

УДК 004.67

ИССЛЕДОВАНИЕ ОДНОЭТАПНОЙ НЕЙРОННОЙ СЕТИ ГЛУБОКОГО ОБУЧЕНИЯ ДЛЯ КЛАССИФИКАЦИИ ПОДВАРИАНТОВ ОСТРОГО ЛИМФОБЛАСТНОГО ЛЕЙКОЗА НА ОТКРЫТОМ НАБОРЕ ДАННЫХ

Е. В. Поляков, к.т.н., доцент кафедры медицинской физики НИЯУ МИФИ, Москва, Россия;
orcid.org/0000-0002-5346-6504, e-mail: EVPolyakov@mephi.ru

И. П. Чурилов, аспирант кафедры медицинской физики НИЯУ МИФИ, Москва, Россия;
orcid.org/0009-0003-1368-3744, e-mail: mrchurilov@mail.ru

В. В. Дмитриева, к.т.н., доцент кафедры электрофизических установок НИЯУ МИФИ, Москва, Россия;
orcid.org/0000-0002-9202-6691, e-mail: VVDmitriyeva@mephi.ru

Статья посвящена задаче автоматизированной диагностики острого лимфобластного лейкоза с использованием методов искусственного интеллекта. Актуальность исследования обусловлена необходимостью повышения точности и скорости диагностики гематологических заболеваний, поскольку традиционные методы анализа мазков крови трудоёмки и подвержены человеческим ошибкам. В работе исследуется эффективность применения одноэтапной нейронной сети для одновременной детекции и классификации клеток крови по четырём классам: здоровые клетки и три подтипа лимфобластов (Early Pre-B, Pre-B, Pro-B). Обучение и тестирование модели проводились на открытом наборе данных, содержащем более 3000 размеченных изображений. В результате экспериментов достигнуты высокие показатели качества классификации: precision – 0.97, recall – 0.95, F1-score – 0.96, mAP50 – 0.98. Полученные результаты демонстрируют потенциал использования глубоких нейронных сетей в автоматизации диагностики острого лимфобластного лейкоза и позволяют повысить эффективность и объективность лабораторного анализа. Предложенный подход обеспечивает более точную оценку каждого отдельного элемента изображения по сравнению с классификацией целых снимков.

Ключевые слова: нейронная сеть, искусственный интеллект, YOLO, острый лимфобластный лейкоз, диагностика, классификация, детекция объектов, precision, recall, mAP.

DOI: 10.21667/1995-4565-2025-93-92-99

Введение

Исследование посвящено вопросам современной диагностики острого лимфобластного лейкоза (далее – ОЛЛ) путём изучения потенциала новейших технологий для распознавания ядросодержащих клеток в микроскопических образцах костного мозга. Сегодня анализ изображений проводится преимущественно вручную квалифицированными врачами лабораторной диагностики, что требует значительных временных затрат и высокого уровня профессиональной подготовки специалиста. Поскольку человеческий фактор может привести к ошибкам, важность автоматизации диагностических процедур очевидна. Раннее и точное определение подварианта острого лимфобластного лейкоза критически важно для назначения подходящего курса лечения и благоприятного прогноза течения заболевания. Автоматизация диагностики позволяет сократить временные издержки и минимизировать риски диагностических ошибок [1, 2].

Использование технологий искусственного интеллекта стало неотъемлемой частью современного здравоохранения. Искусственные нейронные сети позволяют обрабатывать огромные объёмы данных, выявлять скрытые закономерности и повышать точность диагноза. Одним из ключевых направлений развития в данной области являются нейронные сети глубокого обучения, способные быстро анализировать сложные биологические образы и точно определять наличие патологических изменений [3-6].

На данный момент проведено много исследований, посвященных предобработке, выделению признаков, сегментации клеток на изображении и их последующей классификации, а также классификации микроскопических изображений целиком [7-14]. Существуют также перспективные семейства моделей, которые совмещают в себе этапы выделения клеток на изображении и их дальнейшей классификации. К таким моделям относится семейство моделей YOLO [15] (документация¹), DETR [16] (документация²).

