

的影響) 導致基因網絡功能的顯著變化; (d) 構建描述 GS 功能動態的可解釋神經網絡的方法, 基於根據基因網絡主題領域的結構、功能和過程的本體設置其拓撲結構。在報告的最後部分, 考慮了基於主題領域“生活質量”的本體論描述來構建社會社區網絡的方法。

DOI 10.18699/sblai2023-22

Нейросетевое моделирование распространения COVID-19 с учетом социально-экономических процессов

Криворотко О.И.^{1, 2*}, Кабанихин С.И.¹, Зятков Н.Ю.¹

¹ Институт математики им. С.Л. Соболева СО РАН, Новосибирск, Россия

² Институт вычислительной математики и математической геофизики СО РАН, Новосибирск, Россия

* krivorotko.olya@mail.ru

Сложность описания эпидемических процессов возрастает с появлением новых вирусов (новые штаммы COVID-19, туберкулеза и др.) и влиянием социально-экономических процессов (изоляция, масочный режим, массовая вакцинация и др.). Процесс и скорость распространения инфекционных заболеваний характеризуются данными, представляющими распределения эпидемиологических характеристик (среднее время течения болезни, инкубационного периода и др.), временные ряды статистических наблюдений (например, количество ежедневно выявленных, госпитализированных, протестированных), законами распространения, а также связанными с ними данными о социально-экономических процессах. Развитие методов машинного обучения и анализа данных позволяет на новом уровне построить модели описания динамики распространения заболеваний с учетом социально-экономических характеристик [1]. В работе построена и оптимизирована полносвязная рекуррентная нейронная сеть, позволяющая осуществлять недельные прогнозы по количеству ежедневно выявленных и критических (подключенных к аппарату ИВЛ) случаев на основе эпидемиологических и социально-экономических показателей [2, 3]. Численные прогнозы сопоставлены с результатами применения классических компартментных и агентных моделей на примере распространения новой коронавирусной инфекции COVID-19 в Новосибирской области [2, 4]. Показано преимущество использования оптимизированной нейронной сети в случае учета влияния социально-экономических показателей на распространение эпидемии при построении краткосрочных прогнозов.

Работа выполнена при поддержке Математического Центра в Академгородке, соглашение с Министерством науки и высшего образования Российской Федерации № 075-15-2022-281.

Литература

1. Nikparvar B., Rahman Md.M., Hatami F., Thill J.-C. Spatio-temporal prediction of the COVID-19 pandemic in US counties: modeling with a deep LSTM neural network, Scientific Reports, 2021, vol. 11, P. 21715.
2. Krivorotko O.I., Zyatkov N.Y. Data-driven regularization of inverse problem for SEIR-HCD model of COVID-19 propagation in Novosibirsk region, Eurasian Journal of Mathematical and Computer Applications, 2022, vol. 10, iss. 1, P. 51-68.
3. Криворотко О.И., Кабанихин С.И. Математические модели распространения COVID-19. Препринт Института математики им. С.Л. Соболева СО РАН, № 300, Новосибирск: ИМ СО РАН, 2022.
4. Krivorotko O., Sosnovskaia M., Vashchenko I., Kerr C., Lesnic D. Agent-based modeling of COVID-19 outbreaks for New York state and UK: parameter identification algorithm, Infectious Disease Modelling, 2022, vol. 7, P. 30-44.

Neural network modeling of COVID-19 propagation with socio-economic processes

Krivorotko O.^{1,2*}, Kabanikhin S.¹, Zyatkov N.¹

¹ Sobolev Institute of Mathematics of SB RAS, Novosibirsk, Russia

² Institute of Computational Mathematics and Mathematics Geophysics of SB RAS,
Novosibirsk, Russia

* krivorotko.olya@mail.ru

The complexity of describing epidemic processes increases with the emergence of new viruses (new strains of COVID-19, tuberculosis, etc.) and the influence of socio-economic processes (isolation, masking, vaccination, etc.). The process and rate of spread of infectious diseases are characterized by data representing distributions of epidemiological characteristics (average time of disease course, incubation period, etc.), time series of statistical observations (e. g., number of daily detected, hospitalized, tested cases), laws of infectious spread, and related data on socio-economic processes. The development of methods of machine learning and data analysis makes it possible to build models to describe the dynamics of the spread of diseases at a new level taking into account socio-economic characteristics [1]. In this work we have built and optimized a full-connected recurrent neural network, which allows weekly forecasts of the number of daily diagnosed and critical (needed to use the ventilator) cases on the basis of epidemiological and socio-economic indicators [2, 3]. Numerical predictions were compared with the results of classical compartmental and agent-based models described the spread of the new coronavirus infection COVID-19 in Novosibirsk region [2, 4]. The advantage of using an optimized neural network in the case of the influence of socio-economic indicators on the spread of the epidemic and the short-term forecasts are shown.

The work is supported by the Mathematical Center in Akademgorodok under the agreement No. 075-15-2022-281 with the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation.

