

УДК 616-006.04:004.8:577.27

ПЕРСПЕКТИВИ ЗАСТОСУВАННЯ ШТУЧНОГО ІНТЕЛЕКТУ В АНАЛІЗІ ДАНИХ ПРОТОЧНОЇ ЦИТОМЕТРІЇ

Крупко Катерина Михайлівна
k.m.krupko@gmail.com

Богомолів Микола Федорович
mfbogomolov@gmail.com

Кафедра біомедичної інженерії
Національний технічний університет України
«Київський політехнічний інститут імені Ігоря Сікорського»
м. Київ, Україна

Анотація – Інтеграція штучного інтелекту (ШІ) у проточну цитометрію відкриває нові можливості для автоматизації аналізу даних в онкогематології, що є критично важливим у зв'язку зі зростаючими обсягами складних даних, які необхідно обробляти. Сучасна онкогематологія стикається з викликами, пов'язаними з необхідністю швидкої та точної діагностики, моніторингу захворювань та прогнозування клінічних результатів. Впровадження новітніх технологій, зокрема ШІ, дозволяє підвищити точність та ефективність діагностики, зменшити вплив людського фактора, мінімізувати суб'єктивні похибки та забезпечити відтворюваність результатів. Алгоритми машинного навчання відіграють ключову роль у цьому процесі, оскільки вони можуть бути застосовані для автоматизованої класифікації клітинних популяцій, виявлення рідкісних клітин, ідентифікації біомаркерів та прогнозування клінічних результатів пацієнтів. Це сприяє більш точній і швидкій діагностиці, покращенню стратифікації ризиків та персоналізації лікування. Автоматизований аналіз дозволяє лікарям швидше отримувати інформативні результати, що сприяє ухваленню своєчасних клінічних рішень. Крім того, інтеграція ШІ в онкогематологію узгоджується із сучасними тенденціями цифровізації та персоналізації медицини, спрямованими на підвищення якості медичної допомоги. Таким чином, використання ШІ у проточній цитометрії є перспективним напрямком, який має потенціал суттєво покращити стандарти діагностики та лікування онкогематологічних захворювань, оптимізуючи як процеси аналізу даних, так і результати терапії.

Ключові слова: штучний інтелект, формені елементи крові, лазерні цитометри, біосенсори, оптоелектронна діагностика, розсіювання світла, точність діагностики

І. ВСТУП

Штучний інтелект (ШІ) – це система, яка здатна імітувати інтелектуальну діяльність людини, таку як отримання даних, їх аналіз, класифікація, логічне мислення та формування висновків. Дана модель використовується у багатьох сферах діяльності, в тому числі в медицині. На сьогодні існує безліч алгоритмів, функціонал яких орієнтований на обробку медичних даних та надання рекомендацій щодо лікування різних хвороб [1].

Використання ШІ в галузі онкогематологічних досліджень є напрямком, який дуже стрімко розвивається. У зв'язку зі збільшенням частки хворих на рак крові виникла потреба у спеціалістах, що проводили б роботу по збору даних про пацієнта, забору відповідного біоматеріалу,

проведенню досліджень та формуванню медичного висновку. Зрозуміло, що на всі етапи витрачається багато часу, який є цінним ресурсом в онкології. Заміна людини на ШІ на певних стадіях лікування дає можливість усунути дані проблеми.

Одним із ключових аспектів ефективного використання штучного інтелекту в онкогематології є інтеграція його з сучасними технологіями діагностики, зокрема проточної цитометрії. Даний метод є потужним інструментом для аналізу фізичних і хімічних характеристик клітин у суспензії, що дозволяє визначати різні клітинні популяції на основі маркерів поверхні. Ця методика є незамінною в діагностиці та моніторингу онкогематологічних захворювань, таких як лейкоз, лімфома та множинна мієлома.

Побудова алгоритмів для ШІ у вигляді машинного навчання дозволять у майбутньому проводити обробку великих обсягів даних, класифікацію закономірностей та створення прогностичних моделей для кожного клінічного випадку. Такі підходи до лікування хворих підвищать точність діагностичних процесів з мінімальною витратою часу та виключать можливість виникнення помилок через «людський фактор».

