

Новые подходы в выявлении наличия различных патогенных возбудителей и прогнозировании развития заболевания.

¹Бочарников В.П. ²Богомольный Б.Р., ²Барзинский В.П., ³Гридина Т.Л., ¹Свешников С.В.

¹Консалтинговая группа «Inex-FT», Киев

²Корпорация «Информационная медицина», Киев

³ГУ «Украинский научно-исследовательский противочумный институт им. И.И.Мечникова» МЗ Украины, Одесса

Актуальность исследования.

В настоящее время вопрос борьбы с особо опасными инфекциями приобретает всё большее значение, в том числе и на международном уровне. Возникающие эпидемии «птичьего», «свиного» гриппа, распространение вируса Эбола, других возбудителей заболеваний, имеющих значительный уровень вирулентности, требует немедленной реакции со стороны специалистов. Первым и, пожалуй, одним из самых важных этапов в борьбе с вирусами и микроорганизмами, является этап раннего выявления патогенов у реальных носителей, больных и в объектах окружающей среды. Проблема существенно осложняется тем, что речь идет о выявлении наличия патогена не только при анализе чистой культуры, но и при определении патогенов непосредственно в зараженном объекте (человек, животное, вода и т.п.).

Для решения данной задачи нами был использован Программно-аппаратный комплекс спектральной коррекции «КСК-БАРС» (в дальнейшем «КСК-БАРС»), разработанный киевскими специалистами [1]. Данный прибор позволяет выявить изменение состояния некоторых нозологических маркеров у инфицированных объектов. Однако указанные маркеры не дают непосредственного ответа на вопросы относительно заражения. В частности, невозможно напрямую выявить ни тип патогенного возбудителя, ни его концентрацию, ни время заражения. Ситуация усугубляется высокой степенью зависимости показателей маркеров от конкретного зараженного объекта, что приводит к изменению показателей маркеров для каждого конкретного зараженного объекта. В общем случае, такие данные носят нечеткий не стационарный характер. Это ограничивает возможность прямого применения «КСК-БАРС» для выявления наличия патогенов в конкретном носителе. В данной ситуации возникает необходимость построения нового алгоритмического обеспечения, которое позволит осуществить обработку измерения нозологических маркеров с целью диагностирования различных патогенов непосредственно у инфицированных объектов. Кроме того, важным вопросом является использование диагностического обеспечения для прогнозирования течения инфекции с целью своевременной реакции на развитие заболевания. В настоящее время методов неинвазивного и бесконтактного метода выявления патогенных микроорганизмов в живых и неживых объектах с использованием слабых электромагнитных полей объекта, по данным литературы, нами не найдено.

Цель исследования - изучить возможность выявления наличия патогенов в зараженных объектах с использованием программно-аппаратного комплекса спектральной коррекции «КСК-БАРС» на основе использования новых подходов к обработке нечетких данных в условиях шумов объекта.

При этом были поставлены следующие **задачи**:

1. Разработать новый алгоритм обработки данных нозологических маркеров, полученных при записи с программно-аппаратного комплекса спектральной коррекции «КСК-БАРС», с использованием Fuzzy-технологии обработки нечетких данных, с целью распознавания различных типов патогенов в зараженных объектах.

2. Изучить возможность применения разработанного нами алгоритма обработки данных для определения наличия патогена в изучаемом объекте, типа патогена и степени заражения объекта.

В данной статье представлена общая формальная постановка задачи диагностирования патогенов, подход к решению задачи и представлен ряд полученных результатов применения данного подхода.

Общее описание сути рассматриваемой задачи.

В основе алгоритмов обработки данных нозологических маркеров, полученных при записи «КСК-БАРС», использовалась Fuzzy-технология обработки нечетких данных [3]. «КСК-БАРС» измеряет значения потенциалов слабых электромагнитных полей объекта на основе использования эффекта биорезонанса (спектрально-корреляционный тест - метод СКТ). Предварительная обработка сигнала от объекта позволяет получить запись в виде временного графика. Время записи составляет 3 сек. Данный сигнал позволяет сопоставить его с эталонными записями маркеров. В качестве эталонных записей маркеров могут быть рассмотрены нозологические маркеры. Каждый из данных маркеров представляет собой запись сигнала с конкретного объекта, содержащего возбудитель. При этом реальный диагноз для данного объекта четко установлен. Однако очевидно, что для различных инфицированных объектов сигналы будут разные. Это обусловлено множеством факторов внутреннего состояния объекта. Такой факт существенно затрудняет использование записи объекта в качестве эталона наличия патогена и делает эту задачу нечеткой. В этих условиях для обработки сигналов и проведения диагностирования необходимо использование специальных математических подходов, позволяющих проводить обработку нечетких данных.

Таким образом, в результате снятия сигнала с исследуемого объекта на основе выбранных нозологических маркеров имеется возможность получить значения M маркеров в процентах. При этом, чем выше процент, тем больше проявляются свойства маркера. По значениям маркеров определяются N вариантов диагностирования. Каждый диагноз определяет области значений подмножества маркеров. Измерение слабых электромагнитных полей объекта осуществляется с шумами. По набору значений маркеров можно поставить диагноз относительно наличия патогена, его вида, времени инфицирования и т.д. Таким образом, задача сводится к необходимости создания системы поддержки решений (СПР) для проведения диагностирования. СПР должна была обеспечить определение наиболее возможного диагноза.