Однако внедрение новых технологий сталкивается с рядом проблем. Например, создание высококачественных обучающих наборов данных представляет собой сложную и дорогостоящую задачу. Важно провести объективное сравнение современных нейросетевых архитектур для оценки их пригодности к использованию в клинической практике. В работе исследуется, насколько такие системы способны обеспечить необходимую точность и стабильность работы в реальных клинических ситуациях.

Цель исследования – анализ возможностей архитектуры одноэтапной нейронной сети глубокого обучения в автоматизированной классификации подвариантов ОЛЛ на основе открытого набора данных.

Материалы и методы

Исследования проводились на открытом наборе данных Leukemia Cancer Detection Computer Vision Project³, который представляет собой размеченный набор, содержащий координаты и классы целевых объектов. Это делает его подходящим для обучения моделей машинного обучения методом обучения с учителем. Данные получены путём модификации оригинального набора⁴, адаптированного для задачи обнаружения объектов (object detection). Первоначально он использовался для классификации целых изображений, а не отдельных клеток [17].

Изображения были собраны в лаборатории костного мозга больницы Талекани (Тегеран, Иран). Набор включает 3151 изображение, которые получены от 89 пациентов с подозрением на острый лимфобластный лейкоз (ОЛЛ). Пробы крови готовились и окрашивались непосредственно в лаборатории. В датасете представлены изображения как здоровых клеток, так и трёх подтипов злокачественных лимфобластов: Early Pre-B, Pre-B и Pro-B. Фотографии выполнялись с использованием микроскопа Zeiss при увеличении $\times 100$ и сохранялись в формате JPEG. Окончательная разметка проводилась с применением данных проточной цитометрии. Пример исходного изображения из набора приведён на рисунке 1.

Анализ возможностей архитектуры одноэтапной нейронной сети глубокого обучения в автоматизированной классификации подтипов острого лимфобластного лейкоза (ОЛЛ) на основе открытого набора данных проводился с применением модели YOLO (You Only Look Once), реализованной в библиотеке Ultralytics. Выбор этой архитектуры обусловлен её ключевыми преимуществами, которые делают её особенно подходящей для задач медицинской визуализации:

– **Интеграция детекции и классификации:** модель YOLO объединяет этапы выделения целевых объектов (например, отдельных клеток крови) и их классификации в едином процессе. Это позволяет не только обнаруживать клетки на изображении (object detection), но и одновременно определять их тип (object classification). Для задачи диагностики ОЛЛ это критично, так как микроскопические снимки содержат множество клеток, требующих индивидуальной оценки.

¹Документация программной реализации YOLO [Электронный ресурс]. URL: https://huggingface.co/docs/transformers/model_doc/yolos (дата обращения: 06.06.2025).

²Документация программной реализации DETR [Электронный ресурс]. URL: https://huggingface.co/docs/transformers/model_doc/detr (дата обращения: 06.06.2025).

³Описание набора данных Custom Leukemia Cancer Detection Dataset [Электронный ресурс]. URL: <https://www.kaggle.com/datasets/mohammadamireshraghi/blood-cell-cancer-all-4class> (дата обращения: 06.06.2025)

⁴Описание набора данных Blood Cells Cancer (ALL) dataset на платформе Kaggle [Электронный ресурс]. URL: <https://universe.roboflow.com/custom-yolov5-o0hdb/leukemia-cancer-detection> (дата обращения: 06.06.2025)

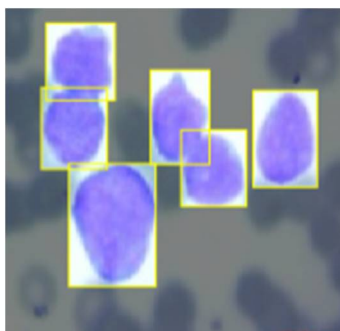


Рисунок 1 – Пример изображения из тренировочного набора данных с выделенными bounding boxes (рамками вокруг объектов классификации) [6]

Figure 1 – Example image from training dataset with highlighted bounding boxes (classification object frames) [6]

– **Высокая точность и многозадачность:** архитектура YOLO демонстрирует высокую эффективность в решении задач компьютерного зрения, включая классификацию и детекцию объектов. В данном исследовании это позволило обрабатывать изображения с несколькими клетками, обеспечивая точное разделение здоровых и патологических элементов, что принципиально для дифференциальной диагностики подтипов ОЛЛ (Early Pre-B, Pre-B, Pro-B).