II. МЕТА РОБОТИ

Дослідження можливостей інтеграції штучного інтелекту в процеси аналізу даних проточної цитометрії для підвищення ефективності діагностики онкогематологічних захворювань.

III. АРХІТЕКТУРА ШТУЧНОГО ІНТЕЛЕКТУ

Штучний інтелект — це загальний термін, що описує імітацію людського інтелекту комп'ютерами [3]. Як і будь-яка система, ШІ має свою класифікацію, яка в інформаційному полі визначається трьома категоріями:

1. Штучний вузький інтелект, також званий «слабким штучним інтелектом», визначається як цілеспрямована версія. Цей вид штучного інтелекту є відтворенням обмеженого інтелекту людини. Вузький штучний інтелект орієнтований на досягнення окремих завдань, але обмежується окремими випадками.
2. Загальний штучний інтелект, який також називають «потужним штучним інтелектом», представляє тип штучного інтелекту, який може розуміти та вивчати всі завдання так само, як їх виконувала б людина. Спосіб мислення, дослідження та розгадування цього штучного інтелекту в деяких випадках не відрізняється від людського. Зіткнувшись з незнайомим завданням, система штучного загального інтелекту могла знайти рішення.
3. Штучний суперінтелект вважається найбільш просунутим, потужним і розумним типом штучного інтелекту. Гіпотетично, цей рівень інтелекту не тільки виконує та діє як

людська природа, але також усвідомлює, що він існує як сутність [2].

Кожна з описаних категорій ШІ є складною системою алгоритмів для обробки інформації. Залежно від мети, яку потрібно досягнути в діагностиці, використовуються його різні підрозділи, які відрізнятимуться функціоналом (рис. 1). Для онкології існує термін – машинне навчання (ML), підрозділ штучного інтелекту, стосується навчання комп'ютерних алгоритмів робити прогнози на основі досвіду, і його можна загалом розділити на контрольоване (де комп'ютеру дозволено переглядати дані про результати) або неконтрольоване (дані про результати не надаються) навчання. Обидва підходи шукають моделі даних, щоб дозволити прогнозувати результати, такі як наявність або відсутність раку, рівень виживаності або групи ризику.

У практиці використання машинного навчання його можуть також розділяти на підгрупи. При більш детальній діагностиці в онкології можуть застосовувати методи глибокого навчання (DL) – це підгрупа ML, за допомогою якої будуються складні архітектури, аналогічні взаємопов'язаним нейронам людського мозку [1]. Існує багато платформ на основі різних мов програмування, які забезпечують функціонал DL для навчання, розробки моделей і побудови висновків.

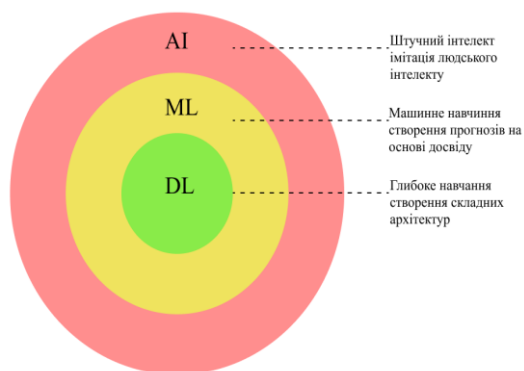


Рисунок 1 – Архітектура штучного інтелекту [1]

IV. РОЗРОБКА МОДЕЛІ ШІ ДЛЯ ДОСЛІДЖЕНЬ ПРОТОЧНОЇ ЦИТОМЕТРІЇ

Розробка моделей штучного інтелекту для аналізу даних проточної цитометрії є складним процесом, який включає ряд послідовних кроків, що відіграють вирішальну роль у створенні надійної та ефективної моделі. Ключовим моментом є чітке визначення клінічної проблеми та її об'єктивно вимірюваного результату. Саме клінічне питання служить орієнтиром для подальшої розробки та валідації моделі, визначаючи не тільки характер навчальних даних та технічний результат, але й клінічне завдання та контекст, в якому буде застосовуватися ШІ.