Формальная постановка аналитической задачи диагностирования.

Формальную постановку задачи необходимо рассматривать в виде последовательности взаимосвязанных шагов. Указанные шаги определяют содержание алгоритма формализации аналитической задачи.

Шаг 1. Определение типа задачи и состава подзадач.

Общая структура взаимодействия «КСК-БАРС» с объектом и врачом можно представить в виде структурной схемы рис. 1.

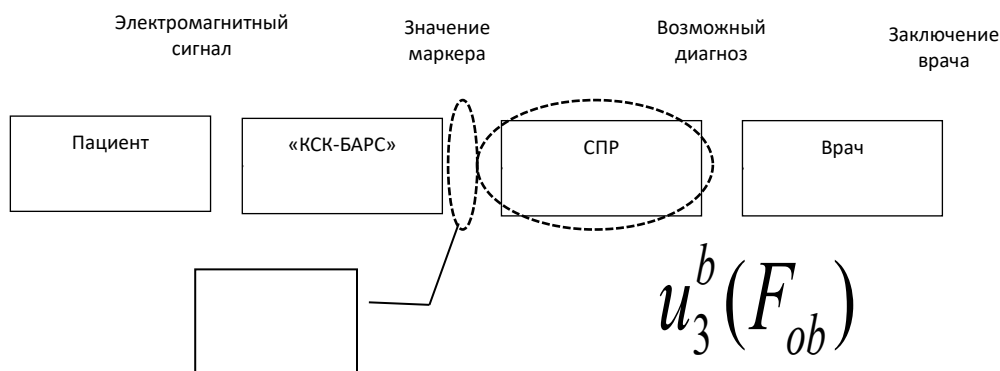


Рис. 1. Структура взаимодействия прибора с пациентом и врачом

На рис. 1. Представлены две взаимодействующие задачи: $u_3^b(Y)$ - задача оценивания на основе показаний прибора «КСК-БАРС», $u_3^b(F_{ob})$ - задача идентификации (адаптации)

модели оценивания. Далее мы рассматриваем, прежде всего, задачу оценивания. Для решения данной задачи нам важно определить её тип. Результатом решения приведенной аналитической задачи является постановка диагноза. Диагноз ставится один раз для одного объекта. Следовательно, задача является одноактной, статической. Диагноз является выходными данными. Следовательно, задача относится к классу задач оценивания. В задаче имеется N диагнозов. Каждый диагноз задан и определяет множество значений маркеров. Диагноз является классом множества значений маркеров. Таким образом, приведенная задача относится к задаче классификации [2].

Рассмотрим последовательно формализацию приведенной задачи как задачи классификации.

Шаг 2. Формальное представление исходных данных

Рассмотрим формализацию необходимых для решения исходных данных задачи.

1. Обозначим $\{x_j \in X \mid j = 1, M\}$ – множество нозологических маркеров.

2. Для каждого маркера определены области значений $\{v_j \in V_j = [0,100] \mid j = 1, M\}$.

То есть значение маркера выражено в процентах. Для задачи выполняется условие:

$$\forall j, \quad V_j = [0,100], \quad v_j \in [0,100].$$

3. Пусть $\forall \xi_j, j = 1, M$ шум, который искажает значение j -го маркера для каждого конкретного объекта, что обусловлено его внутренним состоянием. В данной задаче считаем, что шум является некоторой величиной, искажающей показания маркера $x_j \in X$. В этом случае для любого маркера измеренное значение определяется соотношением:

$$\forall \xi_j, v_j = v_j^{tr} * \xi_j, \quad (1)$$

где $v_j \in [0,100]$, v_j^{tr} – неизвестное истинное значение маркера $x_j \in X$, $(*)$ – неизвестный оператор, искажающий показания маркера

Введем обозначения для рассмотренных значений маркеров. Пусть $V = [v_1, v_2, \dots, v_M]$ – вектор значений измерений маркеров, $V^{tr} = [v_1^{tr}, v_2^{tr}, \dots, v_M^{tr}]$ – вектор истинных значений маркеров, $\Psi = [\xi_1, \xi_2, \dots, \xi_M]$ – вектор значений шумов. Тогда в векторной форме выражение (1) будет иметь вид:

$$V = V^{tr} * \Psi. \quad (2)$$

4. Вектор $V = [v_1, v_2, \dots, v_M]$ определяет состояние маркеров из множества маркеров X . Обозначим это состояние $\omega_l(x)$. Все множество состояний объекта будем обозначать в виде $\Omega(X) = \{\omega_l(x) \mid l = 1, L\}$.

