

**О. М. Березький<sup>1,2</sup>, О. Й. Піцун<sup>2</sup>, Г. М. Мельник<sup>2</sup>, Т. В. Дацко<sup>3</sup>**<sup>1</sup> Національний університет "Львівська політехніка", м. Львів, Україна<sup>2</sup> Західноукраїнський національний університет, м. Тернопіль, Україна,<sup>3</sup> Тернопільський національний медичний університет, м. Тернопіль, Україна

## ЗАСТОСУВАННЯ МЕТОДУ ЛІНІЙНОЇ РЕГРЕСІЇ ДЛЯ АНАЛІЗУ КІЛЬКІСНИХ ХАРАКТЕРИСТИКИ ЦИТОЛОГІЧНИХ ЗОБРАЖЕНЬ

Проведено аналіз патологічних станів молочної залози на підставі дослідження цитологічних зображень. Цитологічні зображення представляють окремий клас біомедичних зображень і використовуються при діагностуванні онкологічних захворювань. Для діагностування передракових і ракових станів та тактики лікування лікарі-діагности використовують цитологічні, гістологічні та імуногістохімічні зображення. Для автоматизації процесу діагностування в онкології використовують системи автоматизованої мікроскопії. У системах автоматизованої мікроскопії використовують алгоритми комп'ютерного зору. Останнім часом для класифікації зображень використовують алгоритми машинного навчання. Опрацювання мікроскопічних зображень є складним і трудомістким процесом, оскільки зображення характеризуються високим рівнем шуму та відсутністю чітких контурів ядер клітин. Для обчислення кількісних характеристик ядер клітин цитологічних зображень розроблено метод обчислення кількісних характеристик ядер клітин на підставі алгоритмів фільтрації зображень та їх автоматичної сегментації. Для сегментації ядер клітин розроблено архітектуру згортової нейронної мережі типу U-Net. У даній роботі розроблено метод опрацювання цитологічних зображень. Метод складається з шести етапів. На першому етапі відбувається завантаження зображення у пам'ять комп'ютера. На другому етапі проходить попереднє оброблення зображень. На третьому етапі відбувається автоматична сегментація зображень на підставі загортової нейронної мережі типу U-Net. На четвертому етапі здійснюється обчислення кількісних характеристик ядер клітин. На п'ятому етапі кількісні характеристики ядер клітин зберігаються в базі даних. На шостому етапі застосовуються алгоритми лінійної регресії для отримання кількісних характеристик ядер клітин.

На даний час, лінійна регресія є одним із поширених підходів машинного навчання до аналізу даних. Проведено порівняльний аналіз застосування кількісних характеристик ядер клітин на підставі лінійної регресії. Наукова новизна роботи є розроблення методу обчислення кількісних характеристик ядер клітин, який містить етапи фільтрації зображень та автоматичної сегментації на підставі використання нейронної мережі типу U-Net. Практичним значенням роботи є програмна реалізація модулів попереднього оброблення цитологічного зображення та лінійної регресії. Досліджено, що сукупність параметрів "площа, довжина головної осі" має в 1.4 рази меншу похибку RMSE порівняно з сукупністю "площа, периметр".

**Ключові слова:** автоматична сегментація; цитологічні зображення; нейронна мережа типу U-Net; попереднє оброблення; лінійна регресія.

### Вступ

Сучасні технології штучного інтелекту дають змогу автоматизувати та підняти точність процесу діагностування в медицині. Для діагностування онкологічних хвороб використовують цитологічні зображення, які є окремим класом біомедичних зображень. Цитологічні зображення дають змогу виявляти патологічні стани органів людини, наприклад, молочної залози. Здебільшого для аналізу великого набору цитологічних зображень використовують кількісні характеристики мікрооб'єктів – клітин та ядер клітин. Параметрами ядер клітин є площа, периметр ядра, довжина головної осі, окружність тощо.