4.1 Перший етап: збір і підготовка даних

Збір даних для виконання завдань проточної цитометрії є критичним етапом розробки моделі ШІ, під час якого відбувається ретельний відбір високоякісної інформації. Для цього необхідно заздалегідь побудувати критерії відбору даних, що включатимуться або виключатимуться.

Корисні потоки онкологічних даних, приблизно дотримуючись історичного порядку доступності, включають: клінічну картину, стадію раку, гістопатологію, якісну візуалізацію, геноміку раку, геноміку пацієнта, кількісну візуалізацію, рідкі біопсії, аналіз електронних медичних записів, переносні пристрої та цифрову поведінку [4].

Дані, отримані в ході роботи в напрямку проточної цитометрії, подаються у вигляді різних типів файлів (pdf, fcs і т.д.). Важливо на початку роботи обрати той тип файлу, який буде відповідати поставленому завданню.

У даній роботі буде проведено роботу з файлами PDF, які містять результати досліджень у формі точкових діаграм (рис. 2), щільнісних діаграм (рис. 3), контурних діаграм (рис. 4), квадратного аналізу (рис. 5), діаграм розсіювання (рис. 6) та гістограм (рис. 7).

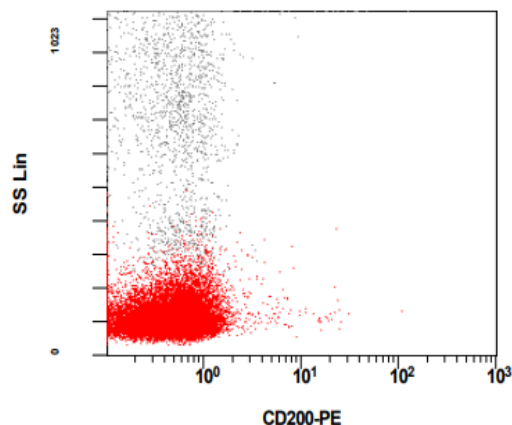


Рисунок 2 – Приклад точкової діаграми

При побудові даних діаграм порівнюється логарифмічна флуоресценція FL2 з лінійним розсіюванням світла вперед (Side Scatter, SS).

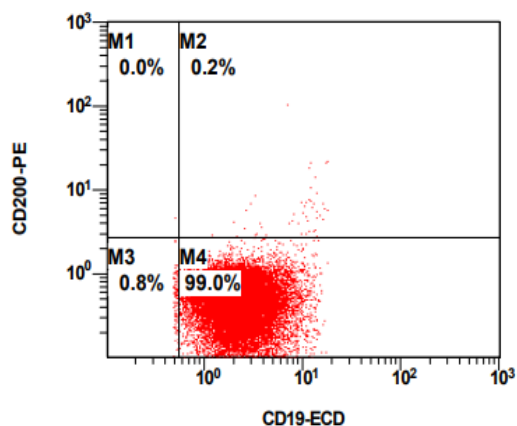


Рисунок 3 – Приклад щільнісної діаграми

При побудові даних діаграм відображається співвідношення двох логарифмічних флуоресцентних каналів (FL3 та FL2), зазвичай для аналізу експресії двох маркерів.

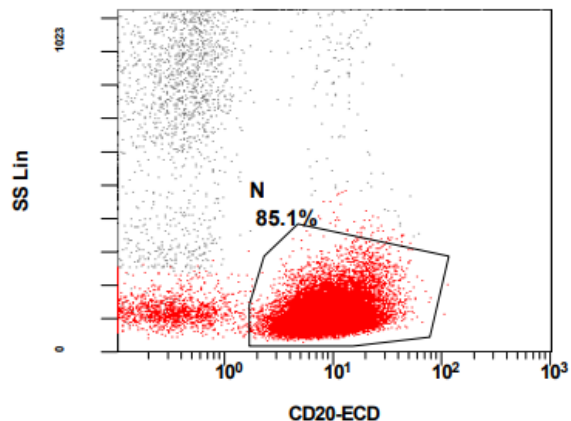


Рисунок 4 – Приклад контурної діаграми

При побудові даних діаграм порівнюється логарифмічна інтенсивність FL3 із боковим розсіюванням світла, що дозволяє оцінити розподіл клітин за розміром і гранулярністю.