– **Эффективность использования ресурсов:** YOLO отличается оптимизированной архитектурой, которая требует меньше вычислительных мощностей по сравнению с другими нейросетями для анализа изображений. Это делает её пригодной для применения в клинической практике, где часто ограничены ресурсы вычислительной техники.

– **Универсальность и адаптивность:** модель поддерживает обработку изображений любого размера и разрешения, что особенно важно для микроскопических снимков крови, где детализация критична для диагностики.

– **Высокая скорость обработки:** YOLO относится к числу самых быстрых нейросетей для распознавания объектов в реальном времени. Это позволяет внедрять её в системы, где требуется оперативный анализ данных, например в лабораторные информационные системы, интегрированные с микроскопами.

– **Открытый исходный код и доступность:** модель распространяется под открытой лицензией, что обеспечивает её бесплатное использование в научных исследованиях и возможность адаптации под специфические задачи медицинской диагностики.

Экспериментальные исследования

В ходе экспериментальной части исследования были проведены предобработка изображений и последующее обучение модели YOLOv8. Обучение заняло 25 эпох, этот параметр был выбран экспериментально на основании показателей обучения. Далее на отложенной выборке (часть набора данных, на которой не происходило обучение) были измерены метрики качества. Ниже приведены показатели, иллюстрирующие ход обучения (рисунок 2).

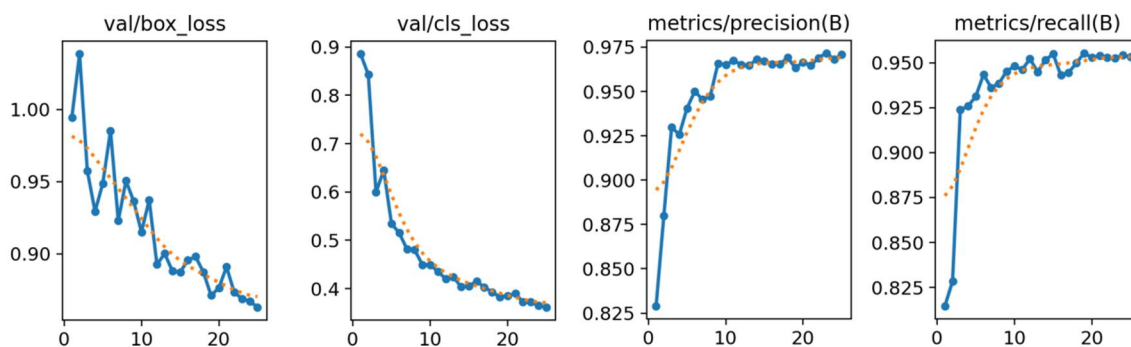


Рисунок 2 – Показатели обучения
Figure 2 – Model Training Metrics

В таблице 1 приведена нормализованная (normallized) матрица ошибок (confusion matrix), полученная при применении обученной модели к тестовому набору данных (общее количество изображений, на которых проводилась оценка, – 3135).

Таблица 1 – Нормализованная матрица ошибок

Table 1 – Normalized ErrorMatrix

Predicted	Actual				
	Benign	Early	Pre	Pro	Empty
Benign	0,98	-	-	-	0,10
Early	-	0,99	-	-	0,14
Pre	-	-	0,92	0,01	0,73
Pro	-	-	-	0,99	0,04
Empty	0,01	0,01	0,08	0,01	-

На рисунке 3 приведены графики зависимости F-меры от доверительного интервала (F1-Confidence curve) и зависимость точности от полноты (Precision-Recall curve).

