

КВАЛІФІКАЦІЙНА РОБОТА

на здобуття освітнього ступеня

бакалавр

(назва освітнього ступеня)

на тему: Розробка архітектури та програмного забезпечення з використанням об'єктно-орієнтованої мови програмування Python та моделей регресійного аналізу прогнозування епідеміологічних порогів і статистичних методів

Виконав: студент IV курсу, групи СП-41 спеціальності
121 Інженерія програмного забезпечення
(шифр і назва спеціальності)

Білонога Ф. М.

(підпис)

(прізвище та ініціали)

Керівник

Петрик М.Р.

(підпис)

(прізвище та ініціали)

Нормоконтроль

Стоянов Ю. М.

(підпис)

(прізвище та ініціали)

Завідувач кафедри

Петрик М. Р.

(підпис)

(прізвище та ініціали)

Рецензент

(підпис)

(прізвище та ініціали)

Тернопіль

2026

6. Консультанти розділів роботи

Розділ	Прізвище, ініціали та посада консультанта	Підпис, дата	
		завдання видав	завдання прийняв
Безпека життєдіяльності, основи охорони праці			

7. Дата видачі завдання _____

КАЛЕНДАРНИЙ ПЛАН

№ з/п	Назва етапів роботи	Термін виконання етапів роботи	Примітка
1	Ознайомлення з завданням до кваліфікаційної роботи	6.04 – 12.04	
2	Підбір джерел по темі кваліфікаційної роботи	13.04 – 26.04	
3	Опрацювання джерел інформації по темі кваліфікаційної роботи	13.04 – 26.04	
4	Розробка архітектури програмного рішення	27.04 – 03.05	
5	Ознайомлення з новими технологіями	04.05 – 17.05	
6	Розробка на основі опрацьованої інформації	18.05 – 24.05	
7	Виконання звіту по проробленій роботі	18.05 – 24.05	
8	Виконання завдання до підрозділу «Безпека життєдіяльності»	18.05 – 24.05	
9	Виконання завдання до підрозділу «Основи охорони праці»	18.05 – 24.05	
10	Оформлення кваліфікаційної роботи	25.05 – 7.06	
11	Нормоконтроль	8.06 – 14.06	
12	Перевірка на плагіат	8.06 – 14.06	
13	Попередній захист кваліфікаційної роботи	15.06 – 21.06	
14	Захист кваліфікаційної роботи		

Студент _____
(підпис)

Білонога Ф. М.
_____ (прізвище та ініціали)

Керівник роботи _____
(підпис)

Петрик М.Р.
_____ (прізвище та ініціали)

АНОТАЦІЯ

Розробка архітектури та програмно-го забезпечення з використанням об'єктно-орієнтованої мови програмування Python та моделей регресійного аналізу прогнозування епідеміологічних порогів і статистичних методів // Кваліфікаційна робота освітнього рівня «Бакалавр» // Білонога Федір Миколайович // Тернопільський національний технічний університет імені Івана Пулюя, факультет комп'ютерно-інформаційних систем і програмної інженерії, кафедра програмної інженерії, група СП-41 // Тернопіль, 2026 // Ст. – 78, рис. – 11, табл. – 12, додат. – 1, бібліогр. – 74.

Ключові слова: прогнозування інфекційних захворювань, грип А, авторегресійна інтегрована ковзна середня, помилка тренд сезонність, керований рекурентний блок, довга короткочасна пам'ять, трансформер.

Головною метою цієї кваліфікаційної роботи є розробка програмної системи для точного прогнозування захворюваності на грип А (Influenza A) із застосуванням класичних статистичних базових моделей та сучасних архітектур глибокого навчання.

Перший розділ присвячено аналізу предметної області, зокрема проблемам прогнозування поширення респіраторних інфекцій для забезпечення своєчасної підготовки та ефективного розподілу медичних ресурсів. Досліджено особливості застосування традиційних моделей часових рядів (ARIMA та експоненційного згладжування ETS), а також нейромережевих архітектур (Simple RNN, LSTM, GRU, BiLSTM, BiGRU та Transformer) для розв'язання цих задач. Виконано огляд наявних підходів до аналізу епідеміологічних даних на основі щомісячної статистики США з 2009 по 2023 роки, а також обґрунтовано вибір архітектурних рішень для створення прогнозуючої платформи.

У другому розділі розглянуто архітектуру розроблених прогнозуючих моделей та процес їх налаштування з використанням розподілу даних на навчальну та тестову вибірки. Описано структуру нейромережевих модулів, зокрема реалізацію найефективнішої одновимірної моделі HistoFluAFormer на базі

архітектури Transformer, яка використовує виключно історичні послідовності інцидентності та механізм самоуваги (self-attention) з позиційним кодуванням. Крім того, наведено результати тестування моделей, виконано оцінювання точності за метриками MSE, MAE, GMRAE та Theil U1, що підтвердило перевагу методів глибокого навчання у фіксації нелінійної сезонності та довгострокових часових залежностей. Окреслено перспективи впровадження розробленого рішення у реальні процеси епідеміологічного нагляду, особливо в умовах, коли додаткові допоміжні дані є недоступними, запізнюються або є ненадійними.

У третьому розділі подано аналіз умов праці розробника програмного забезпечення в контексті охорони праці та безпеки життєдіяльності. Розглянуто вимоги здійснення долікарської допомоги при обмороженні щодо відповідно до чинних нормативних документів. Також розглянуто естетичне оформлення та ергономічне дослідження робочого місця оператора.

ABSTRACT

Architecture and software development using the object-oriented programming language Python and regression analysis models for predicting epidemiological thresholds and statistical methods // Qualification work for the educational level "Bachelor" // Bilonoha Fedir Mykolayovych // Ternopil Ivan Puluj National Technical University, Faculty of Computer and Information Systems and Software Engineering, Department of Software Engineering, Group SP-41 // Ternopil, 2026 // Pages – 78, Figures – 11, Tables – 12, Appendices – 1, References – 74.

Keywords: infectious disease forecasting, influenza A, autoregressive integrated moving average, error trend seasonality, gated recurrent unit, long short-term memory, transformer.

The primary objective of this qualification work is to develop a software system for the accurate forecasting of Influenza A incidence using classical statistical baseline models and modern deep learning architectures.

The first chapter is devoted to the analysis of the subject area, in particular, the problems of forecasting the spread of respiratory infections to ensure timely preparedness and effective allocation of medical resources. The specifics of applying traditional time series models (ARIMA and ETS exponential smoothing) as well as neural network architectures (Simple RNN, LSTM, GRU, BiLSTM, BiGRU, and Transformer) to solve these problems are investigated. A review of existing approaches to the analysis of epidemiological data based on monthly US statistics from 2009 to 2023 is performed, and the choice of architectural solutions for creating the forecasting platform is justified.

The second chapter considers the architecture of the developed forecasting models and the process of their tuning using the data split into training and testing sets. The structure of the neural network modules is described, including the implementation of the most efficient univariate HistoFluAFormer model based on the Transformer architecture, which uses exclusively historical incidence sequences and a self-attention mechanism with positional encoding. In addition, the results of model testing are presented, and accuracy evaluation is performed using MSE, MAE, GMRAE, and Theil U1 metrics,

which confirmed the superiority of deep learning methods in capturing nonlinear seasonality and long-term temporal dependencies. The prospects of deploying the developed solution into real-world epidemiological surveillance processes are outlined, especially in conditions where additional auxiliary data are unavailable, delayed, or unreliable.

The third chapter presents an analysis of a software developer's working conditions in the context of occupational health and safety. The requirements for providing first aid for frostbite in accordance with current regulatory documents are considered. The aesthetic design and ergonomic study of the operator's workplace are also examined.

ЗМІСТ

АНОТАЦІЯ	4
ABSTRACT	6
ЗМІСТ	8
ПЕРЕЛІК СКОРОЧЕНЬ	10
ВСТУП.....	11
1. АНАЛІЗ СТАНУ ПРОБЛЕМИ ТА ПОСТАНОВКА ЗАДАЧІ РОБОТИ	14
1.1 Аналіз предметної області та проблемні засади роботи	14
1.2 Основні підходи до розробки до розробки програмних систем статистичного аналізу та прогнозування епідеміологічних порогів	21
1.3 Огляд існуючих програмних рішень та суміжних систем	25
2. ПРОЄКТУВАННЯ ПРОГРАМНОЇ СИСТЕМИ ТА ЇЇ КОМПОНЕНТІВ, ОСНОВНІ ВИКОРСИТОВУВАНІ МЕТОДИ.....	29
2.1 Методи. Джерело даних та роботи. Класичні базові моделі часових рядів: ETS та SARIMA	29
2.2. Базові моделі глибокого навчання: проста RNN, LSTM, GRU, BiLSTM та BiGRU	31
2.3. Пропонована архітектура трансформера: HistoFluAFormer	33
2.4. Розгортання моделі HistoFluAFormer. Навчання моделей, налаштування гіперпараметрів та реалізація моделей RNN, LSTM, GRU, BiLSTM та BiGRU. Метрики оцінки прогнозів та порівняння моделей	38
2.5. Тестування системи. Розкладання тимчасових рядів випадків грипу А	41
2.6 Аналіз моделі експонентного згладжування Холта-Вінтерса. Оцінка моделі експонентного згладжування Холта-Вінтерса.	47
2.7 Аналіз авторегресійної інтегрованої моделі ковзного середнього (ARIMA). Підбір відповідної моделі ARIMA для випадків грипу А.	49
2.8 Діагностика моделі ARIMA(0,1,3)(0,0,1)[12]. Перевірка адекватності моделі ARIMA(0,1,3)(0,0,1)[12]. Модифікований тест для великих лагів.	52
2.9 Порівняльний аналіз з іншими моделями часових рядів грипу.	61
3 БЕЗПЕКА ЖИТТЄДІЯЛЬНОСТІ ТА ОСНОВИ ОХОРОНИ ПРАЦІ.....	67
3.1 Долікарська допомога при обмороженні.....	67
3.2 Естетичне оформлення та ергономічне дослідження робочого місця оператора	68
ВИСНОВКИ	71

СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ.....	73
ДОДАТКИ	79
Додаток А. Програмна реалізація архітектури нейронної мережі HistoFluAFormer на базі фреймворку PyTorch.....	80
Додаток Б. Програмна реалізація підготовки даних та формування ковзного вікна для часових рядів.	81
Додаток В. Програмна реалізація рекурентної нейронної мережі довгої короткострокової пам'яті (LSTM). Програмна реалізація функцій для розрахунку метрик оцінювання якості прогнозування	82

ПЕРЕЛІК СКОРОЧЕНЬ

ARIMA – Auto Regressive Integrated Moving Averages (авторегресійні інтегровані ковзні середні)

ETS – Holt-Winters Exponential Smoothing (експоненційне згладжування Хольта-Уінтерса)

DL – Deep Learning (глибоке навчання)

RNN – Recurrent Neural Network (рекурентна нейронна мережа)

LSTM – Long Short Term Memory (довга короткострокова пам'ять)

GRU – Gated Recurrent Unit (керований рекурентний блок)

BiLSTM – Bidirectional Long Short Term Memory (двоспрямована довга короткострокова пам'ять)

BiGRU – Bidirectional Gated Recurrent Unit (двоспрямований керований рекурентний блок)

MSE – Mean Squared Error (середньоквадратична помилка)

MAE – Mean Absolute Error (середня абсолютна помилка)

GMRAE – Geometric Relative Absolute Error (геометрична відносна абсолютна помилка)

RMSE – Root Mean Squared Error (корінь із середньоквадратичної помилки)

MAPE – Mean Absolute Percentage Error (середня абсолютна відсоткова помилка)

SMAPE – Symmetric Mean Absolute Percentage Error (симетрична середня абсолютна відсоткова помилка)

CDC – Centers for Disease Control and Prevention (Центри з контролю та профілактики захворювань)

SIR – Susceptible, Infected, Recovered (сприйнятливі, інфіковані, ті, що одужали)

SEIR – Susceptible, Exposed, Infected, Recovered (сприйнятливі, контактні, інфіковані, ті, що одужали)

ARGO – AutoRegression with Google search data (авторегресія з даними пошуку Google)

SARIMA – Seasonal Auto Regressive Integrated Moving Average (сезонна авторегресійна інтегрована ковзна середня)

AR – Auto Regressive (авторегресійний)

MA – Moving Average (ковзне середнє)

KPSS – Kwiatkowski-Phillips-Schmidt-Shin (тест Квятковського-Філіпса-Шмідта-Шина)

ACF – Autocorrelation Function (функція автокореляції)

PACF – Partial Autocorrelation Function (функція часткової автокореляції)

ВСТУП

На сучасному етапі прогнозування інфекційних захворювань, зокрема грипу А, є критично важливим завданням для підтримки своєчасної готовності та розподілу ресурсів у сфері охорони здоров'я. Грип А залишається основною причиною респіраторної смертності в усьому світі, спричиняючи близько 400 000 смертей щорічно внаслідок респіраторних захворювань. Проте традиційний епідеміологічний нагляд часто стикається із неповнотою даних та затримками у звітності (наприклад, щонайменше 1 тиждень затримки для щотижневих звітів CDC). Це робить виключно традиційні методи спостереження на базі клінічних даних недостатньо продуктивними для застосунків, які вимагають моніторингу в реальному часі та миттєвого реагування.

Серед розмаїття методів аналізу особливу увагу дослідників привертають обчислювальні архітектури на основі глибокого навчання (Deep Learning). Зазначений підхід дає змогу замінити традиційні статистичні моделі (такі як ARIMA та Holt-Winters ETS) архітектурами, які здатні краще фіксувати нелінійну сезонність, нерегулярні сплески та довгострокові часові залежності в динаміці інфекцій. Це дозволяє суттєво мінімізувати вплив структурних припущень та обмежень лінійного прогнозування.

Разом з тим, функціонуванню наявних прогностичних систем притаманні суттєві обмеження. Традиційні механістичні моделі (наприклад, SIR або SEIR) можуть призводити до значної невизначеності та погіршення якості прогнозів, коли дані є розрідженими або нетиповими. Крім того, гібридні моделі та системи, засновані на даних мережі Інтернет (наприклад, пошукові запити Google), вразливі до змін у суспільній поведінці та вимагають постійного перекалібрування.

Оптимальною платформою для розгортання сучасних систем прогнозування є одновимірна модель на базі архітектури Transformer (зокрема розроблений фреймворк HistoFluAFormer). Завдяки використанню лише історичних послідовностей захворюваності, позиційного кодування та механізму самоуваги, ця модель здатна генерувати точні прогнози без потреби у зовнішніх коваріатах. У

зв'язку з цим, через ненадійність та затримки допоміжних даних у реальних умовах, особливої актуальності набуває розробка та впровадження саме таких незалежних алгоритмічних платформ у робочі процеси епідеміологічного нагляду.

Актуальність теми зумовлена необхідністю створення ефективної уніфікованої платформи для моделювання та прогнозування динаміки грипу А на основі архітектур глибокого навчання. Розробка такого інструментарію та проведення комплексного порівняльного аналізу дозволить здійснювати надійний моніторинг інфекції в реальному часі та забезпечить можливість планування втручань без залежності від затриманих або відсутніх зовнішніх чинників.

Метою роботи є розробка та порівняльне оцінювання моделей прогнозування динаміки грипу А на базі архітектур глибокого навчання та традиційних методів аналізу часових рядів. Створене програмне рішення (зокрема, фреймворк HistoFluAFormer) забезпечує генерацію точних прогнозів з використанням механізмів самоуваги виключно на основі історичних даних для покращення епідеміологічного нагляду.

Об'єктом дослідження є процеси функціонування математичних та нейромережових моделей прогнозування часових рядів в умовах епідеміологічного нагляду за інфекційними захворюваннями.

Предметом дослідження є методи, алгоритми та архітектури глибокого навчання (Simple RNN, LSTM, GRU, BiLSTM, BiGRU, Transformer) і традиційні статистичні моделі (ARIMA, ETS) моніторингу та прогнозування випадків грипу А.

Для досягнення поставленої мети було сформульовано та розв'язано такі основні завдання:

- Провести аналіз традиційних методів (ARIMA, Holt-Winters ETS) та виявити їхні недоліки щодо захоплення нелінійної сезонності та піків у динаміці грипу А.
- Розробити та налаштувати математичні й алгоритмічні моделі на базі глибокого навчання (зокрема RNN, LSTM, GRU, BiLSTM та BiGRU).

- Спроекувати архітектуру одновимірної програмної платформи Transformer (HistoFluAFormer), здатну симулювати залежності за допомогою механізму самоуваги та позиційного кодування.
- Здійснити тестування розроблених моделей на наборах історичних даних (з січня 2009 року до грудня 2023 року) з використанням метрик MSE, MAE, GMRAE та Theil U1.
- Провести порівняльний аналіз результатів для визначення найефективнішої архітектури з метою її розгортання в системах реального нагляду.

Практичне значення отриманих результатів. В роботі розроблено та верифіковано фреймворк на базі архітектури Transformer (HistoFluAFormer), який суттєво перевершує традиційні лінійні моделі. Її практичне значення підтверджується тим, що платформа досягла найнижчих середніх показників похибки на тестовій вибірці (MSE 0.0433 та MAE 0.1126), демонструючи сильну здатність до узагальнення на невідомих даних. Крім того, розроблений інструментарій доводить доцільність розгортання одновимірної моделі Transformer у робочих процесах спостереження (де додаткові коваріати можуть бути відсутніми), що робить систему ідеальною для підвищення готовності до епідемій та розподілу медичних ресурсів.

1. АНАЛІЗ СТАНУ ПРОБЛЕМИ ТА ПОСТАНОВКА ЗАДАЧІ РОБОТИ

У розділі проведено глибокий аналіз предметної області, розглянуто світову статистику захворюваності, вплив затримок у звітах CDC та детально еталоновано чинні підходи — від математичних моделей (SIR/SEIR) до сучасних DL-архітектур. Крім того, тут критично оцінено обмеження сервісу Google Flu Trends і обґрунтовано необхідність створення стійкої одновимірної моделі HistoFluAFormer.