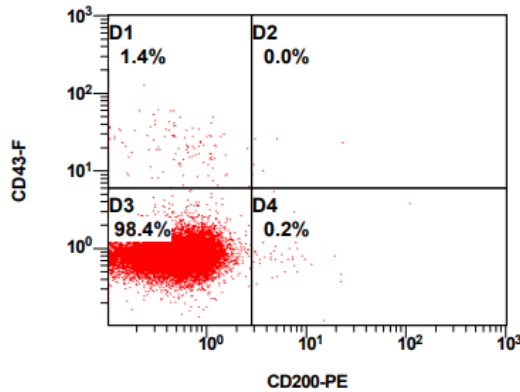


Рисунок 5 – Приклад квадратного аналізу

Даний тип діаграм використовується для аналізу подвійної експресії маркерів у клітинах.

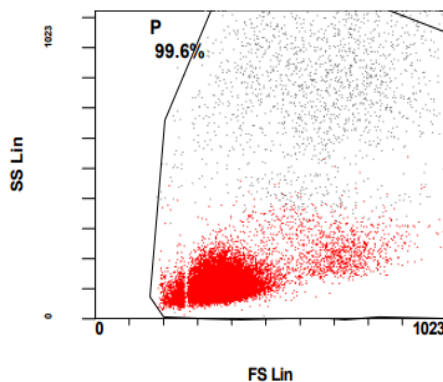


Рисунок 6 – Приклад діаграми розсіювання

Даний тип діаграм відображає співвідношення переднього (FS, Forward Scatter) та бокового (SS, Side Scatter) розсіювання світла, що дозволяє розрізняти популяції клітин за розміром і внутрішньою складністю.

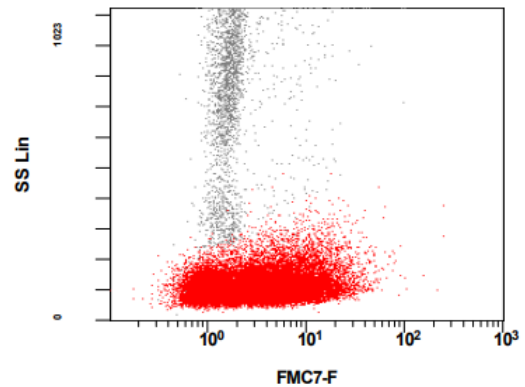


Рисунок 7 – Приклад гістограми.

При побудові даних діаграм аналізується інтенсивність одного флуоресцентного маркера у логарифмічному масштабі відносно розсіювання світла.

4.2 Другий етап: попередня обробка даних і зображень

Попередня обробка залежатиме від конструкції алгоритму навчання. Як правило, масштаб і діапазон безперервних змінних необхідно стандартизувати перед використанням у навчанні ШІ; це відомо як нормалізація. Це запобігає надмірному домінуванню змінних із більшими величинами в процесі навчання моделі [5].

Попередня обробка медичних зображень часто виконується на основі окремого зображення, і найкраще брати до уваги бімодальну природу медичних зображень (тобто зображення має фон і передній план).

Значення інтенсивності вокселів (тривимірних аналогів пікселя, які є елементарним об'ємом у тривимірному просторі) медичного зображення можна кодувати за допомогою різних типів даних і діапазонів інтенсивності, а значення конкретного значення може відрізнятися залежно від різних модальностей, зборів послідовностей або сканерів. Тому методи нормалізації інтенсивності для медичних зображень часто передбачають більш складну параметризацію інтенсивностей, ніж ті, що використовуються для природних зображень [6].

Як видно на попередніх рисунках, отримані результати у вигляді діаграм були попередньо опрацьовані та підготовлені до подальшого аналізу. Кожен графік було

нормалізовано для коректного відображення і також проведено огляд, в ході якого було виділено інформативні поля даних.

Технологія обробки медичних зображень МРТ (магніто-резонансна томографія) є одним із методів медичної візуалізації. Це основа клінічного та діагностичного аналізів, яка також використовується при вивченні ефективності призначеного лікування.

