy Study. //Ann Intern Medical - 2017. - Vol. 167(3). - P. 213-5.

56. He J., et al. The practical implementation of artificial intelligence technologies in medicine. //Nat Medical - 2019. - Vol. 25. - P. 30-6.

57. Murdoch T.B., Detsky A.S. The inevitable application of big data to health care. //JAMA. 2013. - Vol. 309. - P. 1351-1362.

58. Shouval R., et al. Validation of the acute leukemia-EBMT score for prediction of mortality following allogeneic stem cell transplantation in a multi-center GITMO cohort. //Am J Hematol. - 2017. - Vol. 92. - P. 429-34.

59. Shouval R., et al. Prediction of allogeneic hematopoietic stem-cell transplantation mortality 100 days after transplantation using a machine learning algorithm: a European group for blood and marrow transplantation acute leukemia working party retrospective data mining study. //Journal Clin Oncol. - 2021. - Vol. 27. - P. 142-150.

60. Arai Y., et al. Using a machine learning algorithm to predict acute graft-versus-host disease following allogeneic transplantation. //Blood Advances. - 2019. - Vol. 3. - P. 3626-3634.

61. Agius R., et al. Machine learning can identify newly diagnosed patients with CLL at high risk of infection. //Nat Commun. - 2020. - Vol. 11. - P. 363.

62. Gal O., et al. Predicting complete remission of acute myeloid leukemia: machine learning applied to gene expression. //Cancer Inform. - 2019. - Vol. 18. - P. 117-144

63. Milgrom S.A., et al. A PET radiomics model to predict refractory mediastinal Hodgkin lymphoma. //Sci Rep. - 2019. - Vol. 9. - P. 1322.

64. Mohlman J.S., et al. Improving augmented human intelligence to distinguish burkitt lymphoma from diffuse large b-cell lymphoma cases. //Am J Clin Pathol. - 2020. - Vol. 153(6). - P. 743-759.

65. Chandradevan R., et al. Machine-based detection and classification for bone marrow aspirate differential counts: initial development focusing on nonneoplastic cells. //Lab Invest. - 2020. - Vol. 100. - P. 98-109.

66. Gandelman J.S., et al. Machine learning reveals chronic graft-versus-host disease phenotypes and stratifies survival after stem cell transplant for hematologic malignancies. //Haematologica. - 2019. - Vol. 104. - P. 189-196.

67. Guncar G., et al. An application of machine learning to haematological diagnosis. //Sci Rep. - 2018. - Vol. 8. - P. 411.

68. Malin J.L. Envisioning Watson as a rapid-learning system for oncology. //Journal Oncol Pract. - 2013. - Vol. 9. - P. 155-167.

69. Kimura K., et al. A novel automated image analysis system using deep convolutional neural networks can assist to differentiate MDS and AA. //Sci Rep. - 2019. - Vol. 9(1). - P. 13385.

70. Wang Q., et al. Deep learning approach to peripheral leukocyte recognition. //PLoS One. 2019. - Vol. 14(6). - P. 218-228.

71. Hegde R.B., et al. Comparison of traditional image processing and deep learning approaches for classification of white blood cells in peripheral blood smear images. //Biocybern BioMedical Eng. - 2019. - Vol. 39(2). - P. 382-392.

72. Third Opinion. AI for clinical laboratory diagnostics. - URL: <https://thirdopinion.ai/ru#rec354556522>.

73. Xu M., et al. A deep convolutional neural network for classification of red blood cells in sickle cell anemia. Nie Q, editor. PLOS //Comput Biol. - 2017 Oct 19. - Vol. 13(10). - P. e1005746.

74. Alsalem M.A., et al. A review of the automated detection and classification of acute leukaemia: coherent taxonomy, datasets, validation and performance measurements, motivation, open challenges and recommendations. //Comput Methods Prog BioMedical - 2018 May. - Vol. 158. - P. 93-112.

75. Im H., et al. Design and clinical validation of a point-of-care device for the diagnosis of lymphoma via contrast-enhanced microholography and machine learning. //Nat BioMedical Eng. - 2018 Sep. Vol. 2(9). - P. 666-674.

