

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

хворими, але які можуть мати інші фрагменти інфекції) дозволяє за рахунок взаємного інфікування (збирання в своєму організмі додаткових шматочків леги, які є у сусідів по палаті) посилити ефект захворювання. Тому, якщо в лікарні інфіковані містяться спільно, то вражаючий ефект хвороби буде вище. Якщо в загальному випадку кількість фрагментів інфекції k , то кількість можливих варіантів захворювання (комбінацій) становитиме:

$$K = \sum_{i=1}^k C_i^k \quad (1)$$

де C_i^k – кількість сполучень з k елементів по i .

Ймовірності інфікування багатокомпонентними інфекціями, наведені на рис.1. Як видно, збільшення кількості фрагментів інфекції призводить до досить різкого зростання ймовірності захворювання. Так, при ймовірності інфікування 1 компонентом 50% ймовірність захворювання 2 компонентною інфекцією складе 75%, а трьох, чотирьох і п'ятикомпонентною інфекціями відповідно 87,5%, 93,8% і 96,8%.

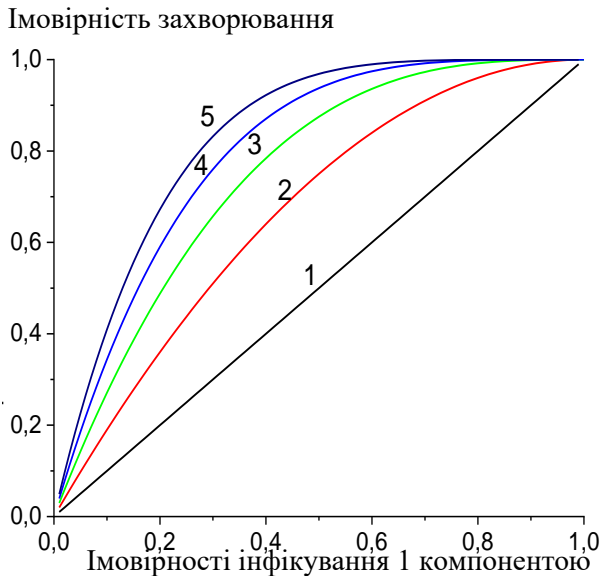


Рис. 1. Імовірність захворювання від ймовірності інфікування p для інфекцій з $k = 1, 2, 3, 4, 5$ компонентами.

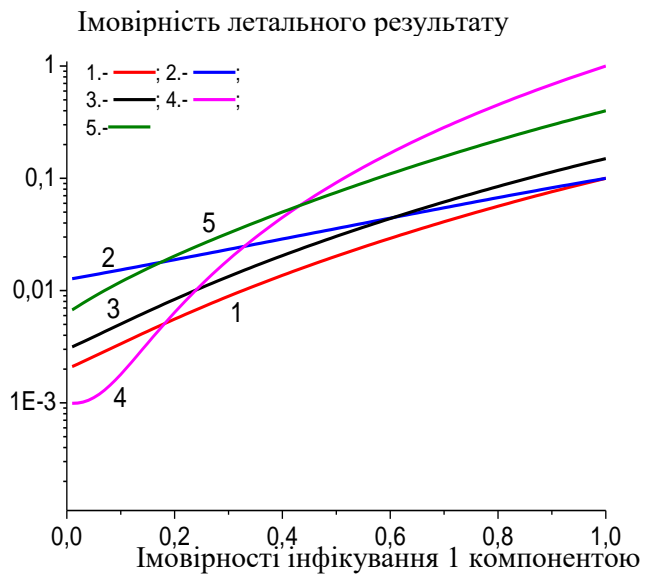


Рис. 2. Імовірність летального результату при k фрагментній інфекції: $k = 3$; 1- $a_0 = 0,1$; $q = 10$; 2 - $a_0 = 0,1$; $q = 4$; 3 - $a_0 = 0,15$; $q = 10$; $k = 4$, 4 - $a_0 = 0,1$; $q = 10$; 5 - $a_0 = 0,1$; $q = 4$.

Поряд із зростанням ймовірності захворювання при збільшенні кількості фрагментів, з яких складається інфекція, буде спостерігатися і збільшення ступеня її патогенності, а значить і ймовірності важкого перебігу хвороби. Результати оцінки летальності для різних типів інфекцій представлені на рис.2. Там a_0 та q константи, що характеризують вид функції, що описує умовну ймовірність летального результату P_{Dk} :

$$P_{Dk} = \sum_{i=1}^k P_I(i)P_D(i) \quad (2)$$

де $P_I(i)$ – ймовірність інфікування i фрагментами інфекції; $P_D(i)$ - умовна ймовірність летального результату при інфікуванні i фрагментом інфекції.