Сегментація біомедичних зображень (цитологічних, гістологічних, імуногістохімічних) є важливим етапом опрацювання зображень, який впливає на точність класифікації. Зокрема, якість сегментації істотно впливає на точність обчислення кількісних характеристик ядер клітин. Потреба у використанні сучасних методів сегментації біомедичних зображень зумовлена відсутністю чітких контурів ядер клітин. Складність опрацювання біомедичних зображень передбачає використання су-

часних алгоритмів машинного навчання. Тому, не зважаючи на значні доробки науковців, наразі точність класифікації даного класу зображень є недостатньою.

Розроблення методів аналізу кількісних характеристик ядер клітин є актуальною задачею, оскільки дає змогу пришвидшити процес постановки діагнозу. Обчислення параметрів кількісних характеристик мікрооб'єктів на цитологічному зображенні є складним і нетривіальним процесом. Тому, використання сучасного підходу до машинного навчання як лінійна регресія дає змогу прогнозувати кількісні характеристики мікрооб'єктів і є актуальним завданням.

*Об'єкт дослідження* – аналіз цитологічного зображення.

*Предмет дослідження* – методи лінійної регресії для прогнозування кількісних характеристик цитологічних зображень, що дає змогу пришвидшити процес постановки діагнозу.

*Мета роботи* – розроблення методу та проведення порівняльного аналізу комбінацій параметрів кількісних характеристик ядер клітин на цитологічному зображенні на підставі алгоритмів лінійної регресії.

Для досягання зазначеної мети визначено такі основні завдання дослідження:

- проаналізувати диспластичні процеси молочної залози;
- розробити метод обчислення кількісних характеристик ядер клітин на зображенні;
- реалізувати модель нейронної мережі на підставі технології U-Net;
- здійснити порівняльний аналіз результатів лінійної регресії до різної комбінації кількісних показників ядер клітин.

*Наукова новизна отриманих результатів дослідження* – вперше розроблено метод обчислення кількісних характеристик ядер клітин, який містить етапи фільтрації зображень та автоматичної сегментації на підставі використання нейронної мережі типу U-Net.

*Практична значущість результатів дослідження* – програмна реалізація модулів попереднього оброблення та лінійної регресії, що дає змогу пришвидшити процес постановки діагнозу.

*Аналіз останніх досліджень та публікацій.* Першим етапом після отримання зображення є його оброблення та виділення необхідних мікрооб'єктів. Оскільки зображення, одержані за допомогою мікроскопу характеризуються шумами та нечіткими контурами ядер клітин [3], то необхідно розробити метод оброблення зображень та обчислення кількісних характеристик мікрооб'єктів. Кінцевою метою етапу попереднього оброблення зображень є зменшення імпульсних шумів, вирівнювання гістограми. Chunwei Tian у роботі [11] наводить аналіз шумів на зображеннях та розглядає підходи до їх зменшення за допомогою фільтрації. Аналіз застосування медіанного фільтра, зокрема в медицині, наведено у роботі [9], [10], [13]. Етап сегментації призначений для перетворення вхідного зображення у форматі RGB у бінарне зображення, яке містить білий фон та чорні мікрооб'єкти. Такий формат зображення дає змогу обчислювати кількісні характеристики ядер клітин. У роботах [7], [12] наведено підходи до класифікації медичних зображень, зокрема розглянуто такі алгоритми: Support Vector Machine, K-Nearest Neighbors, Random Forest, Convolutional Neural Network.

Застосування моделей лінійної регресії для опрацювання результатів дослідження наведено у роботах [1], [8]. Також автор приводить короткий опис процесу формування вхідного зображення для подальшого опрацювання. Naomi Altman у роботі [2] детально аналізує алгоритми лінійної регресії та за допомогою візуальних інструментів представляє результати роботи лінійної регресії.

У роботі [6] проаналізовано процес відбору характеристик цитологічного зображення для діагностування ракових захворювань. У роботах [4], [5] розроблена інтелектуальна система діагностування патологічних станів молочної залози.

## Результати дослідження та їх обговорення

**Цитологічне дослідження диспластичних процесів молочної залози.** Цитологічна діагностика епітеліальних структур допомагає визначити ступінь проліферації епітелію [3]. Виявлення в цитограмі ущільненого апокринового епітелію, сосочкоподібних розростань з проявами формування порожнини або ознак різкої секреторної функції клітин дає змогу цитологічно диференціювати кістозну мастопатію і внутрішньопро-

кову папілому від фіброаденоми та аденоми. Систематизація цитологічних зображень при мастопатії та фіброаденомах показує можливість цитологічного методу у встановленні висновку (діагнозу).