1.1 Аналіз предметної області та проблемні засади роботи

Грип та COVID-19, які розглядаються як одні з найсмертоносніших респіраторних пандемій в історії людства, спричинили руйнівні наслідки для населення в усьому світі [1, 2]. Патогени, що викликають ці захворювання, з часом зазнавали змін та мутацій і продовжують еволюціонувати, що має серйозні наслідки для здатності наукової спільноти до їх ефективного прогнозування, діагностування та розуміння. Найгірші сценарії розвитку подій є досить невтішними: що станеться, якщо патогени, які викликають грип типу А, зазнають суттєвих мутацій, що призведе до виникнення ще більш летальних та контагіозних (заразних) форм захворювання? Ця обставина викликає серйозне занепокоєння в органів охорони здоров'я [3].

Крім того, обидва патогени продемонстрували високий потенціал до глобального поширення завдяки взаємопов'язаній мережі сучасних транспортних систем. Це глобальне поширення ускладнюється наявністю періодів, коли інфіковані особи не мають жодних клінічних симптомів, внаслідок чого неможливо ідентифікувати їх як хворих. Йдеться про так звані «фази безсимптомної передачі», які необхідно обов'язково враховувати під час побудови прогностичних моделей для отримання повної картини поведінки інфекційного захворювання, спричиненого вірусом грипу типу А. Зазначені виклики підкреслюють гостру потребу в надійних системах епідеміологічного нагляду, проведенні масштабних

досліджень та безпрецедентній глобальній співпраці між вірусологами, епідеміологами та розробниками вакцин.

Ці захворювання спричиняють не лише прямі наслідки для здоров'я населення, але й чинять суттєвий вплив на економіку, суспільство та повсякденне життя людей у всьому світі [4]. У Сполучених Штатах Америки Центри з контролю та профілактики захворювань (CDC) – виконуючи роль мережі епідеміологічного нагляду за грипоподібними захворюваннями (ГПЗ, англ. Influenza-like illness, ILI) – щотижня публікують звіти (CDC weekly ILI reports), спираючись на дані власних мереж моніторингу. Хоча ці звіти є життєво важливими для відстеження тягаря захворюваності, зазвичай виникає затримка щонайменше на 1 тиждень у публікації даних щодо ГПЗ через процеси збору та агрегації інформації. Варто відзначити нетиповий випадок: CDC не надавали звітних даних щодо випадків захворювання на грип за період 2020–2021 років.

З огляду на зазначену затримку, прогнозування активності вірусу грипу типу А має критичне значення для епідеміологічного нагляду в режимі реального часу, а також для того, щоб органи охорони здоров'я могли своєчасно перерозподіляти ресурси, готуватися та планувати заходи реагування на потенційні пандемії. У цьому контексті дане дослідження набуває особливої актуальності, оскільки воно спрямоване на заповнення існуючої прогалини шляхом порівняння прогностичної здатності конкуруючих традиційних моделей аналізу часових рядів (інтегрованої моделі авторегресії — ковзного середнього (ARIMA) та методу експоненційного згладжування Холта-Вінтерса (ETS)) із моделями часових рядів на основі глибокого навчання (Deep Learning, DL). Серед останніх розглядаються: проста рекурентна нейронна мережа (RNN), мережа довгої короткострокової пам'яті (LSTM), керована рекурентна одиниця (GRU), двонаправлені мережі (BiLSTM, BiGRU) та архітектура Transformer. Їхнє застосування спрямоване на аналіз динаміки грипу типу А та забезпечення високоточного завчасного прогнозування.

Сезонний грип щороку спричиняє близько 400 000 смертей у всьому світі внаслідок респіраторних захворювань. Під час великих пандемій грипу, спричинених значними мутаціями штамів вірусу, ця цифра може різко зростати [5].

Незважаючи на цю сумну статистику, смертність від грипу з роками значно знизилася завдяки поліпшенню санітарних умов, розвитку інфраструктури охорони здоров'я та економічно ефективній вакцинації. Водночас, незважаючи на ці покращення, грип залишається головною глобальною загрозою для здоров'я, яка посилюється такими факторами, як старіння населення планети, відсутність доступу до систем охорони здоров'я та погані соціальні умови в багатьох регіонах світу.

Рівень смертності, пов'язаний із грипом типу А, суттєво знизився з роками — ця тенденція стає очевидною під час аналізу історичних даних США для розуміння «когортних ефектів». Це свідчить про те, що останні покоління (за умов контролю вікового фактора) мають меншу ймовірність померти від грипу типу А порівняно з попередніми поколіннями [6]. З початку ХХ століття спостерігається поступове зниження кількості смертей, пов'язаних із грипом. Це може бути зумовлено різними причинами, зокрема впровадженням масштабних санітарних програм в американських містах на початку минулого століття [7]. У ХХ столітті досягнення в неонатальній допомозі та розширення масштабів дитячої імунізації дозволили знизити рівень супутніх захворювань, які підвищують ризики смертності від грипу типу А. Іншою важливою причиною стала розробка та ширше використання вакцин проти вірусу грипу. Протягом багатьох років рівень вакцинації зростав, особливо серед населення похилого віку.

Для аналізу випадків захворювання на грип типу А було застосовано численні статистичні підходи, методи машинного навчання (ML) та глибокого навчання (DL).

- Моделі SIR та SEIR: Серед статистичних підходів добре відомими є моделі SIR (Сприйнятливі, Інфіковані, Одужавші — *Susceptible, Infected, Recovered*) та SEIR (Сприйнятливі, Контактні, Інфіковані, Одужавші — *Susceptible, Exposed, Infected, Recovered*), які розглядаються в різних контекстах, зокрема в контексті епідемій грипу типу А, що детально обговорюється в роботі [8]. Дослідження також наголошує на впливі різноманітних заходів у сфері охорони здоров'я (вакцинація, своєчасна організація карантинних центрів,

соціальне дистанціювання), що впроваджуються під час епідемій, та оцінює їхню доцільність у єдиному комплексі заходів запобігання поширенню вірусу.

- Внутрішньоорганізменна динаміка: Натомість робота [9] зосереджена на динаміці грипу типу А всередині організму господаря, застосовуючи базові математичні та статистичні концепції без урахування імунної відповіді. Ці моделі, що складаються переважно зі звичайних диференціальних рівнянь (ЗДР, англ. *ODEs*), відстежують динаміку взаємодії між сприйнятливими клітинами, інфікованими клітинами та вільними віріонами. Попри простоту, вони дають розуміння кінетики інфекційного процесу та виявляють обмеження припущення про експоненційний розподіл латентного та інфекційного періодів. Також у дослідженні розглядаються моделі вищого порядку, що краще апроксимують динаміку *in vivo* та більше відповідають процесу інфікування за умови врахування імунної відповіді.

Підходи машинного навчання для прогнозування грипу типу А зазвичай формулюють сигнали епідеміологічного нагляду (часто це показники захворюваності на грип, грипоподібні захворювання або лабораторно підтверджені випадки) як задачі прогнозування часових рядів із навчанням з учителем, що поєднують авторегресійну структуру з екзогенними коваріатами.

- Гібридні авторегресійні моделі: Ранні гібридні архітектури інтегрували активність пошукових запитів в Інтернеті в узагальнені авторегресійні моделі для короткострокових прогнозів, демонструючи прогностичну цінність зовнішніх цифрових сигналів [10].
- Модель ARGO: Широко використовуваною є архітектура регуляризованої авторегресії з багатьма лаговими змінними та багатовимірними цифровими ознаками — наприклад, ARGO (*AutoRegression with Google search data*). Вона поєднує авторегресію з даними пошукових запитів Google і використовує регуляризацію для стабілізації оцінок в умовах зашумленої поведінки запитів [11].

- Ансамблеві підходи та нелінійні алгоритми: Базуючись на ідеї поєднання авторегресійних лагів із зовнішніми потоками даних, розроблено ансамблеві фреймворки злиття даних [12, 13]. Окрім лінійних моделей, активно застосовуються предиктори на основі дерев та ядерні методи. Алгоритми Випадкового лісу (*Random Forests*) можуть перевершувати класичні базові моделі за умов нелінійної динаміки спалаху (як показано на прикладі пташиного грипу H5N1 [14]). Водночас Регресія на основі опорних векторів (*SVR*) використовувалася для вивчення відображень від опосередкованих поведінкових потоків (наприклад, роздрібних покупок) до захворюваності на грип на кілька тижнів наперед [15].
- Новітні ML-архітектури також акцентують увагу на явній багатокроковій структурі, наприклад, ансамблі регресійних ланцюжків, що моделюють залежності на різних горизонтах прогнозування замість того, щоб розглядати кожен крок незалежно [16].

Дослідження в галузі глибокого навчання розширюють класичний авторегресійний підхід шляхом вивчення ієрархічних часових представлень безпосередньо з послідовностей, часто інтегруючи багатоджерельні сигнали та просторову структуру.

Рекурентні нейронні мережі (RNN та LSTM) залишаються стандартними базовими моделями завдяки здатності обробляти нелінійну сезонність та короткостроковий імпульс. Вони навчалися на історичних даних разом із кліматичними та демографічними коваріатами для покращення короткострокових прогнозів [17].