References

1. Nikparvar B., Rahman Md.M., Hatami F., Thill J.-C. Spatio-temporal prediction of the COVID-19 pandemic in US counties: modeling with a deep LSTM neural network, Scientific Reports, 2021, vol. 11, P. 21715.
2. Krivorotko O.I., Zyatkov N.Y. Data-driven regularization of inverse problem for SEIR-HCD model of COVID-19 propagation in Novosibirsk region, Eurasian Journal of Mathematical and Computer Applications, 2022, vol. 10, iss. 1, P. 51-68.
3. Krivorotko O.I., Kabanikhin S.I. Mathematical models of the spread of COVID-19. Preprint Institute of Mathematics. S.L. Sobolev SB RAS, no. 300, Novosibirsk: IM SO RAN, 2022. (In Russian)
4. Krivorotko O., Sosnovskaia M., Vashchenko I., Kerr C., Lesnic D. Agent-based modeling of COVID-19 outbreaks for New York state and UK: parameter identification algorithm, Infectious Disease Modelling, 2022, vol. 7, P. 30-44.

考慮社會經濟過程的 COVID-19 傳播的神經網絡建模

Krivorotko O.I.^{1,2*}, Kabanikhin S.I.¹, Zyatkov N.Yu.¹

¹ 數學研究所 S.L. Sobolev SB RAS, 新西伯利亞, 俄羅斯

² 計算數學與數學地球物理研究所 SB RAS, 新西伯利亞, 俄羅斯

* krivorotko.olya@mail.ru

隨著新病毒 (COVID-19

新毒株、結核病等) 的出現和社會經濟過程 (隔離、口罩方案、大規模疫苗接種等) 的影響, 描述流行病過程的複雜性增加。

傳染病的傳播過程和傳播速度的特點是數據代表流行病學特徵的分佈 (病程的平均時間、潛伏期等)、統計觀察的時間序列 (例如, 每天檢測到的人數)

、住院、檢測)、分佈規律, 以及社會經濟過程的相關數據。

機器學習和數據分析方法的發展使得在新的水平上建立描述疾病傳播動態的模型成為可能, 同時考慮到社會經濟特徵[1]。

在這項工作中建立並優化了一個完全連接的循環神經網絡，它允許根據流行病學和社會經濟指標 [2、3] 對每日檢測到的和危急（連接到呼吸機）病例的數量進行每週預測。

以新型冠狀病毒感染 COVID-19

在新西伯利亞地區的傳播為例，將數值預測與應用經典隔室模型和代理模型的結果進行比較 [2, 4]。

在建立短期預測時考慮到社會經濟指標對流行病傳播的影響的情況下，顯示了使用優化神經網絡的優勢。

這項工作得到了 Akademgorodok

數學中心的支持，該中心與俄羅斯聯邦科學和高等教育部達成了第 075-15-2022-281 號協議。

文學

1. Nikparvar B., Rahman Md.M., Hatami F., Thill J.-C. Spatio-temporal prediction of the COVID-19 pandemic in US counties: modeling with a deep LSTM neural network, Scientific Reports, 2021, vol. 11, P. 21715.

2. Krivorotko O.I., Zyatkov N.Y. Data-driven regularization of inverse problem for SEIR-HCD model of COVID-19 propagation in Novosibirsk region, Eurasian Journal of Mathematical and Computer Applications, 2022, vol. 10, iss. 1, P. 51-68.

3. Krivorotko O.I., Kabanikhin S.I. Mathematical models of the spread of COVID-19. Preprint Institute of Mathematics. S.L. Sobolev SB RAS, no. 300, Novosibirsk: IM SO RAN, 2022. (In Russian)

4. Krivorotko O., Sosnovskaia M., Vashchenko I., Kerr C., Lesnic D. Agent-based modeling of COVID-19 outbreaks for New York state and UK: parameter identification algorithm, Infectious Disease Modelling, 2022, vol. 7, P. 30-44.

DOI 10.18699/sblai2023-23

Реконструкция математических моделей живых систем: проблемы и перспективы

Лашин С.А.

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

lashin@bionet.nsc.ru

Биологические системы – это сложные иерархические системы, функционирующие на разных уровнях биологической организации – от молекулярно-генетического до экосистемного и биоценотического. Ключевым свойством биологических систем является их способность к эволюции, то есть постепенному изменению их свойств в ряду поколений живых организмов. Исследование механизмов, лежащих в основе эволюционных процессов, является одной из важнейших задач современной биологии, для решения которой зачастую привлекается аппарат других наук – физики, математики, информатики.

В докладе представлены методы моделирования функционирования и эволюции комплексных биологических систем, учитывают в рамках одной модели максимально широкий спектр уровней биологической организации (молекулярно-генетический, метаболический, клеточный, популяционный и экологический уровни). Методы реализованы в виде программных комплексов «Гаплоидный Эволюционный Конструктор 3D» (ГЭК 3D) и «Диплоидный Эволюционный Конструктор» (ДЭК), «Population Genetics of Deafness – Simulator» и «Microcosm». Ключевой особенностью предложенных методов является то, что конструируемые модели обладают многослойной архитектурой. При этом каждый слой представляет собой подмодель, ответственную за описание определенного уровня биологической организации: генетического, метаболического, популяционного и, наконец, экологического уровней.