У МРТ штучний інтелект використовує технологію комп'ютерного зору для оптимізації та допомоги в аналізі медичних зображень, що забезпечує більшу основу та кількісний аналіз для лікарів для оцінки стану пацієнта. Покращення зображення, виявлення та класифікація об'єктів, сегментація зображення, реєстрація зображення, генерація зображення та виділення ознак є загальними методами МРТ [7].

4.3 Третій етап: розробка моделі

Першим кроком на даному етапі є написання програмного коду з використанням певних бібліотек, функціонал яких спрямований на вторинну обробку, доповнення та вибірку медичних зображень для глибокого навчання.

Після створення програмної та інформаційної баз, проводиться оцінка функціональності та продуктивності моделі. Варто зазначити, що для даного кроку використовується обмежена частина даних для внутрішньої перевірки задля уникнення нереалістичної оцінки. Якщо модель ШІ працює відповідно до поставлених задач, її піддають наступному етапу машинного навчання.

Обробка штучного інтелекту повинна бездоганно інтегруватися в існуючі клінічні робочі процеси, де візуалізація впливає на наступні рішення, такі як хірургія, втручання та терапія [8].

Нові робочі процеси на основі штучного інтелекту повинні або не заважати усталеній рутинній практиці, або значно підвищити їх ефективність, щоб вивчення нового робочого процесу стало бажаним, а не обтяжливим. Лікарі та біологи повинні бути навчені використанню процесів, доповнених штучним інтелектом, щоб ще більше

підвищити ймовірність того, що вони використовуватимуть ШІ та усвідомлять його переваги. Інструменти штучного інтелекту повинні мати настроювані кінцеві точки, які можна інтегрувати в різноманітні інфраструктури системи охорони здоров'я за допомогою багатьох постачальників і протоколів. Оптимально розгорнутий ШІ в ідеалі не повинен відрізнятися від існуючої ІТ-інфраструктури. Тим не менш, запровадження таких інструментів вимагає зміцнення довіри між користувачами та бенефіціарами. Крім того, робочі процеси штучного інтелекту повинні підтримувати стандарти даних і робочих процесів, щоб підвищити ймовірність взаємодії систем і безперебійної інтеграції [9, 10].

4.4 Четвертий етап: навчання моделі

Основним фактором, що спричинив значне зростання інтересу до штучного інтелекту в останні роки, стала поява глибокого навчання, і оскільки глибоке навчання також є методом машинного навчання, можна зробити висновок, що машинне навчання використовується як базова технологія для поточного ШІ [11].

Навчання стосується ітеративного коригування внутрішніх параметрів моделі для мінімізації різниці між прогнозованими та фактичними значеннями. Конвергенція виникає, коли параметри моделі змінюються менше, ніж невелика попередньо визначена межа, або коли різниця між прогнозованими та спостережуваними значеннями постійно залишається у вузькому діапазоні.

Поширені підводні камені під час навчання включають: надмірне пристосування — коли модель починає підлаштовуватися під випадковий шум у навчальному наборі даних, таким чином втрачаючи можливість узагальнення під час оцінювання за невидимими даними (тобто перевірочними та тестовими наборами), і недостатнє пристосування — коли модель не фіксує справжній сигнал у навчальному наборі даних, таким чином погано працює як у навчальних, так і в наборах даних перевірки/тесту [12].

У дослідженні раку було проведено велику роботу, зокрема в класифікаційних

завданнях під наглядом навчання, що дало результати, які були застосовані в клінічній практиці. Це пов'язано з навичками глибокого навчання під час аналізу зображень, де багато дослідників працюють над завданнями класифікації (доброякісних або злоякісних тощо), а також навчання під наглядом, засноване на анотаціях медичних спеціалістів, що важливо для подання заявки на схвалення медичних пристроїв, обладнаних ШІ [13].

V. ПРОБЛЕМИ МОДЕЛІ ТА ВИКЛИКИ

Тема розробки моделей ШІ для потреб медицини в останні роки набула широкого розголосу, оскільки з її розвитком вирішується велика кількість проблем, таких як нестача кваліфікованих кадрів та фінансування, допущення помилок через «людський фактор» і т.д. Проте виникають нові питання, які пов'язані з інтеграцією ШІ в сферу охорони здоров'я.