5. Пусть $Y = \{y_i \mid i = 1, N\}$ – множество диагнозов. Обозначим $A_{ij} \subseteq V_j$ – множество значений маркера $x_j \in X$ характерных для диагноза $y_i \in Y$. Для диагноза $y_i \in Y$ существует отображение:

$$R_{ij} : X \times Y \xrightarrow{\text{def}} V_j \quad (3)$$

Отображение R_{ij} определяет для каждой пары $\{(x_i, y_i) \mid i = 1, N, j = 1, M\}$ подмножество $A_{ij} \subseteq V_j$. Формально можно записать:

$$\text{Dom}(R_{ij}) = A_{ij} \subseteq V_j, \quad (4)$$

где $\text{Dom}(R_{ij})$ – область значений отображения R_{ij} . Тогда для конкретного измерения заболевание $y_i \in Y$ будет определяться векторным отображением:

$$R_i = \bigcup_{j=1}^M R_{ij} = X \times Y \xrightarrow{\text{def}} V_1 \times \dots \times V_M. \quad (6)$$

6. Как правило, области, которые формализовали множества значений маркера для конкретного диагноза, представляют собой нечеткие подмножества $A_{ij} \subseteq V_j$. Поэтому для формализации диагноза $y_i \in Y$ по значению j -го маркера использовалось распределение плотности нечеткой меры уверенности. Построение нечетких областей является важной самостоятельной задачей. Она была решена на основе обработки множества нозологических маркеров с объектов, у которых был заведомо известный диагноз.

Функция уверенности для j -го маркера для i -го заболевания определяется соотношением нечеткой мерой [2]:

$$g_{ij}(\cdot) : 2^{V_j} \rightarrow [0,1]. \quad (7)$$

Тогда можно определить вектор функций нечетких мер в виде:

$$\Xi_i = [g_{ij}(\cdot)], i = \overline{1, N}, j = \overline{1, M} \quad (8)$$

Этот вектор описывает множество значений маркеров из множества X для i -го заболевания из множества диагнозов Y .

7. Пусть $Z = \{z_k | k = \overline{1, K}\}$ множество объектов. Тогда вектор значений измерений маркеров для k -го объекта с учетом шума будет определяться в виде $V_k = [v_1^k, v_2^k, \dots, v_M^k]$.

Этот вектор измерения определяет состояние k -го объекта в виде $\omega_k(x) \in \Omega(X)$.

Шаг 3. Схема формального представления аналитической задачи

Измерение прибором маркеров для объекта формализуется отношением:

$$\rho : Z \times \Psi \xrightarrow{\text{def}} \Omega(X). \quad (9)$$

Данное отображением описывает электромагнитные сигналы для объекта и получение значений маркеров в условиях шумов.

В результате измерения значения маркеров определяется состояние объекта $\omega_k(x) \in \Omega(X)$ с вектором значений маркеров $V_k = [v_1^k, v_2^k, \dots, v_M^k]$.

Модель определения диагноза задается отображением:

$$\varphi : \Omega(X) \xrightarrow{\text{def}} Y. \quad (10)$$

Это процедура измерения. Она соответствует постановке диагноза для объекта. Каждый диагноз $y_i \in Y$ определяет на множестве значений маркеров кластер, как подмножество вида $Cl(y_i) \subseteq \Omega(X)$.

Кластеру $Cl(y_i)$ соответствует вектор нечетких мер $\Xi_i = [g_{ij}(\cdot)], i = \overline{1, N}, j = \overline{1, M}$. Кластер $Cl(y_i)$ в пространстве состояний маркеров имеет вид гиперкуба. Для двух маркеров $x_j, x_{j+1} \in X$ кластеры $Cl(y_i)$ и $Cl(y_{i+1})$ могут иметь вид, как представлено на рис. 2.

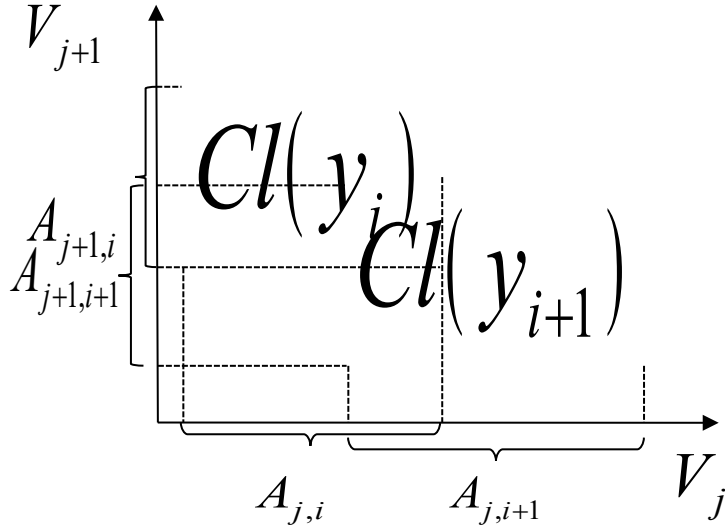


Рис. 2. Представление кластеров в пространстве состояний маркеров

Фактически, отображение φ есть содержание аналитической задачи оценивания. Данная задача решается в СПР. Формальное представление аналитической задачи с учетом введенных формальных значений определяется схемой рис. 3.