У цитологічних препаратах виявляються епітеліальні клітини відносно невеликого розміру, за будовою подібні до клітин епітелію ацинусів та протоків незмінної молочної залози. Проте, основними ознаками, характерними для долькової непроліферативної мастопатії виявлено наявність сплющеного апокринового епітелію з округлими гіперхромними ядрами, ознаками секреторної активності в клітинах та формуванням сосочкоподібних структур (рис. 1,а).

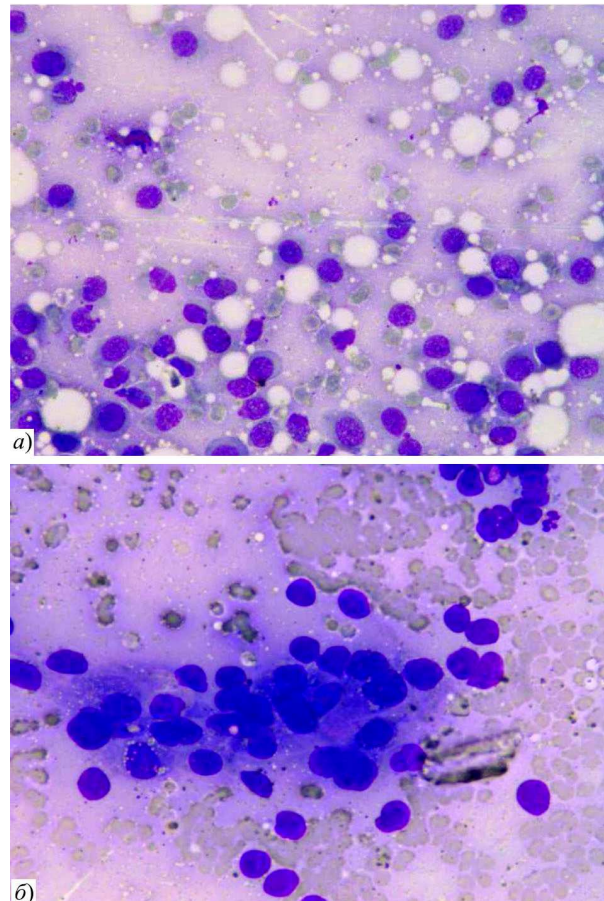


Рис. 1. Цитограма. Забарвлення за Романовським-Гімзою. Долькова непроліферативна мастопатія (а), фіброзна непроліферативна мастопатія (б). Збільшення  $\times 200$

Ознакою проліферації клітин можуть бути зміни морфологічних властивостей клітин або поява незвичних для незміненого органа багатоклітинних епітеліальних структур. До клітинних критеріїв проліферації відносяться зменшення розмірів клітин і їх ядер. В таких випадках переважають округлі або злегка овальні (ніби набухші) ядра з чітко визначеним ніжнопетлистим інтенсивно пофарбованим хроматином. В окремих ядрах можуть визначатися поодинокі, відносно невеликі, інтенсивно пофарбовані ядерця. Цитоплазма переважної більшості клітин пофарбована в інтенсивно голубі тони, іноді в бузкові або сині. Клітинні комплекси, що характеризують проліферацію, мають вигляд округлих утворень, подібних до первинних залозистих структур (ацинусів) без сформованих у них просвітів – збільшення кількості клітин. Трапляються також сосочкоподібні комплекси із щільним розташуванням клітин в багато-

шарові пласти. Якщо у патологічному вогнищі переважає фіброз, то в цитологічних препаратах виявляється мала кількість мілких, мономорфних клітин з однорідними круглими гіперхромними ядрами і ледве помітним вузьким обідком інтенсивно пофарбованої цитоплазми (рис. 1,б). Внаслідок проведеного аналізу морфологічних ознак сформульовано правило для діагностування кістозної непроліферативної мастопатії:

ЯКЩО клітини розташовані пластами

І трапляються кубічні та призматичні елементи, сосочкові та округлі комплекси

І у фоні багато фагоцитів та гістіоцитів

І в клітинах округле ядро розташовується центрально

І трапляються клітини із апокриною секрецією, які мають 2 зони (базальну та апікальну),

ТО кістозна непроліферативна мастопатія (80 %).