Перш за все, дослідницьке співтовариство має повністю узгодити загальне, чітке та точне визначення прозорості в системах штучного інтелекту, що наразі призводить до неоднозначності щодо того, що мають містити пояснення. Наприклад, правильне калібрування пояснень штучного інтелекту, щоб вселити належну кількість довіри до моделей штучного інтелекту, має вирішальне значення, але складне, оскільки вимагає балансу між наданням зрозумілих ідей без надмірного спрощення або перевантаження користувачів і, в той же час, без перевищення або недооцінки можливостей пояснюваної моделі штучного інтелекту [14].

У клінічних дослідженнях етичне поводження з даними про людей може бути серйозною проблемою, що вимагає уваги до належних методів деідентифікації (анонімізації), практик збереження конфіденційності та відповідального використання даних. Це ще більше підкреслює необхідність критеріїв походження та етики, щоб гарантувати, що обмеження використання даних, відповідність, інтелектуальна власність та інші обмеження чітко зазначені та дотримані під час подальшого використання даних [15].

Незважаючи на те, що багато країн мають величезні обсяги медичних даних, більшість із них є неструктурованими та не мають уніфікованого стандартного формату, що ускладнює повне використання справжньої цінності даних. Для деяких рідкісних захворювань можна зібрати лише кілька зразків даних, що не може надати достатньо інформації для вивчення моделі ШІ. Однак модель потребує використання великомасштабних даних у процесі навчання, і незначні помилки даних можуть вплинути на остаточну модель штучного інтелекту, що може спричинити серйозні негативні наслідки для пацієнтів при застосуванні до фактичного лікування. Однак на даний момент не існує уніфікованого стандарту та стандартного процесу для використання великомасштабних медичних даних, і уряд не видав відповідних законів, які б давали чіткі інструкції щодо захисту конфіденційності та норм відповідальності даних AI [16, 17].

VI. ВИСНОВОК

Інтеграція штучного інтелекту в проточну цитометрію відкриває нові можливості для автоматизації аналізу даних в онкогематології. Застосування ШІ дозволяє автоматизувати процеси аналізу, зменшити вплив людського фактора та підвищити відтворюваність результатів. Алгоритми машинного навчання можуть бути використані для класифікації клітинних популяцій, виявлення рідкісних клітин та прогнозування клінічних результатів, що сприяє більш точній і швидкій діагностиці, оптимізації лікувальних стратегій та покращенню прогнозу для пацієнтів із злоякісними захворюваннями крові.

Розробка моделей ШІ для аналізу даних проточної цитометрії є складним процесом, що включає кілька етапів: збір і підготовка даних, попередня обробка даних і зображень, розробка моделі та навчання моделі. Кожен етап є важливим для створення надійної та ефективної моделі.

Проблеми, пов'язані з інтеграцією ШІ в охорону здоров'я, включають необхідність узгодження визначення прозорості в

системах III, етичне поводження з даними про людей, забезпечення конфіденційності та відповідального використання даних, а також проблеми, пов'язані з неструктурованістю та відсутністю уніфікованого стандартного формату медичних даних.

Незважаючи на існуючі проблеми, інтеграція III в проточну цитометрію є перспективним напрямком розвитку онкогематології, що відповідає сучасним тенденціям цифровізації та персоналізації медицини.

Фінансування. Дане дослідження не отримувало зовнішнього фінансування.

Конфлікт інтересів. Автори заявляють про відсутність конфлікту інтересів.

ORCIDID та внесок авторів.

0009-0001-5251-4746 (A, B, D, C)

Kateryna Krupko

0000-0002-4351-527X (E, F), Nikolay

Bogomolov

A – Концепція роботи та дизайн, B – аналіз стандартів надання медичної допомоги та протоколів лікування, C – Проєктування алгоритмів, D – Написання статті, E – Критичний огляд, F – Остаточне схвалення статті.