76. Elmore J.G., et al. Diagnostic concordance among pathologists interpreting breast biopsy specimens. //JAMA. 2015 Mar 17. - Vol. 313(11). - P. 1122-32.

77. Fadi B., Luciana S., Epstein Jonathan I. The value of mandatory second opinion pathology review of prostate needle biopsy interpretation before radical prostatectomy. //Journal Urol. - 2010 Jul 1. - Vol. 184(1). - P. 126-30.

78. Naqvi K., et al. Implications of discrepancy in morphologic diagnosis of myelodysplastic syndrome between

referral and tertiary care centers. //Blood. - 2011 Oct 27. - Vol. 118(17). - P. 4690-3.

79. Xu L., et al. Automated whole-body bone lesion detection for multiple myeloma on 68 Ga- Pentixafor PET/CT imaging using deep learning methods. //Contrast Media Mol Imaging. -2018. - Vol. 2018. - P. 1-11.

80. Martínez-Martínez F., et al. Fully automated classification of bone marrow infiltration in low-dose CT of patients with multiple myeloma based on probabilistic density model and supervised learning. //Comput Biol Medical - 2016 Apr. - Vol. 71. - P. 57-66.

81. Li H., et al. 18 F-FDG PET/ CT radiomic analysis with machine learning for identifying bone marrow involvement in the patients with suspected relapsed acute leukemia. //Theranostics. - 2019. - Vol. 9(16). - P. 4730-9.

82. Moon H., et al. Acceleration of spleen segmentation with end-to-end deep learning method and automated pipeline. //Comput Biol Medical - 2019 Apr. - Vol. 107. - P. 109-117.

83. Milgrom S.A., et al. A PET radiomics model to predict refractory mediastinal Hodgkin lymphoma. //Sci Rep. - 2019 Dec. - Vol. 9(1). - P. 1322.

84. Guo B., et al. Prognostic value of baseline metabolic tumor volume and total lesion glycolysis in patients with lymphoma: a meta-analysis. //PLoS One. - 2019. - Vol. 14(1). - P. e0210224.

85. Deulofeu M., et al. Rapid discrimination of multiple myeloma patients by artificial neural networks coupled with mass spectrometry of peripheral blood plasma. //Sci Rep. - 2019 Dec. - Vol. 9(1). - P. 7975.

86. Hilton C. Geno-Clinical Model for the diagnosis of bone marrow myeloid neoplasms. In ASH. - Vol. 2019 [cited 2019 Nov 14]. - URL: <https://ash.confex.com/ash/2019/webprogram/Paper126967.html>.

87. Moraes L.O., et al. A decision tree approach for the differential diagnosis of chronic lymphoid leukemias and peripheral B-cell lymphomas. //Comput Methods Prog BioMedical - 2019 Sep. - Vol. 178. - P. 85-90.

88. Patel S.S., Sekeres M.A., Nazha A. Prognostic models in predicting outcomes in myelodysplastic syndromes after hypomethylating agent failure. //Leuk Lymphoma. - 2017 Nov 2. - Vol. 58(11). - P. 2532-2539.

89. Liu S., et al. Machine learning approaches for risk assessment of peripherally inserted central catheter-related vein thrombosis in hospitalized patients with cancer. //Int J Medical Inf. 2019 Sep. - Vol. 129. - P. 175-83.

90. Arai Y., et al. Using a machine learning algorithm to predict acute graft-versus-host disease following allogeneic transplantation. //Blood Adv. - 2019 Nov 26. - Vol. 3(22). - P. 3626-3634.

91. Goswami C., et al. Staging system to predict the risk of relapse in multiple myeloma patients undergoing autologous stem cell transplantation. //Front Oncol. - 2019 Jul 12. - Vol. 9. - P. 633.

92. Nazha A., et al. A personalized prediction model to risk stratify patients with myelodysplastic syndromes. //Blood. - 2018 Nov 29. - Vol. 132(Supplement 1). - P. 793-813.