Представимо це правило у вигляді логічного правила *IF-THEN*.

Позначимо антецеденти:

$A_1 = \{ \text{клітини розташовані пластами} \};$

$A_2 = \{ \text{трапляються кубічні та призматичні елементи, сосочкові та округлі комплекси} \};$

$A_3 = \{ \text{у фоні багато фагоцитів та гістіоцитів} \};$

$A_4 = \{ \text{в клітинах округле ядро розташовується центрально} \};$

$A_5 = \{ \text{трапляються клітини із апокриною секрецією, які мають 2 зони (базальну та апікальну)} \}.$

Консеквент буде такий:

$K = \{ \text{кістозна непроліферативна мастопатія (80 \%)} \}.$

Тоді правило буде мати такий вигляд:

*IF* ( $A_1 \& A_2 \& A_3 \& A_4 \& A_5$ ) *THEN* 0,8 K.

**Метод опрацювання цитологічних зображень.** Ре-

шення рівня шумів. Додатково застосовується гістограмне вирівнювання.

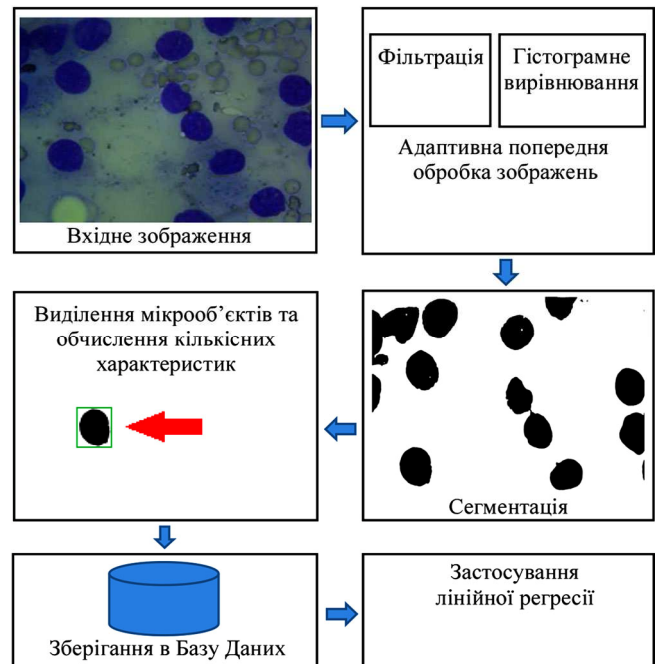


Рис. 2. Етапи опрацювання цитологічних зображень

На третьому етапі відбувається автоматична сегментація зображень на підставі загорткової нейронної мережі типу U-Net. На четвертому етапі здійснюється обчислення кількісних характеристик ядер клітин, виділених після етапу сегментації. На п'ятому етапі кількісні характеристики ядер клітин зберігаються у базі даних для подальшого оброблення.

На останньому етапі застосовуються алгоритми лінійної регресії для визначення кількісних характеристик ядер клітин. Для проведення автоматичної сегментації розроблено архітектуру загорткової нейронної мережі типу U-Net (рис. 3).

Згорткові нейронні мережі – вид нейронних мереж, які хоча б на одному зі своїх шарів для перетворення використовують операцію "згортки". Згортковий шар є набором карт (карти ознак). У кожній карті є синаптичне ядро (скануюче ядро або фільтр). Розмір карт обчислюють за формулою:

$$(w, h) = (mW - kW + 1, mH - kH + 1),$$

де:  $(w, h)$  – розмір карти згортки,  $mW$  – ширина попередньої карти,  $mH$  – висота попередньої карти,  $kW$  – ширина ядра,  $kH$  – висота ядра.