Архітектури «Sequence-to-Sequence»: для багатокрокового прогнозування використовуються RNN типу «кодер-декодер», що генерують усю майбутню траєкторію. Додавання механізму уваги допомагає моделі фокусуватися на релевантних історичних вікнах та покращує багатотижневі прогнози [18].

Модель EpiDeer: Використовує міжсезонну схожість, вивчаючи низьковимірні вбудовування (*embeddings*) кривих захворюваності за допомогою глибокого кластеризування. Ці вбудовування застосовуються для прогнозування

початку, піку та майбутньої захворюваності [19]. Просторово-часові глибокі мережі: Поєднують згорткові шари (для виділення просторових ознак) із рекурентними модулями (для часової еволюції) для фіксації географічного взаємозв'язку поширення захворювань [20, 21]. Архітектури на основі Трансформерів (Transformer): Використовують механізм внутрішньої уваги для моделювання довгострокових залежностей. Вони успішно застосовуються для прогнозування сезонного грипу та розширені механізмами злиття декількох джерел даних для фіксації ширших патернів часового поширення вірусу [22].

Відповідно до дослідження [23], інфекції, спричинені вірусом грипу типу А (англ. Influenza A virus, IAV), становлять глобальну загрозу через регулярні сезонні епідемії та пандемії. У цій роботі підкреслюється складність розуміння взаємодії між вірусом та імунною відповіддю організму господаря. Відповідно до результатів математичного моделювання, передача вірусу грипу типу А відбувається під час контакту між інфікованими та сприйнятливими особами.

Проте не всі контакти призводять до інфікування; ймовірність зараження визначається двома основними факторами: рівнем контагіозності (заразності) інфікованої особи та ступенем сприйнятливості контактної особи [24]. З огляду на це, для розробки належних заходів реагування у сфері охорони здоров'я та підготовки до можливих спалахів необхідно насамперед вивчити передумови розвитку грипу типу А та його потенціал щодо провокування світових пандемій. Такий потенціал майбутніх штамів вірусу вимагає ретельного дослідження їхніх генетичних варіантів, динаміки передачі та стратегій лікування [25].

Незважаючи на десятиліття прогресу, широко використовувані підходи в дослідженнях грипу досі мають обмеження, що знижують їхню надійність: традиційний дозорний епідеміологічний нагляд часто є неповним і страждає від затримок у звітності, а це означає, що спостережувані клінічні дані можуть виступати запізненим та зміщеним індикатором справжнього рівня передачі інфекції серед населення [26]. Механістичні моделі передачі інфекції, попри свою інтерпретованість, можуть бути чутливими до структурних припущень і важко ідентифікованих параметрів. Це може призводити до значної невизначеності та

зниження якості прогнозування у випадках, коли дані є розрідженими або нетиповими [27]. Паралельно з цим, підходи на основі даних, які використовують інтернет-активність або інші цифрові сліди, можуть здаватися дуже адаптивними, проте вони залишаються вразливими до змін у суспільній поведінці, увазі засобів масової інформації та алгоритмах платформ. Це яскраво ілюструється добре задокументованими фактами переоцінки показників та нестабільності сервісу Google Flu Trends [28]. Більше того, навіть удосконалені гібридні системи, такі як модель ARGO, залишаються залежними від постійного перекалібрування зовнішніх сигналів для підтримання точності прогнозів [11]. Для подолання цих обмежень дане дослідження має на меті розробити стійку одновимірну модель на базі архітектури Transformer під назвою «HistoFluAFormer» для використання в робочих процесах епідеміологічного нагляду в умовах, коли допоміжні коваріати можуть бути недоступними, надходити із затримкою або виявлятися ненадійними. Модель HistoFluAFormer (Historical Influenza A Focused Transformer for Unified Latent Observation based Forecasting — сфокусований на історичних даних грипу типу

A Трансформер для уніфікованого прогнозування на основі прихованих спостережень) є фреймворком для прогнозування часових рядів на основі архітектури Transformer. Згідно із запропонованим у цій роботі підходом, вона використовує як вхідні дані виключно історичні послідовності показників захворюваності на грип типу А. Модель вивчає часові залежності за допомогою механізму внутрішньої уваги та позиційного кодування для генерування прогнозів на наступний часовий крок безпосередньо на основі попередніх спостережень, не вимагаючи при цьому залучення будь-яких зовнішніх коваріат.

У цій дипломній роботі створено уніфіковане середовище еталонного тестування для проведення всебічного порівняльного оцінювання двох класичних підходів до обробки сезонних часових рядів, ETS та SARIMA, поряд із шістьма архітектурами глибокого навчання. До останніх увійшли проста рекурентна нейронна мережа, LSTM, GRU, BiLSTM, BiGRU та запропонована модель на базі Трансформера, HistoFluAFormer, призначені для щомісячного прогнозування

захворюваності на грип типу А. Усі методи оцінювалися в межах ідентичного плану експерименту, зі спільним періодом навчання, періодом тестування та критеріями оцінювання, що забезпечило об'єктивне та узгоджене порівняння їхньої прогностичної ефективності. Метою роботи було визначення того, наскільки ці моделі здатні генерувати точні, робастні та практично значущі прогнози динаміки грипу типу А, роблячи таким чином внесок у розробку надійніших інструментів для завчасного виявлення майбутніх спалахів захворювання та оцінки пов'язаних із ними ризиків.

1.2 Основні підходи до розробки до розробки програмних систем статистичного аналізу та прогнозування епідеміологічних порогів

Ефективне прогнозування епідеміологічних порогів, зокрема для респіраторних захворювань, таких як грип типу А, є критично важливим завданням для систем охорони здоров'я, що дозволяє своєчасно планувати заходи безпеки та розподіляти ресурси. Традиційні системи епідеміологічного нагляду часто стикаються із неповнотою даних та затримками у звітності. Наприклад, у звітах центрів контролю захворювань типовою є затримка даних щонайменше на один тиждень через процеси збору та агрегації. Це зумовлює необхідність розробки надійних програмних систем прогнозування в реальному часі, здатних генерувати точні предиктивні моделі навіть за умов запізнених або неповних вхідних даних. З точки зору інженерії програмного забезпечення, розробка таких систем еволюціонувала від використання базових статистичних алгоритмів до складних архітектур глибокого навчання (Deep Learning).

Історично програмні системи епідеміологічного аналізу базувалися на класичних статистичних алгоритмах аналізу часових рядів. До базових механістичних моделей відносяться компартментні моделі SIR (Susceptible, Infected, Recovered) та SEIR, які використовують системи звичайних диференціальних рівнянь для моделювання динаміки поширення інфекції. Однак, хоча ці моделі піддаються інтерпретації, вони чутливі до структурних припущень і

можуть призводити до значної невизначеності при роботі з нетиповими або розрідженими даними.

У контексті аналізу часових рядів базовими підходами є:

- Метод експоненційного згладжування Хольта-Вінтерса (ETS): Цей алгоритм забезпечує зрозумілу структуру декомпозиції, в якій спостережуваний часовий ряд представлений через компоненти рівня, тренду та сезонності. Він ефективний для моделювання даних з регулярними річними піками захворюваності.
- Сезонна авторегресійна інтегрована модель ковзного середнього (SARIMA): Моделює як короткострокову часову залежність, так і сезонну структуру за допомогою авторегресійних компонентів, ковзного середнього та диференціювання.

Незважаючи на їхню математичну обґрунтованість, програмні рішення, побудовані виключно на цих класичних алгоритмах, мають суттєві обмеження. Вони демонструють нижчу ефективність у фіксації нелінійної сезонності, нерегулярних сплесків та довгострокових часових залежностей у динаміці інфекційних захворювань.

Зі зростанням обчислювальних потужностей фокус розробки змістився на використання методів машинного навчання, таких як випадкові ліси (Random Forests) та регресія опорних векторів (SVR), які краще справляються з нелінійною динамікою спалахів. Сучасні архітектури систем прогнозування базуються на нейромережових підходах, здатних витягувати ієрархічні часові представлення безпосередньо з послідовностей даних.

Основними компонентами таких програмних систем є рекурентні нейронні мережі (RNN) та їхні вдосконалені варіанти:

- LSTM (Long Short-Term Memory) та GRU (Gated Recurrent Unit): Використовуються для збереження часової інформації на довших послідовностях шляхом контролю потоку інформації через механізми шлюзування. Вони ефективно відтворюють нелінійну сезонність та короткостроковий імпульс.

- Двонаправлені архітектури (BiLSTM, BiGRU): Розширюють базовий підхід шляхом вивчення представлень як з прямого, так і зі зворотного проходження в межах кожного вхідного часового вікна.

Результати тестування показують, що системи на основі глибокого навчання стабільно перевершують традиційні моделі (ARIMA та ETS) в точності завдяки здатності обробляти довгострокові залежності.

Найсучаснішим підходом до розробки систем епідеміологічного прогнозування є впровадження архітектур типу Transformer. На відміну від рекурентних моделей, які обробляють спостереження послідовно, Transformer використовує механізм самоуваги (self-attention) для одночасної оцінки взаємозв'язків між усіма часовими точками в межах вхідного вікна.