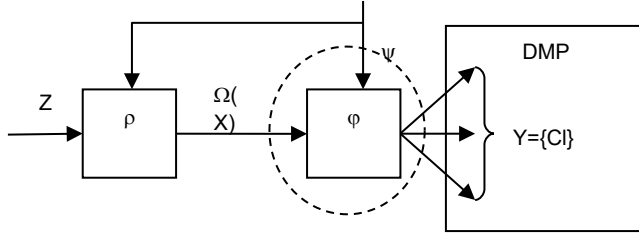


Рис. 3. Схема задачи диагностирования

Шаг 4. Выбор критерия эффективности

Для постановки правильного диагноза был определен критерий «совпадения» измеренного вектора $V_k = [v_1^k, v_2^k, \dots, v_M^k]$ с кластером $Cl(y_i)$. Кластер в пространстве значений маркеров определяется областью нечеткого гиперкуба $A_{i1} \times \dots \times A_{iM} \subseteq V_1 \times \dots \times V_M$.

Для N кластеров множество векторов нечетких мер $\Xi_i = [g_{ij}(\cdot)]$, $i = \overline{1, N}$, $j = \overline{1, M}$ для объекта $z_k \in Z$ будет определять матрицу вида:

$$\begin{bmatrix} g_{11}(v_1^k) & \dots & g_{1M}(v_M^k) \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ g_{N1}(v_1^k) & \dots & g_{NM}(v_M^k) \end{bmatrix}$$

Размерность матрицы составляет $Card(X \times Y) = N \times M$. Элементами матрицы являются значения соответствующей нечеткой меры для измерения состояния объекта $z_k \in Z$. Данная матрица позволяет определить N функций вида $\mu_k(x_i|y_j) : X \times Y \rightarrow [0,1]$, $i = \overline{1, M}$, $j = \overline{1, N}$ со значениями $\mu_k(x_i|y_j) = g_{ij}(v_j^k)$.

Для определения диагноза важности маркеров различны. Данный факт определяется условной нечеткой мерой вида: $\sigma_M(\cdot|y) : 2^{X \times Y} \rightarrow [0,1]$. Данная условная нечеткая мера определяет важность учета значения маркера для конкретного диагноза. В качестве критерия оценки использовалось следующее соотношение:

$$y_k^* = \arg \max_{y \in Y} \left\{ (s) \int_X \mu_k(x_i|y) \circ \sigma_X(\cdot|y) \right\} \quad (11)$$

где $(s) \int_X(\cdot)$ обозначение нечеткого интеграла Сугено [4], а $\mu_k(x_i, y)$ значение функции уверенности по маркеру $x_j \in X$ для диагноза $y_i \in Y$.

Шаг 5. Формальная постановка задачи

Аналитическая задача постановки диагноза формально описывается в виде кортежа [5]:

$$(\Omega, X, Y, Z, \Psi, \rho, \gamma, K) \quad (12)$$

где:

1. Ω - пространство состояний объекта. Отдельное состояние $\omega \in \Omega$ описывается множеством характеристик - маркеров.
2. X - множество маркеров, описывающих состояния $\omega \in \Omega$ объекта диагностирования. Каждая характеристика $x_j \in X$ принимает значения в своем множестве значений $\{V_j\}$.
3. Y - пространство выходных значений - диагнозов.
4. Z - множество объектов.
5. Ψ - множество шумов измерения значения маркеров.
6. $\rho: Z \times \Psi \xrightarrow{\text{def}} \Omega(X)$ - отображение, описывающее состояние объекта.
7. $\varphi: \Omega(X) \xrightarrow{\text{def}} Y$ - выходное отображение определения диагноза.
8. K - критерий для диагноза объекта $\omega \in \Omega$ на основе нечетко-интегральной зависимости (11).

Постановка задачи классификации.

Пусть объект описывается в виде кортежа (12). Пусть определено множество диагнозов Y . Диагнозы определяют множество классов $\{Cl(y_i)\}$ состояний. Каждому классу $Cl(y_i)$ состояний соответствуют множества значений характеристик $\{V_j\}_{Cl}$ из множества X . Необходимо найти отображение $\varphi: \Omega(X) \xrightarrow{\text{def}} Y$, позволяющее отнести произвольное состояние $\omega \in \Omega$, с характеристиками $x_j \in X$, в один из заданных классов состояний $\{Cl(y_i)\}$.

Схема задачи классификации (диагностирования) приведена на рис. 3. Выбор класса определяется процедурой $\varphi: \Omega(X) \xrightarrow{\text{def}} Y$ по критерию (11).

Результаты исследования предложенного подхода к решению задачи

Предложенный подход был проверен на выявлении типа патогена зараженных подопытных мышей. В частности были проведены исследования для двух случаев:

1. Исследование возможности выявления наличия заражения вирусом мышинного гриппа A/PR/8/34 в различных разведениях 10^{-3} - 10^{-7} .
2. Во втором исследовании ставилась задача определения типа патогенна у мышей. В качестве исследуемых патогенов рассматривались штамм вирус гриппа A/PR/8/34 в разведениях 10^{-3} - 10^{-7} и патогенный штамм Francisella tularensis в разведениях 10^{-1} - 10^{-3} .

Для проведения исследований алгоритмы выявления наличия патогена были реализованы в виде программного продукта Fuzzy Diagnostics. Данный программный продукт позволил реализовать технологию решения поставленной аналитической задачи на основе использования Fuzzy-технологии обработки нечетких данных в условиях нестатистической неопределенности. Для обработки нечетких данных использовались теория нечеткой меры и нечетко-интегрального исчисления.