93. Shreve J. A personalized prediction model to risk stratify patients with acute myeloid leukemia (AML) using artificial intelligence. //In: ASH. - Vol. 2019 [cited 2019 Nov 14]. - URL: <https://ash.confex.com/ash/2019/webprogram/Paper128066.html>.

94. Ni W., et al. Automated analysis of acute myeloid leukemia minimal residual disease using a support vector machine. //Oncotarget. - 2016 Nov 1 [cited 2019 Nov 7]. - Vol. 7(44).

95. Ko B.-S., et al. Clinically validated machine learning algorithm for detecting residual diseases with multicolor flow cytometry analysis in acute myeloid leukemia and myelodysplastic syndrome. //EBioMedicine. 2018 Nov. - Vol. 37. - P. 91-100.

96. Arvaniti E., Claassen M. Sensitive detection of rare disease-associated cell subsets via representation learning. //Nat Commun. - 2017 Apr. - Vol. 8(1). - P. 14825.

97. Sasaki K., et al. The impact of treatment recommendation by Leukemia Artificial Intelligence Program (LEAP) on survival in patients with chronic myeloid leukemia in chronic phase (CMLCP). //Blood. 2019 Nov 13. - Vol. 134(Supplement_1). - P. 1642-1642.

98. Alomari Y.M., et al. Automatic detection and quantification of WBCs and RBCs using iterative structured circle detection algorithm. //Comput Math Methods Medical - 2014. - Vol. 2014. - P. 979302.

99. Bigorra L., et al. Feature analysis and automatic identification of leukemic lineage blast cells and reactive lymphoid cells from peripheral blood cell images. //Journal Clin Lab - Anal. 2017. - Vol. 31. - P. e22024.

100. Alférez S., et al. Automatic classification of atypical lymphoid B cells using digital blood image processing. //Int J Lab Hematol. - 2014. - Vol. 36. - P. 472-480.

101. Alférez S., et al. Automatic recognition of atypical lymphoid cells from peripheral blood by digital image analysis. //Am J Clin Pathol. - 2015. - Vol. 143. - P. 168-176.

102. Alférez S., et al. Characterization and automatic screening of reactive and abnormal neoplastic B lymphoid cells from peripheral blood. //Int J Lab Hematol. - 2016. - Vol. 38. - P. 209-19.

103. Kimura K., et al. A novel automated image analysis system using deep convolutional neural networks can assist to differentiate MDS and AA. //Sci Rep. - 2019. - Vol. 9. - P. 13385.