Прикладом такої спеціалізованої системи є уніваріантна архітектура (наприклад, HistoFluAFormer), яка використовує виключно історичні послідовності захворюваності. Основні архітектурні особливості цього підходу включають:

- Використання позиційного кодування для збереження часового порядку спостережень.
- Застосування багатоголової самоуваги та шарів прямого поширення (для фіксації як короткострокових, так і довгострокових залежностей).
- Відмову від використання зовнішніх коваріат, що робить систему вкрай надійною у середовищах нагляду, де додаткові дані можуть бути недоступними або запізнюватися.

Такі уваго-орієнтовані моделі демонструють найвищу здатність до узагальнення на нових даних, досягаючи найнижчих показників похибки серед усіх аналізованих підходів.

Розробка повноцінної програмної системи для статистичного аналізу епідеміологічних порогів вимагає чітко структурованого життєвого циклу обробки даних. Робочий процес створення такої системи включає наступні алгоритмічні кроки:

1. Попередня обробка та нормалізація: для стабілізації оптимізації під час навчання нейронної мережі, вхідні часові ряди нормалізуються. Зазвичай

застосовується метод Min-Max нормалізації (MinMaxScaler), який масштабує значення в діапазон від 0 до 1, що зменшує потенційні зміщення (biases).

2. Побудова вікон перекриття (Sliding-window construction): нормалізовані дані перетворюються на набір для керованого навчання. Формуються послідовності, де кожне вхідне вікно містить задану кількість попередніх спостережень (наприклад, 12 місяців), а цільовим значенням виступає наступне спостереження. З інженерної точки зору, ці послідовності часто трансформуються у тензори (наприклад, PyTorch-тензори) для ефективної пакетної обробки.
3. Ініціалізація та налаштування гіперпараметрів: визначаються архітектурні параметри системи: розмірність вбудовування, розмір прихованого шару, кількість голів уваги, швидкість навчання та розмір пакета. Для запобігання перенавчанню впроваджується механізм вибуття на рівні, наприклад, 30%. Налаштування параметрів відбувається виключно на валідаційній вибірці для уникнення витоку даних.
4. Навчання : навчання моделей відбувається протягом певної кількості епох із застосуванням сучасних оптимізаторів, таких як Adam. Функцією втрат найчастіше виступає середньоквадратична похибка (MSE).
5. Оцінка та обернене масштабування: Для формування кінцевого результату прогнозовані нормалізовані значення повертаються до оригінального масштабу через процедуру оберненої нормалізації (inverse scaling).

Для комплексної оцінки якості розробленої системи на етапі тестування використовуються метрики: середня квадратична похибка (MSE), середня абсолютна похибка (MAE), геометрична середня відносна абсолютна похибка (GMRAE) та статистика Theil U1. Оцінка в оригінальному масштабі (за допомогою MAE) та метрики, чутливі до пікових відхилень (MSE), забезпечують всебічне розуміння готовності програмного продукту до впровадження у реальні системи епідеміологічного нагляду.

Програмно-апаратні комплекси, що базуються на уніваріантних архітектурах Transformer та сучасних рекурентних нейромережах, є найбільш перспективним

підходом до розробки систем епідеміологічного прогнозування. Вони ефективно долають обмеження традиційних статистичних методів (ARIMA, ETS), автоматично виявляючи складні нелінійні та часові залежності без потреби у складній зовнішній параметризації. Впровадження таких архітектур у медичні інформаційні системи дозволить суттєво підвищити швидкість і точність реакції органів охорони здоров'я на загрози виникнення епідемій.

1.3 Огляд існуючих програмних рішень та суміжних систем

У сучасній інженерії програмного забезпечення проектування систем епідеміологічного моніторингу та прогнозування опирається на широкий спектр уже існуючих рішень. Ці рішення варіюються від глобальних державних платформ збору медичної статистики до спеціалізованих програмних бібліотек аналізу даних. Проте, архітектурні особливості наявних систем безпосередньо впливають на їхню здатність оперативно реагувати на динамічні зміни епідемічного процесу. Для проектування ефективного програмного комплексу необхідно провести детальний аналіз існуючих підходів, виявити їхні інженерні переваги та системні обмеження. Основними суміжними системами, що виступають первинними джерелами даних для предиктивного аналізу, є централізовані платформи охорони здоров'я. Найбільш відомим прикладом є система епідеміологічного нагляду за грипоподібними захворюваннями (ILI) Центрів контролю та профілактики захворювань США (CDC), зокрема мережа ILINet та інтегрований програмний комплекс FluView.

З погляду програмної архітектури, ці системи функціонують як розподілені транзакційні платформи збору інформації від тисяч медичних установ. Основні етапи їхнього конвеєра даних включають:

- Збір первинних звітів через спеціалізовані медичні інтерфейси та API.
- Агрегацію даних на муніципальному, регіональному та національному рівнях..

Головним архітектурним недоліком таких систем є суттєва затримка даних. Процеси верифікації, очищення та якщо потрібно консолідації медичних звітів займають від одного до двох тижнів. Для систем оперативного інженерного прогнозування використання таких запізнених даних створює проблему "сліпої зони" в реальному часі, що вимагає розробки додаткових аналітичних модулів для компенсації цього часового лагу.

Для вирішення проблеми затримки офіційної статистики свого часу виник напрям розробки програмних систем на основі нетрадиційних джерел інформації (Web-based або Syndromic Surveillance). Яскравим історичним прикладом є платформа Google Flu Trends (GFT), яка аналізувала пошукові запити користувачів у реальному часі для оцінки поширення грипу.

Сучасними аналогами є краудсорсингові системи типу FluNearYou або аналітичні комплекси, що моніторять активність у соціальних мережах та новинних стрічках за допомогою методів обробки природної мови (NLP). Програмна архітектура таких систем базується на потоковій обробці великих обсягів неструктурованих даних за допомогою інструментів типу Apache Kafka або Apache Spark.

Проте інженерний досвід експлуатації GFT показав критичну вразливість таких систем до структурних змін у поведінці користувачів (проблема "інтернет-паніки" або медіа-шуму), що призводило до значного переоцінювання епідеміологічних порогів. Крім того, вони повністю залежать від стабільності зовнішніх API та пошукових алгоритмів компаній-провайдерів, що суперечить принципам автономності та надійності критичного програмного забезпечення.

На рівні безпосередньої алгоритмічної реалізації прогнозування розробники використовують існуючі математичні фреймворки та інструментарії:

- Екосистема мови R (пакети `forecast`, `fable`, `epidemia`): Використовуються для швидкого розгортання класичних статистичних моделей (ARIMA, ETS). Вони мають потужний математичний апарат, проте обмежені в контексті горизонтального масштабування, інтеграції в сучасні веб-сервіси та обробки великих нелінійних залежностей.

Таблиця 1.1 Порівняльна інженерна оцінка підходів за ключовими критеріями розробки

Клас програмних рішень	Основне джерело даних	Архітектурна складність	Стійкість до часового лагу даних	Точність довгострокового прогнозу
Транзакційні медичні платформи (ILINet, FluView)	Офіційна клінічна та лабораторна статистика	Висока (складні ETL-процеси, розподілені БД)	Низька (залежність від швидкості подачі звітів)	Задовільна (орієнтовані більше на моніторинг)
Системи веб-синдикативного аналізу (Google Flu Trends)	Пошукові запити, активність у соцмережах	Середня (пайплайни потокової обробки Big Data)	Висока (аналіз у реальному часі)	Низька (вразливість до інформаційного шуму)
Інтелектуальні системи прогнозування (DL / Transformer)	Універсальні або багатовимірні часові ряди	Висока (нейромережеві конвеєри, тензорні обчислення)	Висока (автоматичне моделювання трендів і лагів)	Висока (ефективна фіксація нелінійної сезонності)

- Фреймворки глибокого навчання (PyTorch, TensorFlow): Дозволяють будувати високонадійні кастомні конвеєри прогнозування на основі рекурентних мереж (LSTM/GRU) та архітектур Transformer. Вони забезпечують найвищу точність, але вимагають ретельного проектування інфраструктури обробки тензорів, оптимізації обчислень на GPU та управління гіперпараметрами.
- Платформа Python (бібліотеки Statsmodels, Meta Prophet): Надають ширші можливості для інженерної інтеграції через REST API. Платформа Prophet автоматизує роботу з пропущеними значеннями та аномаліями, але часто пасує перед складними стохастичними процесами та довгостроковою нелінійною сезонністю епідемій.

Для системного розуміння переваг та недоліків наявних підходів проведено їх порівняльну інженерну оцінку за ключовими критеріями розробки ПЗ.

Проведений огляд показує, що наявні масштабні програмні рішення фокусуються переважно на завданнях збору та ретроспективної візуалізації даних, залишаючи предиктивну аналітику на рівні базових статистичних моделей. У той же час, спроби побудови систем на основі зовнішніх інтернет-даних страждають від низької надійності та чутливості до шумів. Оптимальним інженерним шляхом є проектування автономної предиктивної системи, яка використовує виключно історичні часові ряди офіційної захворюваності, але обробляє їх за допомогою передових архітектур глибокого навчання (зокрема, моделей на базі механізму уваги Transformer). Це дозволить створити стійкий до затримок, масштабований та високоточний програмний інструмент для прогнозування епідеміологічних порогів.