Для решения первой задачи были использованы 22 нозологических маркера. Измерение по «КСК-БАРС» позволяют получить характерный «профиль» значений маркеров. В табл. 1 и на рис. 4. приведены значения нозологических маркеров для произвольно выбранной здоровой мыши и зараженной мыши вирусом гриппа A/PR/8/34 в разведении 10^{-3} в первый день после заражения.

Таблица 1. Значения нозологических маркеров

Индекс маркера	Произвольная здоровая мышь	Мышь зараженная. Разведение 10^{-3} , 1-й день после заражения
----------------	----------------------------	--

[h] 2	0.962696	0.688557
[h] 1k2	0.617115	0.421963
[i] 31o	0.744625	0.59496
[i] 51o	0.818827	0.661542
[i] 71o	0.855208	0.656365
[i] APR834 3	0.929337	0.756685
[i] APR834 4	0.929499	0.725774
[i] APR834 5	0.897021	0.728075
[i] APR834 6	0.888282	0.731718
[i] APR834 7	0.930789	0.691577
[i] 41o1	0.760012	0.866001
[i] 61o1	0.82054	0.937038
[i] 31o2	0.622396	0.445463
[i] 51o2	0.778616	0.585708
[i] 71o2	0.699974	0.51172
[i] 41o3	0.852037	0.759754
[i] 61o3	0.826389	0.679785
[i] 31o6	0.673147	0.494473
[i] 51o6	0.529647	0.347732
[i] 71o6	0.828216	0.664631
[i] 41O7	0.408443	0.21551
[i] 61O7	0.420307	0.222933

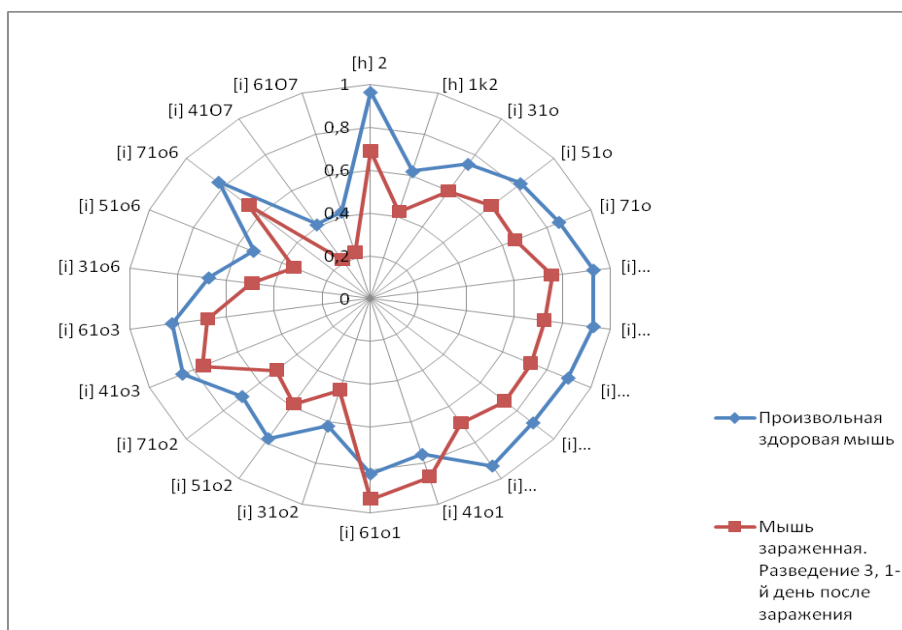


Рис. 4. Значения нозологических маркеров

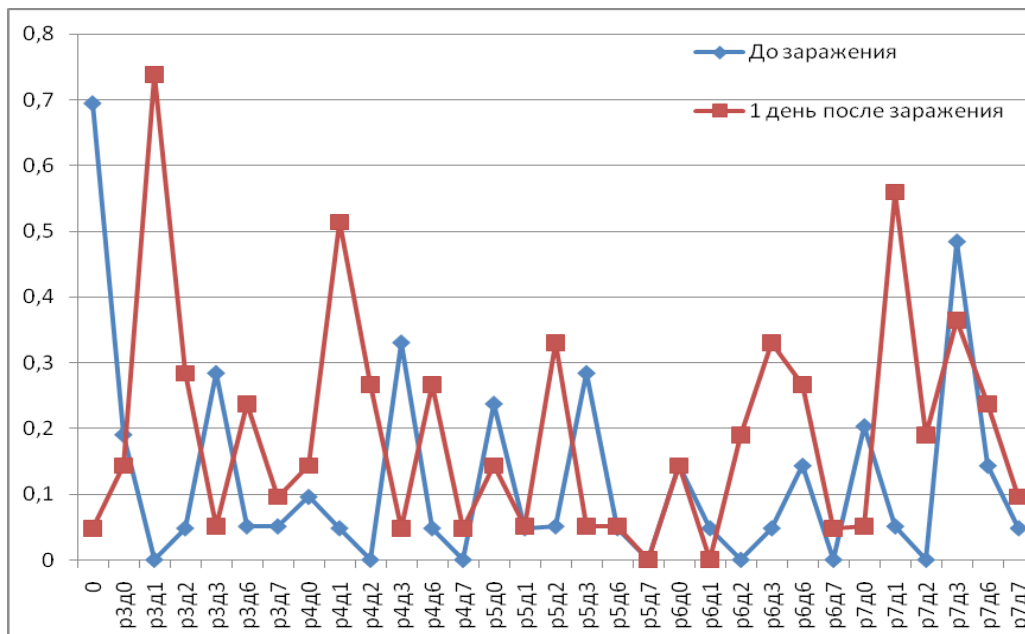
Как видно из приведенных данных «КСК-БАРС» позволяет получить сепарабельное множество маркеров для последующего диагностирования вируса непосредственно в носителе.