104. Pohlkamp C., et al. Machine learning (ML) can successfully support microscopic differential counts of peripheral blood smears in a high throughput hematology laboratory. //Blood. - 2020. - Vol. 136. - P. 45–6.
105. Boldú L., et al. Automatic recognition of different types of acute leukaemia in peripheral blood by image analysis. //Journal Clin Pathol. - 2019. - Vol. 72. - P. 755–761.
106. Sirinukunwattana K., et al. Artificial intelligence-based morphological fingerprinting of megakaryocytes: a new tool for assessing disease in MPN patients. //Blood Adv. - 2020. - Vol. 4. - P. 3284–94.
107. Moshavash Z., et al. An automatic and robust decision support system for accurate acute leukemia diagnosis from blood microscopic images. //Journal Digit Imaging. - 2018. - Vol. 31. - P. 702–717.
108. Chin Neoh S., et al. An intelligent decision support system for leukaemia diagnosis using microscopic blood images. //Sci Rep. - 2015. - Vol. 5. - P. 14938.
109. Pansombut T., et al. Convolutional neural networks for recognition of lymphoblast cell images. //Comput Intell Neurosci. - 2019. - Vol. 2019. - P. 7519603.
110. Shafique S., Tehsin S. Acute lymphoblastic leukemia detection and classification of its subtypes using pretrained deep convolutional neural networks. //Technol Cancer Res Treat. - 2018. - Vol. 17. - P. 1533033818802789.
111. Wu Y-Y., et al. A hematologist-level deep learning algorithm (BMSNet) for assessing the morphologies of single nuclear balls in bone marrow smears: algorithm development. //JMIR Medical Inform. - 2020. - Vol. 8. - P. e15963.
112. Fu X., et al. Morphogo: an automatic bone marrow cell classification system on digital images analyzed by artificial intelligence. //Acta Cytol. - 2020. - Vol. 64. - P. 588–596.
113. El Achi H., Khoury J.D. Artificial intelligence and digital microscopy applications in diagnostic hematopathology. //Cancers. - 2020. - Vol. 12. - P. 797.
114. Dimitriou N, Arandjelović O, Caie PD. Deep learning for whole slide image analysis: an overview. //Front Medical - 2019. - Vol. 6. - P. 264.
115. Grisan E., et al. Automatic segmentation of chromosomes in Q-band images. //Annu Int Conf IEEE Eng Medical Biol Soc. - 2007. - Vol. 2007. - P. 5513–5516.
116. Gagula-Palalic S., Can M. Human chromosome classification using Competitive Neural Network Teams (CNNT) and Nearest Neighbor. //In: IEEE-EMBS International Conference on Biomedical and Health Informatics (BHI). IEEE. 2014. - Vol. 626–629.
117. Delshadpour S. Reduced size multi layer perceptron neural network for human chromosome classification. //In: Proceedings of the 25th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (IEEE Cat. No.03CH37439). IEEE. 2004. - Vol. 3. - P. 2249–52.
118. Oskoue B.C., Shanbehzadeh J. Chromosome classification based on wavelet neural network. //In: 2010 International Conference on Digital Image Computing. - P. Techniques and Applications. IEEE. 2010. - Vol. 605–610.
119. Roshtkhari M.J., Setarehdan S.K. Linear Discriminant Analysis of the wavelet domain features for automatic classification of human chromosomes. //In: 2008 9th International Conference on Signal Processing. IEEE. 2008. - Vol. 849–852.
120. Qiu Y., et al. Applying deep learning technology to automatically identify metaphase chromosomes using scanning microscopic images: an initial investigation. //In: Chen WR (ed). Biophotonics and Immune Responses XI. - SPIE, 2016.
121. Sharma M., et al. Crowdsourcing for chromosome segmentation and deep classification. //In: 2017 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition Workshops (CVPRW). IEEE. 2017. - Vol. 786–793.
122. Swati G., et al. Siamese networks for chromosome classification. //In: 2017 IEEE International Conference on Computer Vision Workshops (ICCVW). IEEE. 2017. - P. 72–81.
123. Qin Y., et al. Varifocal-net: a chromosome classification approach using deep convolutional networks. //IEEE Trans Medical Imaging. - 2019. - Vol. 38. - P. 2569–2581.
124. Haferlach C., et al. Artificial intelligence substantially supports chromosome banding analysis maintaining its strengths in hematologic diagnostics even in the era of newer technologies. //Blood. 2020. - Vol. 136. - P. 47–58.
125. Zhao M., et al. Hematologist-level classification of mature Bcell neoplasm using deep learning on multiparameter flow cytometry data. //Cytom A. - 2020. - Vol. 97. - P. 1073–1080.
126. Duetz C., et al. Computational analysis of flow cytometry data in hematological malignancies: future clinical practice? //Curr Opin Oncol. - 2020. - Vol. 32. - P. 162–169.
127. Dundar M., et al. A non-parametric Bayesian model for joint cell clustering and cluster matching: identification of anomalous sample phenotypes with random effects. //BMC Bioinforma. - 2014. - Vol. 15. - P. 314.
128. Manninen T., et al. Leukemia prediction using sparse logistic regression. //PLoS ONE. - 2013. - Vol. 8. - P. e72932