2. ПРОЄКТУВАННЯ ПРОГРАМНОЇ СИСТЕМИ ТА ЇЇ КОМПОНЕНТІВ, ОСНОВНІ ВИКОРСИТОВУВАНІ МЕТОДИ

Розроблено та програмно реалізовано мовою Python (PyTorch/Keras) архітектуру трансформера HistoFluAFormer і п'ять рекурентних нейромереж, а також проведено їх комплексне тестування на реальних статистичних даних США за 2009–2023 роки. У розділі виконано декомпозицію часових рядів, проведено статистичні тести (Манна-Кендалла, Крускала-Волліса, Льюнга-Бокса) та на основі чотирьох метрик доведено математичну перевагу глибокого навчання (зокрема Трансформера з MSE 0.0433) над класичними моделями ARIMA та ETS

2.1 Методи. Джерело даних та роботи. Класичні базові моделі часових рядів: ETS та SARIMA

Вторинні дані щодо випадків захворювання на грип типу А, які включають такі варіанти, як H1N12009 та H7N9, за період із січня 2009 року по грудень 2023 року були отримані з ресурсу Our World in Data та доступні за посиланням <https://ourworldindata.org/influenza>. Ці дані було проаналізовано з використанням традиційних моделей часових рядів ARIMA та ETS, трьох варіантів однонаправлених рекурентних нейронних мереж: простої RNN, LSTM та GRU, двох варіантів двонаправлених рекурентних нейронних мереж: BiLSTM та BiGRU, а також архітектури Трансформер.

Зафіксована кількість щомісячних випадків захворювання на грип типу А охоплює всі типи епідеміологічного нагляду за цим захворюванням, включно з інфекційними хворобами, викликаними штамом А підтипів H1N12009, H3N2 та H7N9. Щомісячні показники із січня 2009 року по грудень 2022 року загальною тривалістю 168 місяців використовувалися для навчання традиційних моделей та моделей глибокого навчання. Водночас щомісячні показники із січня 2023 року по грудень 2023 року тривалістю 12 місяців застосовувалися для тестування точності восьми розглянутих моделей.

Було виконано налаштування гіперпараметрів кожної моделі глибокого навчання на основі їхніх програмних реалізацій у бібліотеці Keras. Повна специфікація моделей глибокого навчання після налаштування гіперпараметрів представлена в Таблиці 1. Статистичний аналіз та розрахунки проводилися з використанням мови програмування R версії 4.5.0 та середовища Jupyter для мови програмування Python. Усі обчислювальні процеси виконувалися на апаратній системі, оснащій процесором 12-го покоління Intel Core i7-1260P із тактовою частотою 2.10 гігагерца та 64.0 гігабайтами оперативної пам'яті, з яких для використання доступно 63.7 гігабайта.

Таблиця 2.1 Повна специфікація архітектури моделей Simple RNN, LSTM, GRU, BiLSTM, BiGRU та Transformer для прогнозування грипу А після налаштування гіперпараметрів.

Гіперпараметри	Проста RNN	LSTM	GRU	BiLSTM	BiGRU	Трансформер
Кількість вузлів	64	64	64	64	64	64
Кількість шарів	4	4	4	4	4	4
Розмір пакету	32	32	32	16	16	32
Функція активації	Сигмоїдальна	Tanh	ReLU	Tanh	Tanh	ReLU
Кількість епох	50	50	50	50	50	50
Швидкість навчання	0.001	0.01	0.01	0.001	0.001	0.001
Оптимізатор	RMSprop	Adam	SGD	Adam	Adam	Adam
Коефіцієнт відсіву	0.3	0.3	0.3	0.3	0.3	0.3
Коефіцієнт рекурентного відсіву	Немає	Немає	Немає	Немає	Немає	-
Кількість голів уваги	-	-	-	-	-	3
Розмірність мережі прямого поширення	-	-	-	-	-	128
Довжина вхідної послідовності	12	12	12	12	12	12
Найкраща середньоквадратична помилка валідації	0.0009	0.0006	0.0003	0.0004	0.0005	-

Перед побудовою моделей часовий ряд захворюваності на грип типу А було перевірено на наявність базових структурних властивостей, релевантних для прогнозування часових рядів. Для аналізу довгострокової динаміки, повторюваних внутрішньорічних патернів та нерегулярних коливань використовувалися описові зведення, сезонні візуалізації та адитивна декомпозиція. Крім того, для оцінки трендів і сезонності в щомісячній кількості випадків захворювання застосовувалися непараметричні критерії. Ці попередні етапи аналізу були включені до роботи з метою обґрунтування використання сезонних статистичних моделей та підтвердження необхідності застосування алгоритмів, здатних вивчати нелінійні часові залежності.

Як класичні еталонні алгоритми розглядалися метод експоненційного згладжування Холта-Вінтерса та сезонна модель SARIMA. Модель ETS було включено до цієї дипломної роботи, оскільки вона забезпечує інтерпретований фреймворк прогнозування на основі декомпозиції, в якому спостережуваний часовий ряд представлено через компоненти рівня, тренду та сезонності. Це робить архітектуру ETS природною базовою лінією для щомісячних даних щодо грипу типу А, де очікуються повторювані сезонні піки.

Модель SARIMA використовувалася як основний статистичний авторегресійний еталон, оскільки вона явно моделює як короткострокову часову залежність, так і сезонну структуру за допомогою компонентів авторегресії, ковзного середнього та взяття різниць. Це сімейство моделей є особливо придатним, коли спостережуваний часовий ряд демонструє річну періодичність і потребує сезонного диференціювання або структури із сезонним лагом.

2.2. Базові моделі глибокого навчання: проста RNN, LSTM, GRU, BiLSTM та BiGRU

Для порівняння запропонованого Трансформера HistoFluAFormer із поширеними неймережевими моделями обробки послідовностей ми також реалізували архітектури простої RNN, LSTM, GRU, BiLSTM та BiGRU. Ці моделі

були обрані, оскільки вони відображають еволюцію від базової рекурентної пам'яті до вентиляного рекурентного навчання та двонаправленого часового кодування. Рекурентні базові лінії: проста RNN слугує мінімальною рекурентною базовою лінією, тоді як моделі LSTM та GRU розроблені для кращого збереження часової інформації в довших послідовностях за рахунок контролю інформаційного потоку за допомогою вентиляних механізмів.

Двонаправлені моделі: двонаправлені варіанти розширюють цей підхід, вивчаючи представлення як під час прямого, так і під час зворотного часового проходження в межах кожного вхідного вікна. Повні математичні виведення, рівняння оновлення та визначення прихованих станів для архітектур RNN, LSTM, GRU, BiLSTM та BiGRU наведено далі. Архітектуру Трансформер було включено як модель глибокого навчання на основі механізму уваги для прогнозування щомісячних випадків захворювання на грип типу А.

На відміну від рекурентних моделей, які обробляють спостереження послідовно, Трансформер використовує механізм внутрішньої уваги для одночасного оцінювання взаємозв'язків між усіма часовими точками в межах вхідного вікна. Це робить його придатним для виявлення як короткострокових сезонних коливань, так і довгострокових часових залежностей у часових рядах поширення інфекційних захворювань. Детальний математичний опис архітектури Трансформер та механізму уваги наведено в джерелі [29]. На Рис. 2.1 представлено моделі часових рядів, застосовані в цій дипломній роботі, які відсортовано за рівнем складності.



Рисунок 2.1 – Моделі часових рядів, використані в дослідженні, ранжовані за складністю

2.3. Пропонована архітектура трансформера: HistoFluAFormer

Запропонована модель HistoFluAFormer є одновимірним фреймворком на базі Трансформера, розробленим спеціально для щомісячного прогнозування захворюваності на грип типу А з використанням виключно історичних послідовностей кількості випадків. На відміну від моделей, які покладаються на екзогенні предиктори, ця архітектура вивчає часову структуру безпосередньо з попередніх значень захворюваності. Вона використовує позиційне кодування для збереження часового порядку та механізм внутрішньої уваги для фіксації як короткострокових, так і довгострокових залежностей у межах фіксованого історичного вікна.

Такий дизайн є особливо корисним в умовах епідеміологічного нагляду, де допоміжні коваріати можуть бути недоступними, надходити із затримкою або бути ненадійними. З операційної точки зору, модель спочатку нормалізує одновимірний ряд, перетворює його на послідовності з перекриттям за методом ковзного вікна, переводить кожен послідовність у простір ознак Трансформера, а потім пропускає отримане представлення через складені шари кодера з багатоголовою внутрішньою увагою та підшарами нейронної мережі прямого поширення.

Кінцеве приховане представлення останнього часового кроку відображається на наступне спостереження, а отримані прогнози повертаються до початкового масштабу за допомогою зворотного математичного перетворення. Робоча архітектура моделі HistoFluAFormer, застосована в цій дипломній роботі, наведена в Алгоритмі 1.

В Алгоритмі 1 узагальнено повний конвеєр навчання та прогнозування для запропонованої моделі HistoFluAFormer. Процедура розпочинається з нормалізації вихідного одновимірного часового ряду захворюваності на грип типу А за методом мінімального-максимального значень, щоб усі спостереження знаходилися на спільній числовій шкалі. Цей крок стабілізує процес оптимізації під час навчання нейронної мережі. Далі нормалізована послідовність перетворюється на набір даних для навчання з учителем за допомогою механізму ковзного вікна: кожне вхідне вікно містить попередні L спостережень, а відповідним цільовим значенням є наступне спостереження, що йде безпосередньо за цим вікном.