Для диагностирования наличия инфицирования, а также для определения срока заражения, концентрации вируса было использовано 31 диагноз. Применение предложенного подхода позволило четко определить диагнозы для всех подопытных мышей. Для примера двух мышей, представленных выше, значения функции уверенности на множестве диагнозов представлены в табл. 2 и на рис. 5.

Таблица 2. Оценки диагнозов

Код состояния	Диагнозы/Сеансы	До заражения	1 день после заражения
---------------	-----------------	--------------	------------------------

0	мыши не зараженные	0.6937	0.0479
р3д0	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 3 день 0	0.19	0.1429
р3д1	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 3 день 1	0	0.7381
р3д2	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 3 день 2	0.0479	0.2837
р3д3	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 3 день 3	0.2837	0.0508
р3дб	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 3 день 6	0.0508	0.237
р3д7	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 3 день 7	0.0508	0.0955
р4д0	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 4 день 0	0.0955	0.1429
р4д1	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 4 день 1	0.0479	0.5137
р4д2	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 4 день 2	0	0.266
р4д3	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 4 день 3	0.3301	0.0479
р4дб	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 4 день 6	0.0479	0.266
р4д7	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 4 день 7	0	0.0479
р5д0	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 5 день 0	0.237	0.1429
р5д1	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 5 день 1	0.0479	0.0508
р5д2	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 5 день 2	0.0508	0.3301
р5д3	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 5 день 3	0.2837	0.0508
р5дб	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 5 день 6	0.0479	0.0508
р5д7	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 5 день 7	0	0
р6д0	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 6 день 0	0.1429	0.1429
р6д1	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 6 день 1	0.0479	0
р6д2	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 6 день 2	0	0.19
р6д3	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 6 день 3	0.0479	0.3301
р6дб	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 6 день 6	0.1429	0.266
р6д7	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 6 день 7	0	0.0479
р7д0	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 7 день 0	0.2029	0.0508
р7д1	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 7 день 1	0.0508	0.559
р7д2	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 7 день 2	0	0.19
р7д3	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 7 день 3	0.4836	0.364
р7дб	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 7 день 6	0.1429	0.237
р7д7	мыши зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- мышиный. разведение 7 день 7	0.0479	0.0955



Среднее по всем разведениям

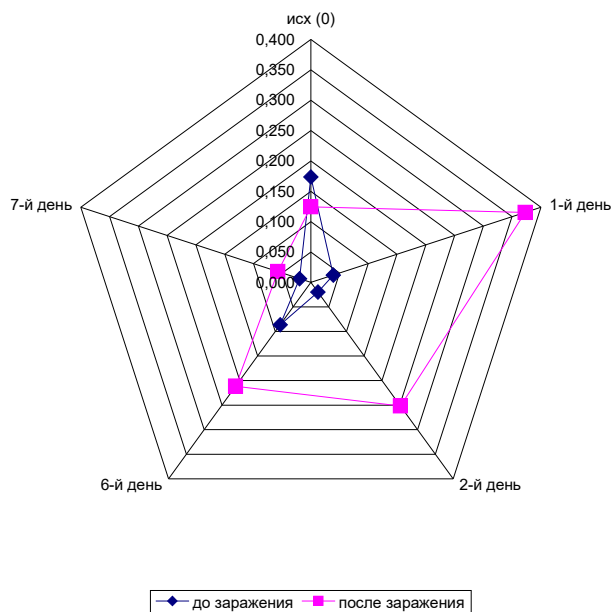


Рис. 5. Оценки диагнозов

Как видно из приведенного графика и таблицы идентификация диагноза четко соответствует состоянию контрольного образца. В частности, для здоровой мыши максимальная оценка соответствует диагнозу «0», а для зараженной вирусом гриппа мыши в первый день после заражения максимальная оценка соответствует диагнозу «р3д1» (разведение 10^{-3} , 1-й день после заражения вирусом гриппа). Аналогичные данные наблюдаются в разведениях 10^{-4} (р4д1), 10^{-7} (р7д1), а в разведениях 10^{-5} и 10^{-6} максимальная оценка приходилась на второй (р5д2) и третий (рбд3) дни.

Во втором исследовании осуществлялась проверка эффективности диагностирования для различных патогенов. В частности рассматривался штамм вирус гриппа A/PR/8/34 в

разведениях 10^{-3} – 10^{-7} , а также патогенный штамм *Francisella tularensis* (в таблицах и рисунках – «tularemia») в разведениях 10^{-1} - 10^{-3} .

В результате исследований были получены данные, подтверждающие эффективность подхода. Например, для диагностики вируса гриппа в разных разведениях данные приведены в таблице 3 и на рис. 6.