ПЕРЕЛІК ПОСИЛАНЬ

1. Benke K, Benke G. Artificial Intelligence and Big Data in Public Health. *Int J Environ Res Public Health*. 2018 Dec 10;15(12):2796. doi: 10.3390/ijerph15122796. PMID: 30544648; PMCID: PMC6313588. URL: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC6313588/>
2. Luțenco V, Țocu G, Guliciuc M, Moraru M, Candussi IL, Dănilă M, Luțenco V, Dimofte F, Mihailov OM, Mihailov R. New Horizons of Artificial Intelligence in Medicine and Surgery. *J Clin Med*. 2024 Apr 25;13(9):2532. doi: 10.3390/jcm13092532. PMID: 38731061; PMCID: PMC11084145. URL: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11084145/>
3. Hunter B, Hindocha S, Lee RW. The Role of Artificial Intelligence in Early Cancer Diagnosis. *Cancers (Basel)*. 2022 Mar 16;14(6):1524. doi:10.3390/cancers14061524. PMID: 35326674; PMCID: PMC8946688. URL: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8946688/>
4. Kann BH, Hosny A, Aerts HJWL. Artificial intelligence for clinical oncology. *Cancer Cell*. 2021 Jul 12;39(7):916-927. doi: 10.1016/j.ccell.2021.04.002. Epub 2021 Apr 29. PMID: 33930310; PMCID: PMC8282694. URL: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8282694/>
5. Hoebbers FJP, Wee L, Likitlersuang J, Mak RH, Bitterman DS, Huang Y, Dekker A, Aerts HJWL, Kann BH. Artificial intelligence research in radiation oncology: a practical guide for the clinician on concepts and methods. *BJR Open*. 2024 Nov 13;6(1):tzae039. doi: 10.1093/bjro/tzae039. PMID: 39583148; PMCID: PMC11585305. URL: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11585305/>
6. Pérez-García F, Sparks R, Ourselin S. TorchIO: A Python library for efficient loading, preprocessing, augmentation and patch-based sampling of medical images in deep learning. *Comput Methods Programs Biomed*. 2021 Sep;208:106236. doi: 10.1016/j.cmpb.2021.106236. Epub 2021 Jun 17. PMID: 34311413; PMCID: PMC8542803. URL: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8542803/>
7. Liu F, Zhu J, Lv B, Yang L, Sun W, Dai Z, Gou F, Wu J. Auxiliary Segmentation Method of Osteosarcoma MRI Image Based on Transformer and U-Net. *Comput Intell Neurosci*. 2022 Nov 14;2022:9990092. doi: 10.1155/2022/9990092. PMID: 36419505; PMCID: PMC9678467. URL: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36419505/>
8. Ranschaert E, Topff L, Panykh O. Optimization of Radiology Workflow with Artificial Intelligence. *Radiol Clin North Am*. 2021 Nov;59(6):955-966. doi: 10.1016/j.rcl.2021.06.006. PMID: 34689880. URL: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34689880/>
9. Dreyer KJ. Why IHE? *Radiographics*. 2000 Nov-Dec;20(6):1583-4. doi: 10.1148/radiographics.20.6.g00no381583. PMID: 11112812. URL: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11112812/>
10. Wozak F, Ammenwerth E, Hörbst A, Sögner P, Mair R, Schabetsberger T. IHE based interoperability - benefits and challenges. *Stud Health Technol Inform*. 2008;136:771-6. PMID: 18487825. URL: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/18487825/>
11. Байкова А. Г., Богомоллов М. Ф., Шликов В. В. Лазерный прибор для исследования характеристик крови. *Биомедицина инженерия та технология*. 2022. No 8 (2022). С. 31–39. URL: <https://doi.org/10.20535/2617-8974.2022.8.270853>
12. Hamamoto R, Komatsu M, Yamada M, Kobayashi K, Takahashi M, Miyake M, Jinnai S, Koyama T, Kouno N, Machino H, Takahashi S, Asada K, Ueda N, Kaneko S. Current status and future direction of cancer research using artificial intelligence for clinical application. *Cancer Sci*. 2025 Feb;116(2):297-307. doi: 10.1111/cas.16395. Epub 2024 Nov 18. PMID: 39557634; PMCID: PMC11786316. URL: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11786316/>
13. Zwanenburg A. Radiomics in nuclear medicine: robustness, reproducibility, standardization, and how to avoid data analysis traps and replication crisis. *Eur J Nucl Med Mol Imaging*. 2019;46(13):2638-2655. URL: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31240330/>
14. Cai L, Gao J, Zhao D. A review of the application of deep learning in medical image classification and segmentation. *Ann Transl Med*. 2020 Jun;8(11):713. doi: 10.21037/atm.2020.02.44. PMID: 32617333; PMCID: PMC7327346. URL: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32617333/>
15. Kowald D, Scher S, Pammer-Schindler V, Müllner P, Waxnegger K, Demelius L, Fessler A, Toller M, Mendoza Estrada IG, Šimić I, Sabol V, Trügler A, Veas E, Kern R, Nad T, Kopeinik S. Establishing and evaluating trustworthy AI: overview and research challenges. *Front Big Data*. 2024 Nov 29;7:1467222. doi: 10.3389/fdata.2024.1467222. PMID: 39677583; PMCID: PMC11638207. URL: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11638207/>
16. Clark T, Caufield H, Parker JA, Al Manir S, Amorim E, Eddy J, Gim N, Gow B, Goar W, Haendel M, Hansen JN, Harris N, Hermjakob H, Joachimiak M, Jordan G, Lee IH, McWeeney SK, Nebeker C, Nikolov M, Shaffer J, Sheffield N,

