

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.

Reconstruction of mathematical models of living systems: problems and prospects

Lashin S.A.

Institute of Cytology and Genetics of SB RAS, Novosibirsk, Russia

lashin@bionet.nsc.ru

Biological systems are complex hierarchical systems functioning at different levels of biological organization, from the molecular-genetic to the ecosystem and biocenosis. A key feature of biological systems is their ability to evolve, that is, to gradually change their properties over generations of living organisms. The study of the mechanisms underlying evolutionary processes is one of the most important tasks of modern biology, which often involves the apparatus of other sciences – physics, mathematics, and computer science.

Here we present methods for modeling the functioning and evolution of complex biological systems, which take into account the widest possible range of levels of biological organization (molecular-genetic, metabolic, cellular, population and ecological levels) within the framework of a single model. The methods are implemented in the form of software packages “Haploid Evolutionary Constructor 3D” (HEC 3D) and “Diploid Evolutionary Constructor” (DEC), “Population Genetics of Deafness – Simulator” and “Microcosm”. The key feature of the proposed methods is that the constructed models have a multilayer architecture, with each layer being a submodel responsible for describing a certain level of biological organization: genetic, metabolic, population and, finally, ecological levels.

生命系統數學模型的重構：問題與展望

拉欣公司

Lashin S.A.

ICG SB RAS, 新西伯利亞, 俄羅斯

lashin@bionet.nsc.ru

生物系統是複雜的等級系統，在不同層次的生物組織中發揮作用——
從分子遺傳到生態系統和生物群落。

生物系統的關鍵特性是它們的進化能力，即在一系列生物體的世代中逐漸改變它們的特性。
研究進化過程背後的機制是現代生物學最重要的任務之一，為此經常涉及其他科學的設備——
物理學、數學、計算機科學。

該報告介紹了對複雜生物系統的功能和進化進行建模的方法，在一個模型的框架內考慮了生物組織水平的最廣泛範圍（分子遺傳、代謝、細胞、種群和生態水平）。

這些方法以軟件系統“Haploid Evolutionary Constructor 3D” (HEC 3D) 和“Diploid Evolutionary Constructor” (DEC)、

“人口遺傳學耳聾-模擬器”和“Microcosm”的形式實施。

所提出方法的關鍵特徵是構建的模型具有多層架構，每一層都是一個子模型，負責描述特定級別的生物組織：遺傳、代謝、種群，最後是生態級別。

DOI 10.18699/sblai2023-24

Об актуальных задачах моделирования эволюционирующих систем

Пальянов А.Ю.^{1, 2, 3*}, Пальянова Н.В.^{2**}

¹ Институт систем информатики им. А.П. Ершова СО РАН, Новосибирск, Россия

² НИИ вирусологии ФИЦ фундаментальной и трансляционной медицины,
Новосибирск, Россия