Таблица 3. Распознавание мышинного гриппа A/PR/8/34 в разных разведениях

Диагноз	Вирус гриппа A/PR/8/34- в разведениях				
	APR834_3	APR834_4	APR834_5	APR834_6	APR834_7
Вирус гриппа A/PR/8/34- в разведениях	0.9569	0.8844	0.8844	0.7901	0.9327
Мыши не зараженные	0.2513	0.3857	0.3857	0.1905	0.1905
Мыши, зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- в разведениях	0.0918	0.1905	0.1905	0.1905	0
Мыши, зараженные патогенным штаммом <i>F.tularensis</i> в разведениях	0	0	0	0	0.0483
Штамм <i>F.tularensis</i> в разведениях	0	0	0	0	0

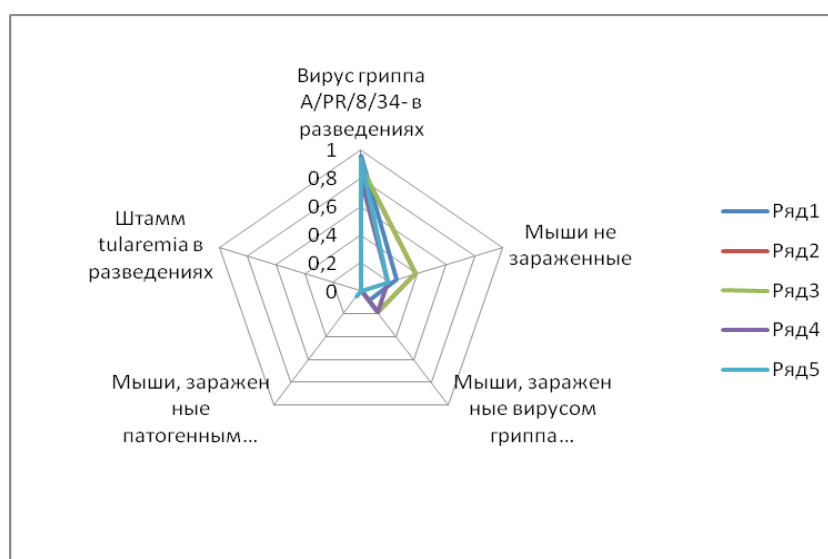
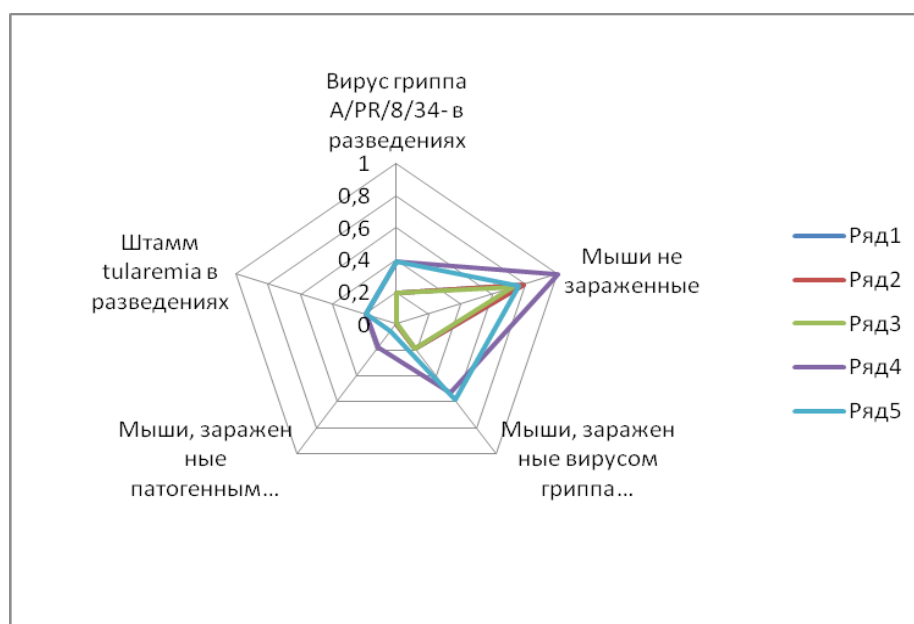


Рис. 6. Распознавание вируса гриппа A/PR/8/34 в разных разведениях
 Данные по различным не зараженным мышам приведены в табл. 4 и рис. 7.
 Табл. 4. Распознавание здоровых мышей

Диагноз	Мыши не зараженные				
	mouse 1	mouse 2	mouse 3	mouse 4	mouse 5
Вирус гриппа A/PR/8/34- в разведениях	0.1905	0.1905	0.1905	0.3857	0.3857
Мыши не зараженные	0.7901	0.7901	0.7249	0.9996	0.7587
Мыши, зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- в разведениях	0.1905	0.1905	0.1905	0.5364	0.5855
Мыши, зараженные патогенным штаммом <i>F.F.tularensis</i> в разведениях	0	0	0	0.1905	0.058
Штамм <i>F.tularensis</i> в разведениях	0	0	0	0.1905	0.1905



Аналогичные данные имеют место и для распознавания мышей, зараженных патогенным штаммом *F.tularensis* в разведениях. Подход показал высокую эффективность при распознавании различных вирусов. В табл. 5 и на рис. 8 приведены некоторые данные для различных исследуемых образцов (вирус гриппа (APR834_4) и *F.tularensis* (mzl_4) в разведениях, зараженные вирусом гриппа (mg3), зараженные *F.tularensis* (mzl_4) и здоровые мыши (mouse4).