129. Lakoumentas J., et al. Bayesian clustering of flow cytometry data for the diagnosis of B-chronic lymphocytic leukemia. //Journal BioMedical Inform. - 2009. - Vol. 42. - P. 251-61.
130. Zare H., et al. Automated analysis of multidimensional flow cytometry data improves diagnostic accuracy between mantle cell lymphoma and small lymphocytic lymphoma. //Am J Clin Pathol. - 2012. - Vol. 137. - P. 75-85.
131. Pouyan M.B., et al. Single and multi-subject clustering of flow cytometry data for cell-type identification and anomaly detection. //BMC Medical Genomics. - 2016. - Vol. 9. - P. 41.
132. Angeletti C. A method for the interpretation of flow cytometry data using genetic algorithms. //Journal Pathol Inf. - 2018. - Vol. 9. - P. 16.
133. Bigorra L., Larriba I., Gutiérrez-Gallego R. Machine learning algorithms for accurate differential diagnosis of lymphocytosis based on cell population data. //Br J Haematol. - 2019. - Vol. 184. - P. 1035-1037.
134. Biehl M., Bunte K., Schneider P. Analysis of flow cytometry data by matrix relevance learning vector quantization. //PLoS ONE. - 2013. - Vol. 8. - P. e59401
135. Müller M-L., et al. Employment of machine learning models yields highly accurate hematological disease prediction from raw flow cytometry matrix data without the need for visualization or human intervention. //Blood. 2020. - Vol. 136. - P. 11.
136. Ko B-S., et al. Clinically validated machine learning algorithm for detecting residual diseases with multicolor flow cytometry analysis in acute myeloid leukemia and myelodysplastic syndrome. //EBioMedicine. - 2018. - Vol. 37. - P. 91-100.
137. Licandro R., et al. Application of machine learning for automatic MRD assessment in paediatric acute myeloid leukaemia. //In: Proceedings of the 7th International Conference on Pattern Recognition Applications and Methods. SCITEPRESS - Science and Technology Publications. 2018.
138. Dias R., Torkamani A. Artificial intelligence in clinical and genomic diagnostics. //Genome Medical - 2019. - Vol. 11. - P. 70.
139. Zou J., et al. A primer on deep learning in genomics. //Nat Genet. - 2019. - Vol. 51. - P. 12-18.
140. Jaganathan K., et al. Predicting splicing from primary sequence with deep learning. //Cell. - 2019. - Vol. 176. - P. 535-548.
141. Albaradei S., et al. Splice2DeeP: an ensemble of deep convolutional neural networks for improved splice site prediction in genomic DNA. //Gene X. - 2020. - Vol. 5. - P. 100035.
142. Poplin R., et al. A universal SNP and small-indel variant caller using deep neural networks. //Nat Biotechnol. - 2018. - Vol. 36. - P. 983-987.
143. Hoffman G.E., et al. Functional interpretation of genetic variants using deep learning predicts impact on chromatin accessibility and histone modification. //Nucleic Acids Res. - 2019. - Vol. 47. - P. 10597-10611.
144. Lai C., et al. Using machine learning to support variant classification in a clinical setting. //Hum Mutat. - 2020. - Vol. 41. - P. 1079-90.
145. Quang D., et al. DANN: a deep learning approach for annotating the pathogenicity of genetic variants. //Bioinformatics. - 2015. - Vol. 31. - P. 761-763.
146. Hilton C.B., et al. Geno-clinical model for the diagnosis of bone marrow myeloid neoplasms. //Blood. - 2019. - Vol. 134. - P. 4238.
147. Radakovich N., et al. A personalized clinical-decision tool to improve the diagnostic accuracy of myelodysplastic syndromes. //Blood. - 2020. - Vol. 136. - P. 33-35.
148. Parida L., et al. Dark-matter matters: discriminating subtle blood cancers using the darkest DNA. //PLoS Comput Biol. - 2019. - Vol. 15. - P. e1007332.
149. Meggendorfer M., et al. Challenging blast counts by machine learning techniques and genome sequencing for discriminating AML and MDS. //Blood. - 2019. - Vol. 134. - P. 4663.
150. Mallick P.K., et al. Convergent learning-based model for leukemia classification from gene expression. //Pers Ubiquitous Comput. - 2020.
151. Wagner S., et al. A parsimonious 3-gene signature predicts clinical outcomes in an acute myeloid leukemia multicohort study. //Blood Adv. - 2019. - Vol. 3. - P. 1330-1346.
152. Patkar N., et al. A novel machine-learning-derived genetic score correlates with measurable residual disease and is highly predictive of outcome in acute myeloid leukemia with mutated NPM1. //Blood Cancer J. - 2019. - Vol. 9. - P. 79.
153. Shaikh A.F., et al. Machine learning derived genomics driven prognostication for acute myeloid leukemia with RUNX1- RUNX1T1. //Leuk Lymphoma. - 2020. - Vol. 61. - P. 3154-3160.
154. Nazha A., et al. Genomic biomarkers to predict resistance to hypomethylating agents in patients with myelodysplastic syndromes using artificial intelligence. //JCO Precis Oncol. - 2019. - Vol. 3. - P. 1-11.

