

Така мережа має помилку 0,043, а при перевірці на тестовій множині має помилку 0,001. Кількість вхідних нейронів обумовлена кількістю вхідних показників і становитиме 17, вихідних 2.

Висновки. Розглянуто задачу прогнозування виникнення мікроінфаркту у пацієнтів кардіологічного відділення на основі штучних нейронних мереж. Мережа, що побудувала прогноз з найменшою помилкою тестової множини, а отже високою здатністю до навчання та узагальнення, належала до типу мереж узагальненої регресії. Нейронна мережа загальної регресії з кількістю вхідних нейронів, що відповідають кількості вхідних інформаційних параметрів та має два прихованих шари може бути використана для прогнозування виникнення мікроінфаркту а пацієнтів кардіологічних відділень. Але, враховуючи особливості використання штучних нейронних мереж, така мережа має бути побудована з врахуванням наступних вимог: в першому прихованому шарі має бути 6 нейронів, а в другому 3 нейрони.

Перелік посилань:

1. Уосермен Ф. Нейрокомп'ютерна техніка: Теорія і практика. Переклад українською, І. Ю. Юрчак, 2001. <http://www.victoria.lviv.ua/html/wosserman/index.htm>.

УДК 612.216.1+004.89

НОВА КОМПАРТМЕНТНА МОДЕЛЬ ПОШИРЕННЯ КОРОНАВІРУСНОЇ ІНФЕКЦІЇ COVID 2019

М. Ф. Бабаков¹, В. І. Луценко^{1,2}, О. В. Кривенко², В. А. Клименко³, І. В. Попов², В. В. Пшеничний¹

¹Національний аерокосмічний університет ім. М.Е. Жуковського «Харківський авіаційний Інститут»,

²Інститут радіофізики та електроніки ім. О.Я. Усикова НАН України,

³Харківський національний медичний університет, Україна

E-mail: vladislavlutsenko@ukr.net

The article discusses a multiphase compartment model describing the spread of a new type of coronavirus infections, which allows us to describe several waves of the course of the disease.

Пандемія COVID-19 - це різке нагадування про необхідності подальших досліджень різних аспектів вірусів. Спроби використовувати класичні підходи для опису механізмів передачі та поширення цієї інфекції і пов'язаних з цим методик проведення санітарно-профілактичних заходів виявилися неефективними. Актуально створення моделей, що описують структуру нової вірусної інфекції та математичного опису механізмів її поширення.

Створені моделі розповсюдження коронавірусної інфекції [1, 3], які розглядають епідемію, як типовий приклад ланцюгової реакції. Моделі достатньо прості, і їх рішення залежить від різниці всього двох основних параметрів - швидкості зараження і швидкості одужання. Якщо різниця позитивна, то епідемія розростається, якщо негативна, то згасає. Незважаючи на очевидні переваги цих моделей, їх основним недоліком є використання класичних уявлень для опису структури та засобів розповсюдження нової коронавірусної інфекції, з якою зіткнулися вперше. Нова інфекція може розглядатись, як така, що складається з декількох фрагментів, які можуть існувати і реплікуватися в організмі одночасно, посилюючи досяжний патогенний ефект. Спрощено ситуація виглядає наступним чином. Коронавірусна інфекція є лево, що складається з багатьох (кількох) шматочків (фрагментів). Носій шматочка лево - інфекції, спілкуючись з іншими носіями, може доповнювати наявну інфекцію іншими фрагментами. Тяжкість захворювання тим вище, чим більшу частину лево - інфекції вдалося людині зібрати в своєму організмі. Тому вища ймовірність серйозно захворіти у тих, хто веде активний спосіб життя і має можливість спілкуватися з великою кількістю носіїв різних фрагментів інфекції. Крім того, зрозуміло, що перебування у колективі інфікованих (наприклад в лікарні у палаті з такими ж хворими, але у яких можуть бути інші фрагменти інфекції) дозволяє за рахунок взаємного інфікування посилити ефект захворювання.

Для опису поширення коронавірусної інфекції можна використовувати модернізацію існуючих компартментних моделей SEIRD і SEIHFR, створених для опису поширення лихоманки Ебола [2]. Отримана модифікована модель була названа SEIHRD. Зупинимось докладніше на описі класів, що входять до SEIHRD - моделі: $S(t)$ використовується для позначення числа сприйнятливих індивідуумів, що знаходяться в групі ризику, в момент часу t ; $E(t)$ використовується для позначення

числа індивідуумів, захворювання яких знаходиться в інкубаційному періоді; $I(t)$ використовується для позначення числа інфікованих, здатних поширити захворювання; $H(t)$ використовується для позначення числа госпіталізованих; $R(t)$ використовується для позначення тих, хто видужав; $D(t)$ використовується для позначення померлих.