Якщо на вході є двовірне зображення  $I$  та ядро  $K$ , то операція згортки має такий вигляд:

$$s(i, j) = \langle I * K \rangle (i, j) = \sum_m \sum_n I(m, n) K(i - m, j - n).$$

Формально шар субдискретизації можна описати такою формулою:

$$x^l = f(a^l \cdot \text{subsample}(x^{l-1}) + b^l),$$

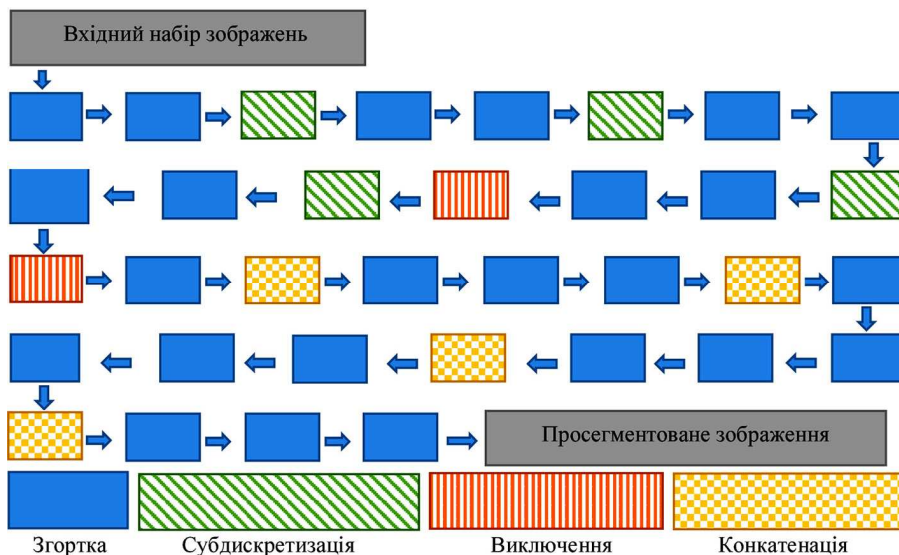


Рис. 3. Архітектура нейронної мережі типу U-Net

зультатом мікроскопічного дослідження є цифрове зображення у форматах \*.jpg, \*.png, \*.bmp. Для застосування алгоритмів лінійної регресії необхідно обчислити кількісні характеристики мікрооб'єктів. Кількісними характеристиками ядер клітин є площа, периметр, окружність. Метод опрацювання цитологічних зображень складається з таких етапів (рис. 2).

На першому етапі відбувається завантаження зображення у пам'ять комп'ютера. На другому етапі проходить попереднє оброблення зображень, яка містить фільтрацію гаусовим та медіанним фільтрами для змен-

де:  $x^l$  – вихід слою  $l$ ,  $f()$  – функція активації,  $a^l$ ,  $b^l$  – коефіцієнти зсуву слою  $l$ ,  $sample()$  – операція вибору локальних максимальних значень.

Виключення (Dropout) – це метод регуляризації нейронних мереж, який призначений для запобігання перенавчання мережі. Даний шар характеризує виключення певного відсотка випадкових нейронів (що знаходяться як в прихованих, так і видимих шарах) на різних ітераціях (епоках) під час навчання нейронної мережі. Dropout виключає нейрони з ймовірністю  $p$ , як наслідок, залишає їх включеними з ймовірністю  $q = 1 - p$ .

Важливим аспектом U-Net є поєднання низхідного та висхідного шляхів за допомогою конкатенацій. Роблячи це, мережа може навчитися класифікувати та локалізувати, використовуючи наскрізний підхід до навчання. Для оцінки регресії використано похибку, яка рівна квадратному кореню із середньоквадратичної похибки (RMSE).