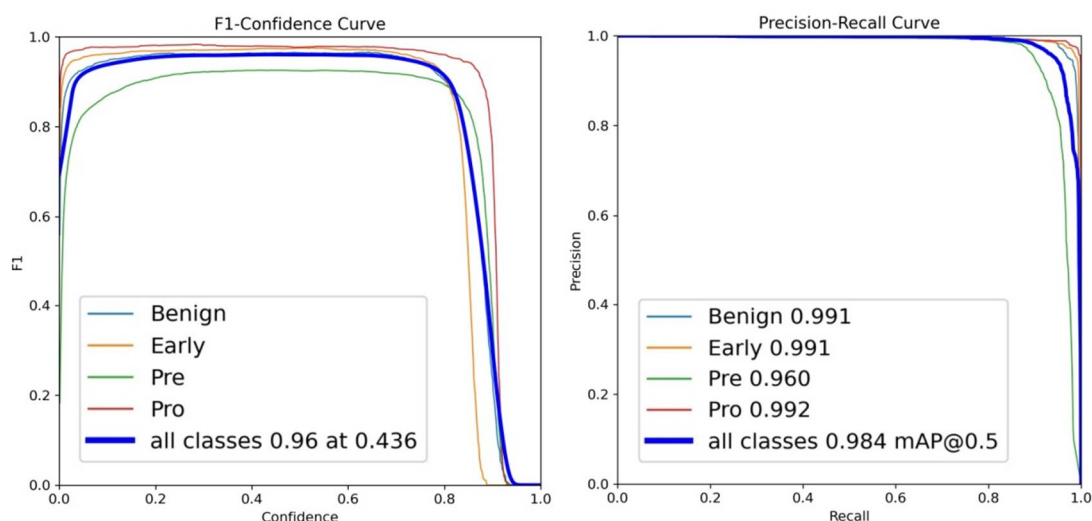


Рисунок 3 – График зависимости F1 метрики от доверительного (confidence) интервала и график зависимости точности (precision) от полноты (recall)

Figure 3 – Graph of F1 metric dependence on confidence interval and graph of precision dependence on recall

Графики на рисунке 3 интерпретируются следующим образом: по оси абсцисс отложены эпохи (всего обучение заняло 10 эпох), по оси ординат абсолютные значения показателей. Названия val/box_loss и val/cls_loss отвечают за значение функций потерь (loss function) на валидационной выборке (validation set). Функция потерь является математическим функционалом, который оптимизируется в то время, как нейронная сеть учится решать целевую задачу. Поэтому уменьшение значений функции потерь во время обучения является признаком того, что нейронная сеть всё лучше справляется с целевой задачей от эпохи к эпохе. Поскольку архитектура нейронной сети подразумевает одновременное выполнение задач детектирования области изображения и её последующую классификацию, приведено соответственно две функции потерь. Графики metrics/precision и metrics/recall отражают значения метрик precision (точность) recall (полнота) на валидационной выборке после каждой эпохи.

На рисунке 4 показаны примеры применения обученной модели к изображениям с целевыми типами клеток.

Итоговые (усреднённые по всем классам метрики качества) следующие: precision 0.97, recall 0.95, F1 0.96, mAP50 0.98.

Метрика mAP50 – Средняя точность (Mean average precision), рассчитанная при пересечении прогнозируемых областей на изображении и актуальными при пороге 0,50 (intersection over union (IoU) threshold of 0.50). Смысл этой метрики в том, что помимо классических точности и полноты она связывает точность классификатора областей интереса на изображении с качеством определения областей интереса на оригинальном изображении.