SEIHRD - модель може бути виражена наступними диференціальними рівняннями:

$$\begin{aligned} dS(t)/dt &= -1/N (\beta_I S(t)I(t) + \beta_H S(t)H(t)); \\ dE(t)/dt &= 1/N (\beta_I S(t)I(t) + \beta_H S(t)H(t)) - \alpha E(t); \\ dI(t)/dt &= \alpha E(t) - (\gamma_H \theta_1 + \gamma_I (1 - \theta_1)(1 - \delta_1) + \gamma_D (1 - \theta_1)\delta_1)I(t); \\ dH(t)/dt &= \gamma_H \theta_1 I(t) - (\gamma_{DH} \delta_2 + \gamma_{IH} (1 - \delta_2))H(t); \\ dD(t)/dt &= \gamma_D (1 - \theta_1)\delta_1 I(t) + \gamma_{DH} \delta_2 H(t); \\ dR(t)/dt &= \gamma_I (1 - \theta_1)(1 - \delta_1)I(t) + \gamma_{IH} (1 - \delta_2)H(t); \end{aligned} \quad (1)$$

де β_I – коефіцієнт контакту в співтоваристві; β_H – коефіцієнт контакту в госпіталі; $1/\alpha$ – середня тривалість інкубаційного періоду; $1/\gamma_H$ – середня тривалість періоду від появи перших симптомів до госпіталізації; $1/\gamma_{DH}$ – середня тривалість періоду від госпіталізації до смерті; $1/\gamma_I$ – середня тривалість заразного періоду для тих, хто одужав; $1/\gamma_D$ – середня тривалість заразного періоду для померлого; $1/\gamma_{IH}$ – середня тривалість періоду від госпіталізації до одужання; θ – частка випадків госпіталізації; δ – коефіцієнт летальності; δ_1 і δ_2 – допоміжні коефіцієнти.

У момент часу $t = 0$ початкові умови виглядають наступним чином:

$$S(0) = S_0 > 0, E(0) = E_0 > 0, I(0) = I_0 > 0, H(0) = H_0 > 0, D(0) = D_0 > 0, R(0) = R_0 > 0 \quad (2a)$$

Розмір популяції N передбачається фіксованим, тобто

$$S(t) + E(t) + I(t) + H(t) + D(t) + R(t) = \text{constant} = N. \quad (2b)$$

Якщо значення коефіцієнтів, що входять до складу рівнянь (1) – не змінюються в часі, то ми маємо однофазну компартментну модель, що описує характер поширення однієї хвилі інфекції. На рис.1а показані результати її моделювання. Однак вона не дозволяє враховувати можливість додаткових хвиль захворювання. Для їх врахування потрібно використовувати багатозначні моделі що описуються аналогічними рівняннями (1), однак значення коефіцієнтів змінюються для різних фаз процесу в часі, а початковими умовами кожної наступної фази будуть кінцеві умови попередньої фази (2). Результати моделювання для трьох фазного процесу, коли інші фази мають більші коефіцієнти приведені на рис.1б. Багатозначність призводить, як видно, до появи декількох хвиль захворювань.

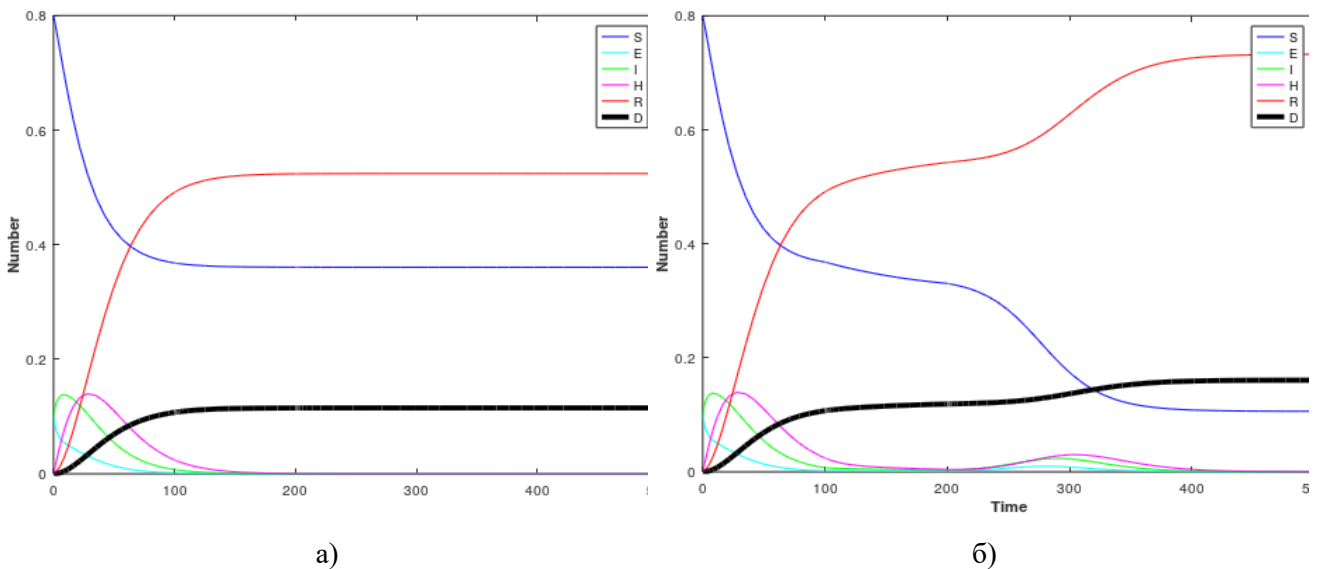


Рис.1. Залежність в часі різних компартментів моделі: а- однофазна, б- трьохфазна моделі.