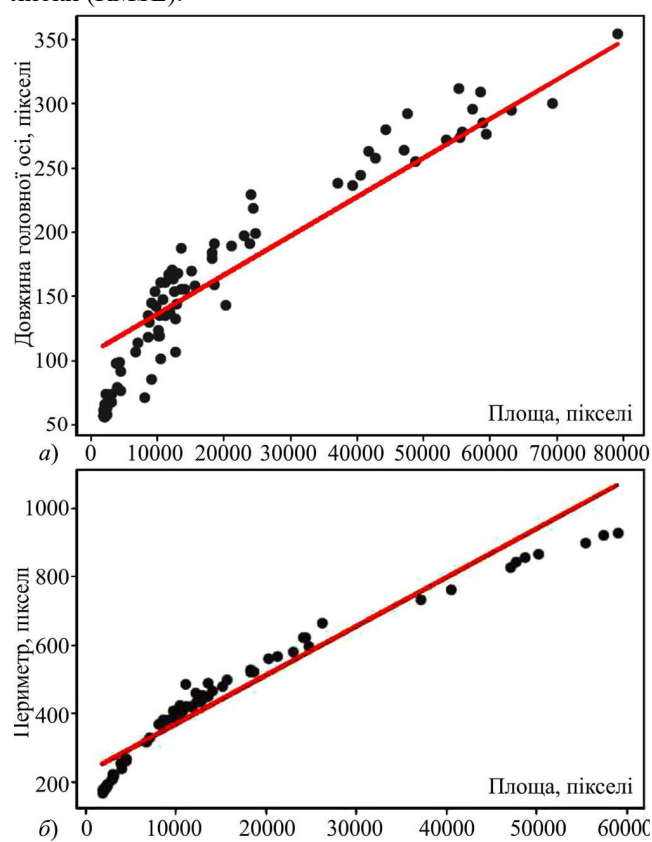


Рис. 4. Результат застосування лінійної регресії для параметрів: "площа, довжина головної осі" (а), "площа, периметр" (б)

**Обговорення результатів дослідження.** Рис. 4 та 5 ілюструють результати дослідження. На рис. 4,а наведено результат застосування лінійної регресії для параметрів "площа, довжина головної осі".

Значення RMSE для параметрів "площа, довжина головної осі" становить 26.15. На рис. 4,б наведено результат застосування лінійної регресії для параметрів "площа, периметр". Значення RMSE для параметрів "площа, периметр" становить 38.21. Результати порівняння параметрів кількісних характеристик мікрооб'єктів засобами лінійної регресії наведено на рис. 5.

Внаслідок порівняння можна зробити висновок про те, що використання сукупності параметрів "площа, довжина головної осі" має меншу похибку RMSE порівняно із сукупністю параметрів "площа, периметр".

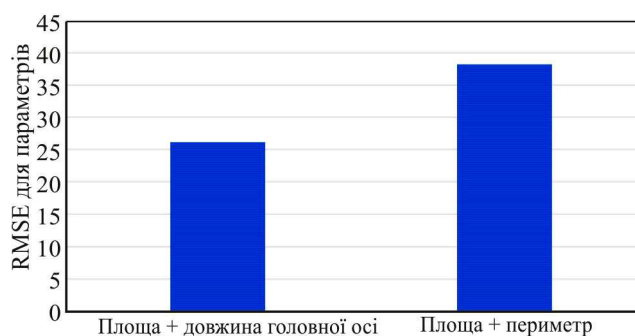


Рис. 5. Результати порівняння параметрів кількісних характеристик мікрооб'єктів на підставі лінійної регресії

У даній роботі, на відміну від проаналізованих наукових праць [1], [2], [7], [8], [10], [11], [12], [13] детально проаналізовано та наведено усі етапи опрацювання зображень: фільтрацію, попереднє оброблення, сегментацію на підставі згорткових нейронних мереж, виділення кількісних характеристик ядер клітин і застосування лінійної регресії.

## Висновки

Розроблено метод опрацювання цитологічних зображень на підставі алгоритмів фільтрації та автоматичної сегментації зображень, що дало можливість визначати кількісні характеристики ядер клітин. На підставі згорткових мереж розроблено архітектуру мережі U-Net для проведення сегментації цитологічних зображень.

На підставі визначених кількісних характеристик ядер клітин, завдяки використанню методу лінійної регресії, спрогнозовано кількісні показники мікрооб'єктів на цитологічному зображенні. На підставі проведених комп'ютерних експериментів досліджено, що сукупність параметрів "площа, довжина головної осі" має в 1.4 рази меншу похибку RMSE порівняно з сукупністю "площа, периметр".