Sheynkman G, Stevenson J, Chen JY, Mungall C, Wagner A, Kong SW, Ghosh SS, Patel B, Williams A, Munoz-Torres MC. AI-readiness for Biomedical Data: Bridge2AI Recommendations. bioRxiv [Preprint]. 2024 Nov 24;2024.10.23.619844. doi: 10.1101/2024.10.23.619844. PMID: 39484409; PMCID: PMC11526931. URL: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11526931/#S13>

18.

17. Ibuki T, Ibuki A, Nakazawa E. Possibilities and ethical issues of entrusting nursing tasks to robots and artificial intelligence. Nurs Ethics. 2024 Sep;31(6):1010-1020. doi: 10.1177/09697330221149094. Epub 2023 Jun 12. PMID: 37306294; PMCID: PMC11437727. URL: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37306294/>

UDC 616-006.04:004.8:577.27

INTEGRATION OF ARTIFICIAL INTELLIGENCE INTO FLOW CYTOMETRY RESEARCH FOR AUTOMATING DATA ANALYSIS IN ONCOHEMATOLOGY

Kateryna Krupko

k.m.krupko@gmail.com

Nikolay Bogomolov

mbogomolov@gmail.com

Department of Biomedical Engineering
National Technical University of Ukraine
“Igor Sikorsky Kyiv Polytechnic Institute”

Abstract – The integration of artificial intelligence (AI) into flow cytometry opens new opportunities for automating data analysis in oncohematology, which is critically important due to the growing volumes of complex data that need to be processed. Modern oncohematology faces challenges related to the need for rapid and accurate diagnostics, disease monitoring, and clinical outcome prediction. The implementation of advanced technologies, particularly AI, enhances the accuracy and efficiency of diagnostics, reduces human factor influence, minimizes subjective errors, and ensures result reproducibility. Machine learning algorithms play a key role in this process, as they can be applied to automated classification of cell populations, detection of rare cells, biomarker identification, and prediction of clinical outcomes. This contributes to more precise and faster diagnostics, improved risk stratification, and personalized treatment approaches. Automated analysis enables physicians to obtain informative results more quickly, facilitating timely clinical decision-making. Moreover, the integration of AI into oncohematology aligns with modern trends in digitalization and personalized medicine, aimed at improving the quality of healthcare services. Thus, the use of AI in flow cytometry is a promising direction with the potential to significantly enhance diagnostic and treatment standards in oncohematological diseases, optimizing both data analysis processes and therapeutic outcomes.

Keywords: artificial intelligence, formed blood elements, laser cytometers, biosensors, optoelectronic diagnostics, light scattering, diagnostic accuracy