Алгоритм 1: Повна робоча архітектура моделі HistoFluAFormer.

Вхідні дані: Часовий ряд $\{x_t\}_{t=1}^T$, розмір вікна L , коефіцієнт розділення на навчальну вибірку ρ

Вхідні дані: N шарів, розмірність d , кількість голів уваги h , розмірність мережі прямого поширення d_f , коефіцієнт відсіву p ; кількість епох E , розмір пакету B , швидкість навчання η

Вихідні дані: Навчені параметри Θ та прогнози $\{\hat{x}_{t+1}\}$

Крок 1 (Нормалізація за мінімальним та максимальним значеннями).

$$x_{\min} \leftarrow \min_t x_t, \quad x_{\max} \leftarrow \max_t x_t, \quad z_t \leftarrow \frac{x_t - x_{\min}}{x_{\max} - x_{\min}}$$

Крок 2 (Формування вибірки для навчання з учителем за методом ковзного вікна).

Для $i \leftarrow 1$ до $T - L$ виконати:

$$s_i \leftarrow [z_i, \dots, z_{i+L-1}]^T, \quad y_i \leftarrow z_{i+L}$$

Сформуувати набір (\mathbf{S}, \mathbf{y}) та розділити його на навчальну і тестову вибірки з використанням ρ .

Крок 3 (Ініціалізація моделі).

Встановити $d_k = d/h$ та ініціалізувати:

$$\Theta = \{W_{in}, b_{in}, P, W_{out}, b_{out}, (W_Q^{\ell,r}, W_K^{\ell,r}, W_V^{\ell,r})_{\ell,r}, (W_O^\ell, W_1^\ell, W_2^\ell)_\ell\}$$

Крок 4 (Навчання).

Для $epoch \leftarrow 1$ до E виконати:

- Для кожного міні-пакету (X, Y) розміром B виконати:

$$H \leftarrow XW_{in} + b_{in} + P$$

– Для $\ell \leftarrow 1$ до N виконати:

* Для $r \leftarrow 1$ до h виконати:

$$Q \leftarrow HW_Q^{\ell,r}, \quad K \leftarrow HW_K^{\ell,r}, \quad V \leftarrow HW_V^{\ell,r}$$

$$\text{head}^{\ell,r} \leftarrow \text{softmax} \left(\frac{QK^T}{\sqrt{d_k}} \right) V$$

$$\tilde{H} \leftarrow \text{LayerNorm}(H + \text{Concat}(\text{head}^{\ell,1}, \dots, \text{head}^{\ell,h})W_O^\ell)$$

$$H \leftarrow \text{LayerNorm}(\tilde{H} + \phi(\tilde{H}W_1^\ell)W_2^\ell)$$

$$\hat{Y} \leftarrow H_{[:,L,:]}W_{out} + b_{out}$$

$$\mathcal{L}(\Theta) \leftarrow \frac{1}{B} \sum_{i=1}^B (\hat{Y}_i - Y_i)^2, \quad \Theta \leftarrow \text{Adam}(\Theta, \nabla_{\Theta} \mathcal{L}(\Theta), \eta)$$

Крок 5 (Зворотне масштабування для остаточних прогнозів).

$$\hat{x}_t \leftarrow \hat{z}_t(x_{\max} - x_{\min}) + x_{\min}$$

Реалізація алгоритму моделі HistoFluAFormer мовою Python з використанням популярної бібліотеки для глибокого навчання PyTorch. Код повністю відтворює п'ять кроків, описаних у математичному алгоритмі є така:

Лістинг 1: Реалізація архітектури моделі HistoFluAFormer мовою Python

```

1 import torch
2 import torch.nn as nn
3 import torch.optim as optim
4 from torch.utils.data import TensorDataset, DataLoader
5 import numpy as np
6
7 #           1           2:
8 def prepare_data(x, L, rho, batch_size):
9     x_min = np.min(x)
10    x_max = np.max(x)
11    z = (x - x_min) / (x_max - x_min)
12
13    S, Y = [], []
14    for i in range(len(z) - L):
15        S.append(z[i : i + L])
16        Y.append(z[i + L])
17
18    S = torch.tensor(S, dtype=torch.float32).unsqueeze(-1)
19    Y = torch.tensor(Y, dtype=torch.float32).unsqueeze(-1)
20
21    train_size = int(len(S) * rho)
22    train_dataset = TensorDataset(S[:train_size], Y[:train_size])
23    train_loader = DataLoader(train_dataset, batch_size=batch_size, shuffle=
... True)
24
25    return train_loader, x_min, x_max
26
27 #           3:
28 class HistoFluAFormer(nn.Module):
29     def __init__(self, L, d, h, d_f, N, p=0.3):
30         super(HistoFluAFormer, self).__init__()
31         self.W_in = nn.Linear(1, d)
32         self.P = nn.Parameter(torch.randn(1, L, d))
33
34         encoder_layer = nn.TransformerEncoderLayer(
35             d_model=d, nhead=h, dim_feedforward=d_f, dropout=p, batch_first=
True
36         )
37         self.transformer = nn.TransformerEncoder(encoder_layer, num_layers=N
)
38         self.W_out = nn.Linear(d, 1)
39

```

```

40     def forward(self, X):
41         H = self.W_in(X) + self.P
42         H = self.transformer(H)
43         last_H = H[:, -1, :]
44         Y_hat = self.W_out(last_H)
45         return Y_hat
46
47 #         4:
48 def train_model(model, train_loader, epochs, lr):
49     optimizer = optim.Adam(model.parameters(), lr=lr)
50     criterion = nn.MSELoss()
51
52     model.train()
53     for epoch in range(epochs):
54         for X_batch, Y_batch in train_loader:
55             optimizer.zero_grad()
56
57             Y_hat = model(X_batch)
58             loss = criterion(Y_hat, Y_batch)
59             loss.backward()
60             optimizer.step()
61
62 #         5:
63 def inverse_scaling(z_hat, x_min, x_max):
64     return z_hat * (x_max - x_min) + x_min

```

Після розділення даних на навчальну та тестову вибірки ініціалізуються параметри моделі, зокрема проєкція вхідних даних, позиційне кодування, ваги уваги, шари мережі прямого поширення та вихідний шар. Під час навчання кожен вхідний пакет перетворюється на вбудовування, доповнюється позиційною інформацією та пропускається через складені блоки кодера Трансформера.

У межах кожного блоку багатоголова внутрішня увага обчислює контекстуалізовані представлення, визначаючи, наскільки сильно кожна часова точка у вхідному вікні повинна зважати на кожен іншу часову точку. Отримане представлення уточнюється за допомогою залишкових з'єднань (, нормалізації шару та перетворень мережі прямого поширення. Кінцеве приховане представлення на останній вхідній позиції проєктується для прогнозування наступного нормалізованого значення. Модель навчається шляхом мінімізації пакетної середньоквадратичної помилки з використанням оптимізатора Adam, після чого остаточні прогнози повертаються до вихідної шкали кількості випадків захворювання шляхом зворотної нормалізації.

На відміну від рекурентних базових ліній, Алгоритм 1 формалізує конвеєр прогнозування на основі механізму уваги, що складається виключно з кодера. Цей

конвеєр вивчає часові залежності безпосередньо з історичних вікон захворюваності, не вимагаючи використання зовнішніх коваріат, що робить цей фреймворк особливо придатним для умов епідеміологічного нагляду із затримкою надходження або відсутністю допоміжних даних.

2.4. Розгортання моделі HistoFluAFormer. Навчання моделей, налаштування гіперпараметрів та реалізація моделей RNN, LSTM, GRU, BiLSTM та BiGRU. Метрики оцінки прогнозів та порівняння моделей

Модель HistoFluAFormer була розгорнута шляхом масштабування кількості випадків захворювання на грип типу А в діапазоні від 0 до 1 для забезпечення оптимальної роботи моделі глибокого навчання; у цій дипломній роботі використовувався метод масштабування за мінімальним та максимальним значеннями. Таке налаштування гарантує, що модель отримує нормалізовані дані, тим самим зменшуючи потенційні зміщення. Далі масштабовані дані часових рядів було перетворено на послідовності, які здатна обробляти архітектура Трансформер.

На цьому етапі було визначено функцію, яка приймає довжину послідовності як вхідний параметр і формує з даних підпослідовності з перекриттям. Кожна послідовність складається із заданої кількості послідовних точок даних, наприклад, 12 місяців спостережень за захворюваністю на грип типу А, за якими йде наступна точка, що слугує цільовим значенням для прогнозування. Потім ці послідовності були перетворені на тензори фреймворку PyTorch, оскільки вони мали використовуватися в моделі Трансформер, розробленій за допомогою цієї ж бібліотеки.