**Подяка.** Співавтор даної роботи Березький О. М. почав займатися біомедичними зображеннями, починаючи з міжнародного проекту УНТЦ 1702 "Інформаційний відеоскоп надвисокої роздільної здатності для дослідження запрограмованої смерті (апоптозу) клітин пухлин людини", керівником якого був член-кореспондент НАНУ проф. Грицик В. В. На даний час в Західноукраїнському національному університеті працює наукова група "Аналіз біомедичних зображень", яку очолює професор Березький О. М.

Низький уклін шановному учителю!

## References

- [1] Abdulqader, Q. (2017). Applying the Binary Logistic Regression Analysis on The Medical Data. *Science Journal of University of Zakho*, 5(4), 330–334. <https://doi.org/10.25271/2017.5.4.388>
- [2] Altman, N. & Krzywinski, M. (2015). Simple linear regression. *Nat Methods*, 12, 999–1000. <https://doi.org/10.1038/nmeth.3627>
- [3] Berezsky, O. M. (Ed.) (2017). *Methods, algorithms and software for processing biomedical images*. Ternopil: Ekonomichna dumka, TNEU, 330. [In Ukrainian].
- [4] Berezsky, O. M., Melnyk, G. M. & Berezka, K. M. (2013). Fuzzy knowledge base of the intelligent system for diagnosing breast cancer. *Visnyk Khmelnytskoho natsionalnoho universytetu. Tekhnichni nauky*, 6, 284–291. [In Ukrainian].

- [5] Berezsky, O. M., Melnyk, G. M., Batko, Y. M., & Datsko, T. V. (2013). Intelligent system for diagnosing various forms of breast cancer based on the analysis of histological and cytological images. *Scientific Bulletin of UNFU*, 23(13), 357–367. [In Ukrainian].
- [6] Berezsky, O., Pitsun, O., Dubchak, L., Berezka, K., Dolyniuk, T., & Derish, B. (2020). Cytological Images Clustering of Breast Pathologies. *2020 IEEE 15th International Conference on Computer Sciences and Information Technologies (CSIT)*, Zbarazh, Ukraine, 62–65. <https://doi.org/10.1109/CSIT49958.2020.9321867>
- [7] Deepa, S. N. & Aruna Devi, B. (2011). A survey on artificial intelligence approaches for medical image classification. *Indian Journal of Science and Technology*, 4(11), 1583–1595. <https://doi.org/10.17485/ijst/2011/v4i11.35>
- [8] Dreiseitl, S. & Ohno-Machado, L. (2002). Logistic regression and artificial neural network classification models: a methodology review. *Journal of Biomedical Informatics*, 35(5–6), 352–359. [https://doi.org/10.1016/s1532-0464\(03\)00034-0](https://doi.org/10.1016/s1532-0464(03)00034-0)
- [9] Fabijańska, A. & Sankowski, D. (2011). Noise adaptive switching median-based filter for impulse noise removal from extremely corrupted images. *IET Image Processing*, 5(5), 472–480. <https://doi.org/10.1049/iet-ipr.2009.0178>
- [10] Omer, A. A., Hassan, O. I., Ahmed, A. I. & Abdelrahman, A. (2018). Denoising CT Images using Median based Filters: a Review. *International Conference on Computer, Control, Electrical and Electronics Engineering (ICCCEEE)*. Khartoum, Sudan, 1–6. <https://doi.org/10.1109/ICCCEEE.2018.8515829>
- [11] Tian, C., Fei, L., Zheng, W., Xu, Y., Zuo, W., & Lin, C.-W. (2020). Deep learning on image denoising: An overview. *Neural Networks*, 131, 251–275. <https://doi.org/10.1016/j.neunet.2020.07.025>
- [12] Zhang, J., Xie, Y., Wu, Q. & Xia Y. (2019). Medical image classification using synergic deep learning. *Medical Image Analysis*, 54, 10–19. <https://doi.org/10.1016/j.media.2019.02.010>
- [13] Zhu, Y., & Huang, C. (2012). An Improved Median Filtering Algorithm for Image Noise Reduction. *Physics Procedia*, 25, 609–616. <https://doi.org/10.1016/j.phpro.2012.03.133>