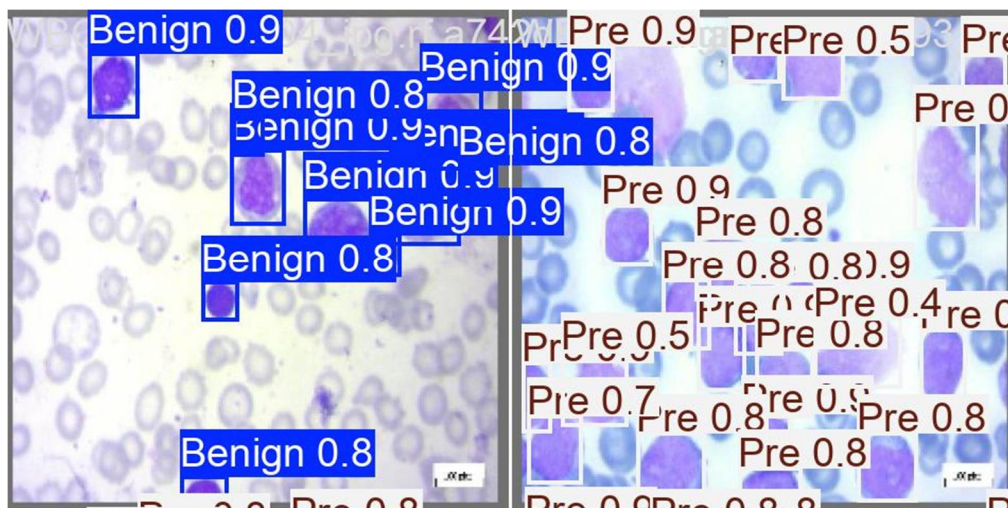


Рисунок 4 – Результат применения обученной модели к тестовому набору данных (рядом с каждым объектом над рамкой приведены название класса и вероятность уверенности модели в этом классе)

Figure 4 – The result of applying trained model to test data set (each object has its class label and confidence probability displayed over bounding box)

Итоговые (усреднённые по всем классам метрики качества) следующие: precision 0.97, recall 0.95, F1 0.96, mAP50 0.98.

Метрика mAP50 – средняя точность (Mean average precision), рассчитанная при пересечении прогнозируемых областей на изображении с актуальными при пороге 0,50 [intersection over union (IoU) threshold of 0.50]. Смысл этой метрики в том, что помимо классических точности и полноты она связывает точность классификатора областей интереса на изображении с качеством определения областей интереса на оригинальном изображении.

Практически для всех классов качество детектирования близко к 90-98 %. Указанное значение можно оценить как высокое, однако имеется пространство для его повышения.

Если сравнивать результаты эксперимента с результатами оригинального исследования авторов датасета, то можно выделить следующее – авторами было показано 100 % качество классификации, но при этом тестовый набор данных был очень небольшим (325 изображений на все 4 класса). И классификация проводилась над изображением целиком (то есть оценивалось преобладающее на изображении количество клеток). В текущей работе удалось достичь более низкого качества (F-мера составила 0.96), но классифицировалась каждая клетка на изображении, таким образом проводится более точная оценка каждой клетки с микроскопического изображения мазка крови по сравнению с методом, где классифицируется всё изображение целиком. Кроме этого, работа преследовала цель оценить возможности работы трансформеров в данной задаче, и результат ещё можно улучшить путём подбора гиперпараметров, аугментации изображений и т.п. В качестве дальнейших шагов по улучшению текущих результатов возможны следующие:

- масштабирование обучения на большем объёме данных;
- повторение процедуры обучения на более новой версии YOLO;
- сравнение результатов работы модели с другими архитектурами, например ViT (Visual Transformers), DETR (End-to-End Object Detection with Transformers);
- выявление возможных точек роста в архитектуре модели и их последующее улучшение.

Заключение

В работе проведено исследование, направленное на изучение возможностей современных технологий распознавания гемопоэтических стволовых клеток в микроскопических мазках крови при диагностике острого лимфобластного лейкоза. Основное внимание уделено применению одноэтапной нейронной сети глубокого обучения для автоматизированной классификации подвариантов заболевания на основе популярного открытого набора данных. Экспериментальная часть продемонстрировала высокие усреднённые показатели качества классификации: precision – 0.97, recall – 0.95, F1-score – 0.96 и mAP50 – 0.98, что свидетельствует о высокой эффективности применённой модели. В сравнении с ранее опубликованными результатами, где использовался меньший объём данных и анализ изображений выполнялся целиком, настоящее исследование характеризуется более детальным подходом к классификации отдельных клеток, что отражается на показателях модели и уровне диагностической информативности.

Проведённое исследование подтверждает высокий потенциал нейронных сетей для решения задач автоматизированной диагностики и подчёркивает необходимость дальнейших разработок в данной области с целью повышения доступности качественной медицинской помощи пациентам с онкологическими заболеваниями.

В числе направлений для дальнейшего улучшения результатов выделены масштабирование обучения на расширенном объёме данных, повторение экспериментов с новыми версиями модели YOLO, сравнительный анализ с альтернативными архитектурами, такими как Visual Transformer и DETR, а также оптимизация гиперпараметров и расширение методов аугментации изображений.