Табл. 5. Сравнительные данные диагностирования различных объектов

	APR834_4	mouse 4	mg3	mzl_4	tu_392_101_3
Вирус гриппа A/PR/8/34- в разведениях	0.8844	0.3857	0.3857	0	0
Мыши не зараженные	0.3857	0.9996	0.3857	0.0048	0
Мыши, зараженные вирусом гриппа A/PR/8/34- в разведениях	0.1905	0.5364	0.8796	0	0
Мыши, зараженные патогенным штаммом <i>F.tularensis</i> в разведениях	0	0.1905	0	0.7901	0.1905
Штамм <i>F.tularensis</i> в разведениях	0	0.1905	0.1905	0	0.7901

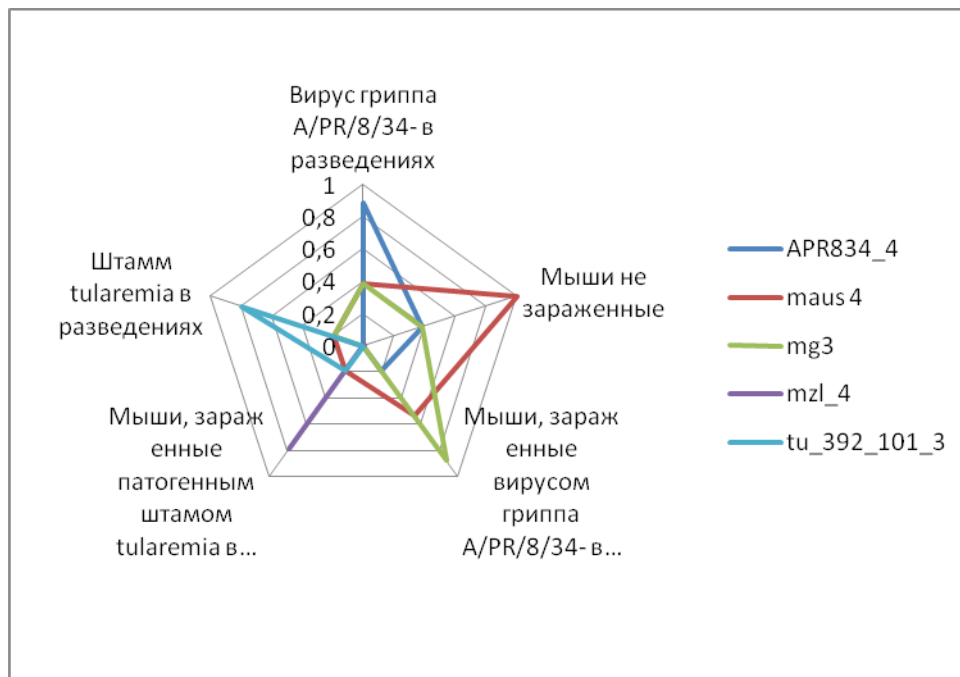


Рис. 8. Сравнительные данные диагностирования различных объектов

Таким образом, как показали исследования, предложенная технология является эффективной. Полученные результаты показали практически 100% распознавание различных видов патогенов в различных разведениях у инфицированных мышей. Технология позволяет определить не только наличие патогена, но и определить его тип, разведение, а также степень заражения объекта. Предложенная технология может быть эффективно использована в борьбе с опасными патогенами.

Выводы

1. Применение разработанных нами алгоритмов обработки данных нозологических маркеров, полученных при записи с программно-аппаратного комплекса спектральной коррекции «КСК-БАРС» с использованием Fuzzy-технологии обработки нечетких данных, позволяет проводить распознавание различных типов патогенов в зараженных объектах.
2. Разработанная нами технология позволяет определить не только наличие патогена, но и определить его вид, а также степень заражения (уровень инфицирования) объекта.
3. Применение новых алгоритмов обработки данных нозологических маркеров позволяет использовать программно-аппаратный комплекс спектральной коррекции «КСК-БАРС» для выявления наличия различных патогенов в живых и неживых объектах.

Литература

1. Патент Украины №23476 от 25.05.2007 на корисну модель «Спосіб ідентифікації спектральних характеристик біологічних і неживих об'єктів та їхньої корекції»
2. V. Bocharnikov, S. Sveshnikov. Applications of fuzzy technology. The solving of analytical problems in business. LAP LAMBERT Academic Publishing, Berlin, 2010. – 305 p.
3. Бочарников В.П. Fuzzy-технология: Математические основы. Практика моделирования в экономике. – Санкт-Петербург: «Наука» РАН, 2000. – 328 с.
4. Sugeno M. Fuzzy Decision Making Problems.// Transaction of the Society of Instrument and Control Engineers, Tokyo. – 1975. – v.11, # 6. – pp. 85-90.
5. Бочарников В.П., Бочарников И. В., Свешников С.В. Основы системного анализа и управления организациями. Теория и практика. М.: ДМК Пресс, 2014. – 286 с