**O. M. Berezsky<sup>1,2</sup>, O. Yo. Pitsun<sup>2</sup>, G. M. Melnyk<sup>2</sup>, T. V. Datsko<sup>3</sup>**

<sup>1</sup> Lviv Polytechnic National University, Lviv, Ukraine

<sup>2</sup> West Ukrainian National University, Ternopil, Ukraine

<sup>3</sup> Ternopil National Medical University, Ternopil, Ukraine

## APPLICATION OF LINEAR REGRESSION METHOD FOR ANALYSIS OF CYTOLOGICAL IMAGES QUANTITATIVE CHARACTERISTICS

This article analyzes the pathological conditions of the breast based on the study of cytological images. Cytological images are a separate class of biomedical images and are used in the diagnosis of cancer. For diagnose precancerous and cancerous conditions and treatment tactics, diagnosticians use cytological, histological, and immunohistochemical images. For automating the process of diagnosis in oncology, automated microscopy systems are used. Automated microscopy systems use computer vision algorithms. Recently, machine learning algorithms have been used to classify images. Microscopic image processing is a complex and time-consuming process, as the images are characterized by high noise levels and the absence of clear contours of cell nuclei. To calculate the quantitative characteristics of cell nuclei cytological images, the method for calculating the quantitative characteristics of cell nuclei based on image filtering algorithms and their automatic segmentation has been developed. An U-Net convolutional neural network architecture has been developed for cell nucleus segmentation. In this work, the method of processing cytological images is developed. The method consists of six stages. The first step is to load the image into the computers memory. In the second stage, the images are preprocessed. The third stage is the automatic segmentation of images based on the convolutional neural network of the U-Net type. In the fourth stage, the quantitative characteristics of cell nuclei are calculated. In the fifth stage, the quantitative characteristics of the cell nuclei are stored in a database. In the sixth stage, linear regression algorithms are used to obtain quantitative characteristics of cell nuclei. Currently, linear regression is one of the common approaches of machine learning to data analysis. In this work, the comparative analysis of the quantitative characteristics application in cell nuclei is carried out based on linear regression. The scientific novelty of the work is development the method for calculating the quantitative characteristics of cell nuclei, which includes stages of image filtering and automatic segmentation based on the use of a neural network such as U-Net. The practical significance of the work is the software implementation of the preprocessing modules and linear regression. In particular, investigated that the set of parameters "area, length of the main axis" has 1.4 times less RMSE error compared to the set "area, perimeter".

**Keywords:** automatic segmentation; cytological images; U-Net neural network; preprocessing; linear regression.

### Інформація про авторів:

**Березький Олег Миколайович**, д-р техн. наук, професор, завідувач кафедри комп'ютерної інженерії, кафедра автоматизованих систем управління. Email: olber62@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0001-9931-4154>; ResearcherID: [I-7196-2017](https://orcid.org/0000-0001-9931-4154)

**Піцун Олег Йосипович**, ст. викладач, кафедра комп'ютерної інженерії. Email: o.pitsun@wunu.edu.ua; <https://orcid.org/0000-0003-0280-8786>

**Мельник Григорій Миколайович**, канд. техн. наук, кафедра комп'ютерної інженерії. Email: mgm@wunu.edu.ua; <https://orcid.org/0000-0003-0646-7448>

**Дацко Тамара Вікторівна**, канд. мед. наук, доцент, кафедра патологічної анатомії з секційним курсом та судовою медициною. Email: datsko\_t@tdmu.edu.ua; <https://orcid.org/0000-0001-9283-2629>

**Цитування за ДСТУ:** Березький О. М., Піцун О. Й., Мельник Г. М., Дацко Т. В. Застосування методу лінійної регресії для аналізу кількісних характеристики цитологічних зображень. Український журнал інформаційних технологій. 2021, т. 3, № 1. С. 73–77.

**Citation APA:** Berezsky, O. M., Pitsun, O. Yo., Melnyk, G. M., & Datsko, T. V. (2021). Application of linear regression method for analysis of cytological images quantitative characteristics. *Ukrainian Journal of Information Technology*, 3(1), 73–77. <https://doi.org/10.23939/ujit2021.03.073>