Для опису процесу поширення епідемії лево - вірусних інфекцій типу COVID-2019 доцільно використовувати модифіковану багатозначну компартментну модель SEIHRD. Це дозволить описати можливість повторних хвиль епідемії, пов'язаних з модифікацією його структури і появою додаткових фрагментів інфекції, що приведуть до підвищення контагіозності інфекції та її

вірулентності. Це, в свою чергу, призведе до підвищення рівня летальності та тяжкого перебігу хвороби.

Перелік посилань:

1. Михаил Пинкус. Вчені-ядерники створили модель поширення COVID-19. – URL: <http://surl.li/aejup>.
2. Eremeeva N. I. Building a modification of the SEIRD model of epidemic spread that takes into account the features of COVID-19. *Vestnik TvGU. Seriya: Prikladnaya Matematika [Herald of Tver State University. Series: Applied Mathematics]*, 2020, № 4, 14–27 (in Russian). <https://doi.org/10.26456/vtpmk602>.
3. Ольга Дорохова. Сибірські вчені представили прототип моделі поширення COVID-19. – URL: <http://surl.li/aejul>.

УДК 612.216.1+004.89

ЛЕГА МОДЕЛІ КОРОНАВІРУСНИХ ІНФЕКЦІЙ

М. Ф. Бабаков¹, В. І. Луценко^{1,2}, О. В. Кривенко², В. А. Клименко³, І. В. Попов²

¹Національний аерокосмічний університет ім. М.Є. Жуковського «Харківський авіаційний Інститут»,

²Інститут радіофізики та електроніки ім. О.Я. Усикова НАН України,

³Харківський національний медичний університет

E-mail: vladislavlutsenko@ukr.net

The paper considers hypothesis about the structure of a new type of coronavirus infection COVID-19 in the form of a Lego virus. Estimates of morbidity and mortality were obtained depending on the number of fragments that make up the infection.

Вступ. Пандемія COVID-19 - нагадує про необхідність подальших досліджень різних аспектів вірусів. Спроба використовувати класичні підходи для опису механізмів передачі та поширення цієї інфекції і пов'язаних з цим методик проведення санітарно-профілактичних заходів виявилися неефективними. Є актуальним створення моделей, що описують структуру нової вірусної інфекції та математичного опису механізмів її поширення. Створені моделі поширення коронавірусної інфекції [1, 2], які розглядають епідемію, як типовий приклад ланцюгової реакції. Рівняння моделі подібні до рівнянь, що описують ланцюгову реакцію в ядерній бомбі або ядерному реакторі. Модель дуже проста, і її рішення залежить від різниці всього двох основних параметрів - швидкості зараження і швидкості одужання. Якщо різниця позитивна, то епідемія розростається, якщо негативна, то згасає. Прототип моделі поширення COVID-19 [3], який може бути використаний для прогнозування та протидії другій та послідуєчій хвиль епідемії. Незважаючи на очевидні переваги цих моделей, їх основним недоліком є використання класичних уявлень для опису структури та засобів поширення нової коронавірусної інфекції, з якою зіткнулися вперше.

Лега моделі вірусних інфекцій. Дослідження, опубліковане в журналі eLife [4], показало, що новий вірусний геном може бути розділений між різними клітинами і все ще провокувати інфекцію. Це перевертає сучасне уявлення про вірусних захворюваннях. Виявляється, різні ділянки вірусного генома можуть жити в різних клітинах, але при цьому працювати спільно, викликаючи інфекцію. Розглянемо нову інфекцію Covid 2019, як що складається з декількох фрагментів, які можуть існувати і реплікуватися в організмі одночасно, посилюючи досягається патогенний ефект. Спрощено ситуація виглядає наступним чином: коронавірусна інфекція є лега, що складається з багатьох (кількох) шматочків, кожен з яких може існувати в організмі носія певний час. Людина носій шматочка лега інфекції, спілкуючись з іншими носіями і інфікуючи від них може збирати в своєму організмі інші відсутні шматочки. Коли накопичена патогенність, (як за рахунок накопичення досить великого фрагмента інфекції, так і її кількості - дози) може пробити імунний бар'єр носія то станеться його захворювання. Ступінь захворювання тим серйозніше, чим більшу частину лега-інфекції вдалося людині зібрати в своєму організмі і чим вище отримана доза інфекції. Тому вища ймовірність серйозно захворіти у тих, хто веде активний спосіб життя і має можливість спілкуватися з великою кількістю носіїв різних шматочків інфекції, що дозволяє зібрати їх воедино в своєму організмі. Крім того, зрозуміло, що перебування в колективі інфікованих (наприклад, в лікарні в палаті з такими ж