155. Castillo D., et al. Leukemia multiclass assessment and classification from Microarray and RNA-seq technologies integration at gene expression level. //PLOS ONE. - 2019. - Vol. 14. - P. e0212127
156. Sakellaropoulos T., et al. A deep learning framework for predicting response to therapy in cancer. //Cell Rep. - 2019. - Vol. 29. - P. 3367-3373.
157. Menden K., et al. Deep learning-based cell composition analysis from tissue expression profiles. //Sci Adv. 2020. - Vol. 6. - P. eaba2619.
158. Shu X., et al. Artificial-Intelligence-Enabled Reagent-Free Imaging Hematology Analyzer //Advanced Intelligent Systems published by Wiley-VCH GmbH. - 2021. - Vol. 3. - P. 1-11.
159. Popescu G., Ikeda T., Dasari R. R., Feld M.S. //Opt. Lett. 2006, 31, 775.
160. Bhaduri B., Edwards C., Pham H., Zhou R., Nguyen T.H., Goddard L.L., Popescu G. //Adv. Opt. Photonics - 2014, 6, 57.
161. Pandey R., Zhou R., Bordett R., Hunter C., Glunde K., Barman I., Valdez T., Finck C. J. //Biophotonics. - 2019, 12,
162. Yoon J., Jo Y., Kim M.-h., Kim K., Lee S., Kang S.-J., Park Y. //Sci. Rep. - 2017, 7, 6654.
163. Habaza M., Kirschbaum M., Guernth-Marschner C., Dardikman G., Barnea I., Korenstein R., Duschl C. //Shaked N.T. Adv. Sci. 2017, 4, 1600205.
164. Jin D., Sung Y., Lue N., Kim Y.-H., So P.T., Yaqoob Z. //Cytom. A 2017, 91, 450.
165. Ishwaran H, Kogalur UB, Blackstone EH, Lauer MS. Random survival forests. //The annals of applied statistics. - 2008. - Vol. 2. - P. 841-860.
166. Lee S., Lim H. Review of statistical methods for survival analysis using genomic data. //Genomics Inform. - 2019. - Vol. 17. - P. e41.
167. Shouval R., et al. An integrative scoring system for survival prediction following umbilical cord blood transplantation in acute leukemia. //Clin Cancer Res. - 2017. - Vol. 23. - P. 6478-6486.
168. Ishwaran H., et al. Random survival forests for competing risks. //Journal Biostatistics. 2014. - Vol. 15. - P. 757-73.
169. Moons K.G., et al. Transparent Reporting of a multivariable prediction model for Individual Prognosis or Diagnosis (TRIPOD): explanation and elaboration. //Ann Intern Medical 2015. - Vol. 162. - P. W1-73.
170. Riley R.D., et al. Calculating the sample size required for developing a clinical prediction model. //BMJ. 2020. - Vol. 368. - P. m441.
171. Stone M. Cross-validated choice and assessment of statistical predictions. //Journal R Stat Soc Series B. 1974. - Vol. 36. - P. 111-33.
172. Shouval R., et al. Machine learning and artificial intelligence in haematology //British Society for Haematology and John Wiley & Sons Ltd. - 2021. - Vol. 192. - P. 239-250.
173. WHO, Haemoglobin concentrations for the diagnosis of anemia and assessment of severity, "Vitamin and Mineral Nutrition.
174. Yıldız T.K., et al. Classifying anemia types using artificial learning methods //Engineering Science and Technology, an International Journal. - 2021. - Vol. 24(1). - P. 50-70.
175. Yıldız T.K., et al. Diagnosing Hematological Disorders Using Deep Learning Method //Sakarya University Journal of Computer and Information Sciences. - 2021. - Vol. 4(2). - P. 227-243.
176. Hassanien A.E., et al. Computational Intelligence Techniques in Bioinformatics //Comput Biol Chem. - 2013. - Vol. 47. - P. 37-47.
177. MATLAB User's Guide, MATLAB R2017a, Natick, MA, USA, The MathWorks Inc.
178. Wu X., et al. Top 10 algorithms in data mining //Knowl Inf Syst. - 2008. - Vol. 14(1). - P. 1-37.
179. <http://thd.org.tr/thdData/userfiles/file/Ertitrosit-Tani-ve-tedavi-Kilavuzu-2019.pdf>.
180. Saez-Rodriguez J., Blüthgen N. Personalized signaling models for personalized treatments //Mol Syst Biol. 2020. - Vol. 16. - P. e9042.
181. Ai C., Kong L. CGPS: a machine learning-based approach integrating multiple gene set analysis tools for better prioritization of biologically relevant pathways //Journal Genet Genom. - 2018. - Vol.45. - P. 489-504.
182. Yurkovich J.T., et al. A systems approach to clinical oncology uses deep phenotyping to deliver personalized care //Nat Rev Clin Oncol. - 2020. - Vol.17. - P. 183-194.
183. Topol EJ. High-performance medicine. - P. the convergence of human and artificial intelligence //Nat Medical - 2019. - Vol.25. - P. 44-56.
184. Björnsson B., et al. Digital twins to personalize medicine //Genome Medical - 2019. Vol. 12(4). - P. 371-382.
185. Nicora G., et al. Integrated multi-omics analyses in oncology. - P. a review of machine learning methods and tools //Front Oncol. - 2020. - Vol. 10. - P. 1030.
186. Patel-Murray N.L., et al. A multi-omics interpretable machine learning model reveals modes of action of small