Аналіз показує, що для двопалатних боксів істотно зростає ймовірність інфікування всіма трьома компонентами інфекції, а значить і летальність результату лікування. Для уникнення істотного зростання летальності через додаткового інфікування сусідами по палаті необхідно використання одиночних боксів. Ще гірше ситуація буде обстояти, коли в палаті (боксі) буде 3 і більше ліжок. Для зниження ймовірності додаткового інфікування хворих і обважнення ступеня перебігу хвороби бажано в палатах розміщувати хворих приблизно з однаковим ступенем ураженості хворобою, використовувати розміщення в палаті членів однієї сім'ї, а медичному персоналу при

здійсненні лікувального процесу дотримуватися правил санітарії, як це робиться при лікуванні хворих з різними видами інфекційних хвороб.

Висновки. Запропоновано гіпотезу про можливу структуру нової коронавірусної інфекції Covid 2019 у вигляді складових лега-вірусів. Розглянуто особливості нового типу інфекції і витікаючі з цього вимоги до санітарно епідемічних заходів щодо запобігання її поширення.

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>.
4. Bar-On SARS-CoV-2 (COVID-19) by the numbers / Bar-On, Yinon & Flamholz, Avi & Phillips, Rob & Milo, Ron. // eLife. 2020. 9. 10.7554.

УДК 004.048 + 616-079.4

РОЗПІЗНАВАННЯ МЕДИЧНИХ ЗОБРАЖЕНЬ АЛГОРИТМОМ ГЕНЕТИЧНО-ІНДУКТИВНОГО ЛІСУ

В. О. Бабенко¹, Є. А. Настенко², В. А. Павлов³, О. К. Носовець⁴

Національний технічний університет України «Київський політехнічний інститут імені Ігоря Сікорського»

E-mail: ¹vbabenko2191@gmail.com, ²nastenko.e@gmail.com, ³pavlov.vladimir264@gmail.com, ⁴o.nosovets@gmail.com

The given work is devoted to the modern developments in the field of medicine, namely medical image recognition by innovative algorithm called "Genetic-inductive Forest". The main purpose of creating such an algorithm is to improve already existing Machine Learning approaches in order to obtain more efficient results in recognition tasks. To test the performance of the algorithm, liver ultrasound images and speckle-tracking echocardiography frames were used.

Вступ. Зображення ультразвукового дослідження (УЗД) несуть у собі цінну діагностичну інформацію, яка використовується лікарями та медичними експертами задля оцінки стану певного органу пацієнта. Однією із найголовніших властивостей подібних зображень є «ехогенність», яка необхідна для охарактеризування тканини досліджуваного органу. Кожен орган володіє власним рівнем ехогенності, і тому зміна рівню у більшості випадків свідчить про появу патології у пацієнта, що призводить до розвинення захворювання. Спеціалісти УЗД володіють знаннями про те, який орган має володіти тою чи іншою ехогенністю, тим самим визначаючи його стан за кольором зображення. Хоча спеціалісти з великим стажем у більшості випадків здатні абсолютно точно визначати зміну ехогенності, не виключені випадки, коли ручна діагностика стає надскладною задачею (особливо на ранніх етапах появи патології), і уникнути помилок стає неможливо. Складності також додає об'єм тих даних, які надходять до подібних спеціалістів. Таким чином набуває актуальності задача розпізнавання медичних ультразвукових зображень та за допомогою підходів штучного інтелекту і машинного навчання, які останнім часом набули широкої популярності у сфері медицини, а їхня властивість швидко обробляти й аналізувати надвеликі масиви даних є дуже ефективною для досягнення головної мети дослідження. У даному дослідженні пропонується застосування інноваційного алгоритму машинного навчання під назвою «Генетично-індуктивний ліс», який поєднує у собі властивості таких методів, як: генетичний алгоритм, метод групового урахування аргументів (МГУА) та випадковий ліс.

Основна частина. Основна ідея генетично-індуктивного лісу полягає у використанні принципу ансамблевого навчання (підвиду машинного навчання) під назвою «бегінг». Головною властивістю даного підходу є «навчання» не одної моделі штучного інтелекту, а відразу «ансамблю» (множини)