Библиографический список

1. Liao H., Zhang F., Chen F., Li Y., Sun Y., Sloboda D.D., Zheng Q., Ying B., Hu T. Application of artificial intelligence in laboratory hematology: Advances, challenges, and prospects // *Acta Pharmaceutica Sinica B*. 2025. DOI: 10.1016/j.apsb.2025.05.036.
2. Chen Y.Y., Goh K.N., Chong K. Rule based clinical decision support system for hematological disorder. 2013. PP. 43-48. DOI: 10.1109/ICSESS.2013.6615252.
3. Obeagu E.I. Revolutionizing hematological disorder diagnosis: unraveling the role of artificial intelligence // *Annals of Medicine and Surgery*. 2025. No. 6 (87). P. 3445.
4. Rösler W., Altenbuchinger M., Baeßler B., Beissbarth T., Beutel G., Bock R., von Bubnoff N., Eckardt J.-N., Foersch S., Loeffle C.M. L., Middeke J.M., Muelle M.-L., Oellerich T., Risse B., Scherag A., Schliemann C., Scholz M., Spang R., Thielscher C., Kather J. N. An overview and a roadmap for artificial intelligence in hematology and oncology // *Journal of Cancer Research and Clinical Oncology*. 2023. No. 10 (149). pp. 7997-8006. DOI: 10.1007/s00432-023-04667-5.
5. Obeagu E.I., Ezeanya C.U., Ogenyi F.C., Ifu D.D. Big data analytics and machine learning in hematology: Transformative insights, applications and challenges // *Medicine*. 2025. № 10 (104). P. e41766. DOI: 10.1097/MD.00000000000041766.
6. Shouval R., Fein J.A., Savani B., Mohty M., Nagler A. (n.d.). Machine learning and artificial intelligence in haematology // *British Journal of Haematology*. 2021. № 2 (192). PP. 239-250. DOI: 10.1111/bjh.16915.
7. Shahzad M., Ali F., Shirazi S.H., Rasheed A., Ahmad A., Shah B., Kwak D. Blood cell image segmentation and classification: a systematic review // *PeerJ. Computer Science*. 2024. Vol. 10. P. e1813. DOI: 10.7717/peerj-cs.1813.
8. Patel H., Shah H., Patel G., Patel A. Hematologic cancer diagnosis and classification using machine and deep learning: State-of-the-art techniques and emerging research directives // *Artificial Intelligence in Medicine*. 2024. Vol. 152. PP. 102883. DOI: 10.1016/j.artmed.2024.102883.
9. Osman M., Akkus Z., Jevremovic D., Nguyen P.L., Roh D., Al-Kali A., Patnaik M.M., Nanaa A., Rizk S., Mohamed E. Salama M.E. Classification of monocytes, promonocytes and monoblasts using deep neural network models: an area of unmet need in diagnostic hematopathology // *Journal of Clinical Medicine*. 2021. Vol. 10. №. 11. PP. 2264. DOI: 10.3390/jcm10112264.

10. **Radakovich N., Nagy M., Nazha A.** Artificial Intelligence in Hematology: Current Challenges and Opportunities // Current Hematologic Malignancy Reports. 2020. № 3 (15). PP. 203-210. DOI: 10.1007/s11899-020-00575-4.
11. **Wang W., Luo M., Guo P., Wei Y., Tan Y., H. Shi.** Artificial intelligence-assisted diagnosis of hematologic diseases based on bone marrow smears using deep neural networks // Computer Methods and Programs in Biomedicine. 2023. Vol. 231. PP. 107343. DOI: 10.1016/j.cmpb.2023.107343.
12. **Zini G., Onofrio G.** Neural network in hematopoietic malignancies // Clinica Chimica Acta. 2003. No. 2 (333). PP. 195-201. DOI: 10.1016/s0009-8981(03)00186-4.
13. **Wang J.** Deep Learning in Hematology: From Molecules to Patients // Clinical Hematology International. No. 4 (6). PP. 19-42. DOI: 10.46989/001c.124131.
14. **Diaz-del-Pinoa Sergio, Trelles-Martinez Roberto, González-Fernández F.A., Nicolas Guil.** Artificial intelligence to assist specialists in the detection of haematological diseases // Heliyon. 2023. No. 5 (9). DOI: 10.1016/j.heliyon.2023.e15940.
15. **Fang Y., Liao B., Wang X., Fang J., Qi J., Wu R., Niu J., Liu W.** You Only Look at One Sequence: Rethinking Transformer in Vision through Object Detection. Curran Associates, Inc., 2021. PP. 26183-26197.
16. **Carion N., Massa F., Synnaeve G., Usunier N., Kirillov A., Zagoruyko S.** End-to-end object detection with transformers // European conference on computer vision. – Cham: Springer International Publishing, 2020. PP. 213-229. DOI: 10.1016/j.heliyon.2023.e15940.
17. **Hosseini A., Eshraghi M.A., Taami T., Sadeghsalehi H., Hoseinzadeh Z., Ghaderzadeh M., Rafiee M.** A mobile application based on efficient lightweight CNN model for classification of B-ALL cancer from non-cancerous cells: A design and implementation study // Informatics in Medicine Unlocked. 2023. Vol. 39. P. 101244. DOI: 10.1016/j.imu.2023.101244.