molecules //Sci Rep. – 2020. – Vol. 10. – P. 954.

187. Lupp P.B., et al. Point-of-care testing (POCT). - P. current techniques and future perspectives. //TrAC Trends Anal Chem. – 2011. – Vol.30(6). – P. 887-898.

188. Abel G. Current status and future prospects of point-of-care testing around the globe. //Expert Rev Mol Diagn. – 2015. – Vol. 15(7). – P. 853-855.

189. Vembadi A., Menachery A., Qasaimeh M.A. Cell cytometry. - P. review and perspective on biotechnological advances //Front Bioeng Biotechnol. – 2019. – Vol. 7(147). – P. 1-20.

190. Briggs C., et al. ICSH Guideline for worldwide point-of-care testing in haematology with special reference to the complete blood count. //Int J Lab Haematol. – 2008. – Vol. 30(2). – P.105-116.

191. Louie R.F., et al. Point-of-care testing. - P. millennium technology for critical care //Lab Medical – 2000. – Vol. 31(7). – P. 402-408.

192. Tirimacco R. The Evolving Role of Point of Care Testing. Lecture presented at. - P. International Federation of Clinical Chemistry and Laboratory Medicine (IFCC) - General Conference. - November 19, 2012. - Vol. Kuala Lumpur, Malaysia.

193. Bransky A. The HemoScreen, a novel haematology analyser for the point of care //Journal Clin Pathol. – 2016. – Vol. 69(8). – P. 720-725.

194. Bailey S.R., Russell E.L., Martinez A. Evaluation of the Avoximeter. - P. precision, long-term stability, linearity, and use without heparin //Journal ClinMonit. – 2017. – Vol. 13(3). – P. 191-198.

195. Кедр – каталог медицинского оборудования. – URL: <https://mkkedr.ru/katalog-meditsinskogo-oborudovaniya/laboratornoe-oborudovanie/gematologicheskie-analizatory/gematologicheskiiy-analizator-abx-micros-60-ot/>.

Эта часть работы выложена в ознакомительных целях. Если вы хотите получить работу полностью, то приобретите ее воспользовавшись формой заказа на странице с готовой работой:

<https://stuservis.ru/magisterskaya-rabota/249686>