UDC 004.67

RESEARCH OF SINGLE-STAGE DEEP LEARNING NEURAL NETWORK TO CLASSIFY ACUTE LYMPHOBLASTIC LEUKEMIA VARIANTS USING OPEN DATASET

E. V. Polyakov, Ph.D. (in technical sciences), Associate Professor, Department of Medical Physics, National Research Nuclear University «MEPhI» (Moscow Engineering Physics Institute), Moscow, Russia; orcid.org/0000-0002-5346-6504, email: EVPolyakov@mephi.ru

I. P. Churilov, Postgraduate Student, Department of Medical Physics, NRNU MEPhI, Moscow, Russia; orcid.org/0009-0003-1368-3744, email: mrchurilov@mail.ru

V. V. Dmitrieva, Ph.D. (in technical sciences), Associate Professor, Department of Electrophysical Installations, National Research Nuclear University «MEPhI» (Moscow Engineering Physics Institute), Moscow, Russia; orcid.org/0000-0002-9202-6691, email: VVDmitriyeva@mephi.ru

The article is devoted to the task of automated diagnosis of acute lymphoblastic leukemia using artificial intelligence methods. The relevance of this study stems from the need to increase the accuracy and speed of hematological disease diagnostics since traditional blood smear analysis techniques are labor-intensive and prone to human errors. This work investigates the effectiveness of a one-stage neural network for simultaneous detection and classification of blood cells into four classes: healthy cells and three subtypes of lymphoblasts (Early Pre-B, Pre-B, Pro-B). Model training and testing were conducted on an open dataset containing more than 3000 annotated images. As a result of experiments, high-quality classification metrics have been achieved: precision – 0.97, recall – 0.95, F1-score – 0.96, mAP50 – 0.98. These results demonstrate the potential of deep neural networks in automating the diagnosis of acute lymphoblastic leukemia and allow improving the efficiency and objectivity of laboratory analysis. The proposed approach provides a more accurate assessment of each individual element within an image compared to classifying entire snapshots.

Keywords: neural network, artificial intelligence, YOLO, acute lymphoblastic leukemia, diagnosis, classification, object detection, precision, recall, mAP.

DOI: 10.21667/1995-4565-2025-93-92-99

References

1. Liao H., Zhang F., Chen F., Li Y., Sun Y., Sloboda D. D., Zheng Q., Ying B., Hu T. Application of artificial intelligence in laboratory hematology: Advances, challenges, and prospects. *Acta Pharmaceutica Sinica B*. 2025. DOI: 10.1016/j.apsb.2025.05.036.
2. Chen Y.Y., Goh K.N., Chong K. Rule based clinical decision support system for hematological disorder. 2013, pp. 43-48. DOI: 10.1109/ICSESS.2013.6615252.
3. Obeagu E. I. Revolutionizing hematological disorder diagnosis: unraveling the role of artificial intelligence. *Annals of Medicine and Surgery*. 2025, no. 6 (87), p. 3445.
4. Rösler W., Altenbuchinger M., Baeßler B., Beissbarth T., Beutel G., Bock R., von Bubnoff N., Eckardt J.-N., Foersch S., Loeffle C. M.L., Middeke J.M., Muelle M.-L., Oellerich T., Risse B., Scherag A., Schliemann C., Scholz M., Spang R., Thielscher C., Kather J. N. An overview and a roadmap for artificial intelligence in hematology and oncology. *Journal of Cancer Research and Clinical Oncology*. 2023, no. 10 (149), pp. 7997-8006. DOI: 10.1007/s00432-023-04667-5.
5. Obeagu E.I., Ezeanya C.U., Ogenyi F.C., Ifu D.D. Big data analytics and machine learning in hematology: Transformative insights, applications and challenges. *Medicine*. 2025. no. 10 (104), p. e41766. DOI: 10.1097/MD.00000000000041766.
6. Shouval R., Fein J.A., Savani B., Mohty M., Nagler A. (n.d.). Machine learning and artificial intelligence in haematology. *British Journal of Haematology*. 2021, no. 2 (192), pp. 239-250. DOI: 10.1111/bjh.16915.
7. Shahzad M., Ali F., Shirazi S.H., Rasheed A., Ahmad A., Shah B., Kwak D. Blood cell image segmentation and classification: a systematic review. *PeerJ. Computer Science*. 2024, vol. 10, p. e1813. DOI: 10.7717/peerj-cs.1813.
8. Patel H., Shah H., Patel G., Patel A. Hematologic cancer diagnosis and classification using machine and deep learning: State-of-the-art techniques and emerging research directives. *Artificial Intelligence in Medicine*. 2024, vol. 152, pp. 102883. DOI: 10.1016/j.artmed.2024.102883.
9. Osman M., Akkus Z., Jevremovic D., Nguyen P.L., Roh D., Al Kali A., Patnaik M. M., Nanaa A., Rizk S., Mohamed E. Salama M.E. Classification of monocytes, promonocytes and monoblasts using deep neural network models: an area of unmet need in diagnostic hematopathology. *Journal of Clinical Medicine*. 2021, vol. 10, no. 11, pp. 2264. DOI: 10.3390/jcm10112264.
10. Radakovich N., Nagy M., Nazha A. Artificial Intelligence in Hematology: Current Challenges and Opportunities. *Current Hematologic Malignancy Reports*. 2020, no. 3 (15), pp. 203-210. DOI: 10.1007/s11899-020-00575-4.
11. Wang W., Luo M., Guo P., Wei Y., Tan Y., H. Shi. Artificial intelligence-assisted diagnosis of hematologic diseases based on bone marrow smears using deep neural networks. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*. 2023, vol. 231, pp. 107343. DOI: 10.1016/j.cmpb.2023.107343.
12. Zini G., Onofrio G. Neural network in hematopoietic malignancies. *Clinica Chimica Acta*. 2003, no. 2 (333), pp. 195-201. DOI: 10.1016/s0009-8981(03)00186-4.
13. Wang J. Deep Learning in Hematology: From Molecules to Patients. *Clinical Hematology International*. no. 4 (6), pp. 19-42. DOI: 10.46989/001c.124131.
14. Diaz-del-Pinoa Sergio, Trelles-Martinez Roberto, González-Fernández F.A., Nicolas Guil. Artificial intelligence to assist specialists in the detection of haematological diseases. *Heliyon*. 2023, no. 5 (9). DOI: 10.1016/j.heliyon.2023.e15940.
15. Fang Y., Liao B., Wang X., Fang J., Qi J., Wu R., Niu J., Liu W. You Only Look at One Sequence: Rethinking Transformer in Vision through Object Detection. *Curran Associates, Inc.*, 2021, pp. 26183-26197.
16. Carion N., Massa F., Synnaeve G., Usunier N., Kirillov A., Zagoruyko S. End-to-end object detection with transformers. *European conference on computer vision*. Cham: Springer International Publishing, 2020, pp. 213-229. DOI: 10.1016/j.heliyon.2023.e15940.
17. Hosseini A., Eshraghi M.A., Taami T., Sadeghsalehi H., Hoseinzadeh Z., Ghaderzadeh M., Rafiee M. A mobile application based on efficient lightweight CNN model for classification of B-ALL cancer from non-cancerous cells: A design and implementation study. *Informatics in Medicine Unlocked*. 2023, vol. 39, p. 101244. DOI: 10.1016/j.imu.2023.101244.