Для побудови моделі було застосовано ретельне налаштування гіперпараметрів, що дозволило отримати їхні найкращі значення: розмірність вбудовування 64, розмір прихованого шару мережі прямого поширення 128, коефіцієнт відсіву 30 відсотків, кількість епох 50, швидкість навчання 0.001, кількість голів уваги 3, кількість шарів 4, розмір пакету 32 тощо. Навчання

проводилося з використанням оптимізатора Adam та середньоквадратичної помилки як функції втрат протягом багатьох епох за допомогою завантажувача даних. Такий підхід слугує подвійній меті: максимізації ефективності навчання та одночасному калібруванню ваг моделі для мінімізації помилок прогнозування. Насамкінець, продуктивність моделі Трансформер оцінювалася шляхом порівняння прогнозованих і фактичних значень, а також обчислення таких метрик помилок, як середньоквадратична помилка, середня абсолютна помилка, геометрична середня відносна абсолютна помилка та коефіцієнт нерівності Тейла U_1 .

У цій дипломній роботі було виконано налаштування гіперпараметрів різних мереж глибокого навчання: простої рекурентної нейронної мережі, LSTM, GRU, BiLSTM та BiGRU, з метою аналізу даних щодо випадків захворювання на грип типу А. Метою є зменшення середньоквадратичної помилки на валідаційному наборі даних та покращення здатності моделі до узагальнення на нових невідомих даних. Ми протестували різну кількість вузлів: 16, 32, 64, 128, 256, 512; функції активації: ReLU, Tanh, сигмоїдальну; швидкості навчання: 0.001, 0.01, 0.1; оптимізатори: Adam, RMSprop, SGD; а також розміри пакету: 16, 32, 64, 128.

Кожна конфігурація була побудована на основі тришарової послідовної моделі, що включає відсів на рівні 30 відсотків для зменшення перенавчання та повнозв'язний шар із розподілом у часі для формування виходу. Навчання проводилося з виділенням 20 відсотків даних для валідації протягом 50 епох для всіх моделей. Налаштування гіперпараметрів здійснювалося з використанням виключно валідаційних даних, щоб уникнути їх витоку. Найкращі гіперпараметри були обрані відповідно до мінімального значення середньоквадратичної помилки валідації. Повні деталі налаштування гіперпараметрів моделей глибокого навчання, які розглядаються в цій роботі, наведено в Таблиці 1.1.

Продуктивність моделі оцінювалася за допомогою середньоквадратичної помилки, середньої абсолютної помилки, геометричної середньої відносної абсолютної помилки та статистики Тейла $U_1(\tau)$. Ці метрики були обрані для фіксації взаємодоповнюючих аспектів якості прогнозування: середня абсолютна

помилка відображає абсолютну помилку у вихідному масштабі, середньоквадратична помилка надає більшої ваги значним промахам під час пікових періодів, а геометрична середня відносна абсолютна помилка разом зі статистикою Тейла U1 забезпечують відносні міри точності прогнозу.

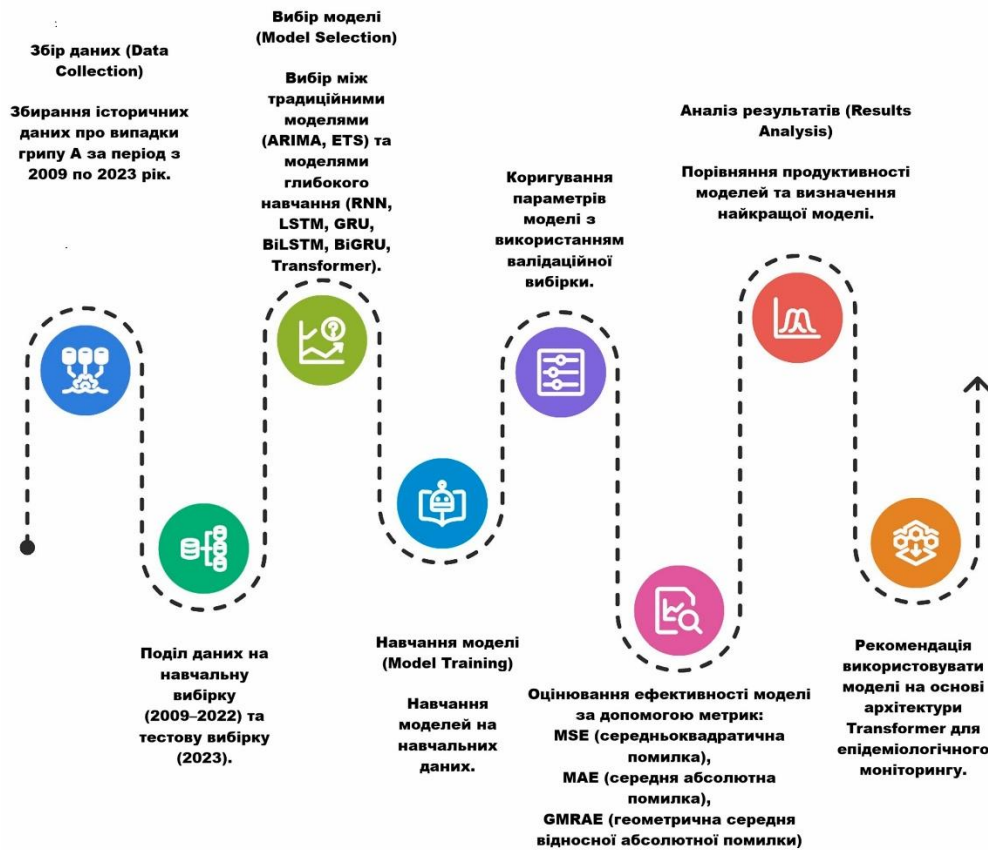


Рисунок 2.2 – Робочий процес прогнозування моделі HistoFluAFormer.

Корінь із середньоквадратичної помилки було вилучено з розгляду, оскільки він є монотонним перетворенням середньоквадратичної помилки, а метрик на основі відсотків уникали через їхню можливу нестабільність у випадках, коли спостережувані значення наближаються до нуля. Формули для обчислення наведені у виразах (2.1)–(2.4):

$$\text{MAE} = \frac{1}{n} \sum_{t=1}^n |y_t - \hat{y}_t|, \quad (2.1)$$

$$\text{MSE} = \frac{1}{n} \sum_{t=1}^n (y_t - \hat{y}_t)^2, \quad (2.2)$$

$$\text{GMRAE} = \exp\left(\frac{1}{n} \sum_{t=1}^n \ln\left(\left|\frac{y_t - \hat{y}_t}{y_t}\right|\right)\right), \quad (2.3)$$

$$\tau = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{t=1}^n \varepsilon_t^2} \div \left(\sqrt{\frac{1}{n} \sum_{t=1}^n y_t^2} + \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{t=1}^n \hat{y}_t^2} \right), \quad (2.4)$$

де y_t - фактична кількість випадків захворювання на грип типу А, \hat{y}_t - прогнозована кількість випадків захворювання на грип типу А, а $y_t - \hat{y}_t = \varepsilon_t$ - помилки прогнозу. Діапазон значень становить $0 \leq \tau \leq 1$, причому $\tau \approx 0$ означає добре припасування моделі до даних, а $\tau \approx 1$ вказує на погане припасування моделі до даних. На Рис. 2.2 представлено робочий процес, прийнятий для цього дослідження.

Цей процес починається зі збору щомісячних даних щодо захворюваності на грип типу А та їхньої попередньої обробки шляхом масштабування і формування вибірки для навчання з учителем за допомогою методу ковзного вікна. Отримані вхідні послідовності потім використовуються для навчання запропонованої архітектури Трансформер, яка поєднує позиційне кодування, багатоголову внутрішню увагу, шари мережі прямого поширення та залишкову нормалізацію для моделювання часової залежності та генерації прогнозів на один крок уперед. Згодом результати роботи моделі порівнюються зі спостережуваними значеннями та оцінюються з використанням середньоквадратичної помилки, середньої абсолютної помилки, геометричної середньої відносної абсолютної помилки та статистики Тейла U1 для подальшої інтерпретації та розгортання.

2.5. Тестування системи. Розкладання тимчасових рядів випадків грипу А

Для аналізу сезонності та тренду у кількості випадків захворювання на грип типу А ми застосували метод адитивної декомпозиції часового ряду, щоб розкласти його на трендову, сезонну та залишкову (нерегулярну) компоненти, як показано на Рисунку 2.3. Цей підхід є необхідним для розуміння того, як кількість випадків

захворювання на грип типу А коливається з часом протягом року, висвітлюючи будь-які повторювані закономірності, що виникають на сезонній основі.

Трендова компонента фіксує довгострокову динаміку кількості випадків захворювання на грип типу А з плином часу, показуючи, як змінюється рівень активності цього захворювання без урахування сезонних коливань та нерегулярних змін. Сезонна компонента виявляє повторювані патерни в межах кожного року, виділяючи періоди вищої або нижчої активності вірусу. Ця складова є особливо важливою для розуміння того, коли кількість випадків захворювання зазвичай досягає піку або знижується протягом року, що є критично важливим для планування у сфері охорони здоров'я та розробки стратегій медичного втручання. Залишки репрезентують нерегулярності, які неможливо пояснити трендовою або сезонною компонентами. Це можуть бути випадкові або несистематичні коливання, які модель не фіксує, можливо, через зовнішні чинники (такі як температура, вологість, забруднення повітря тощо), що не були включені до аналізу.

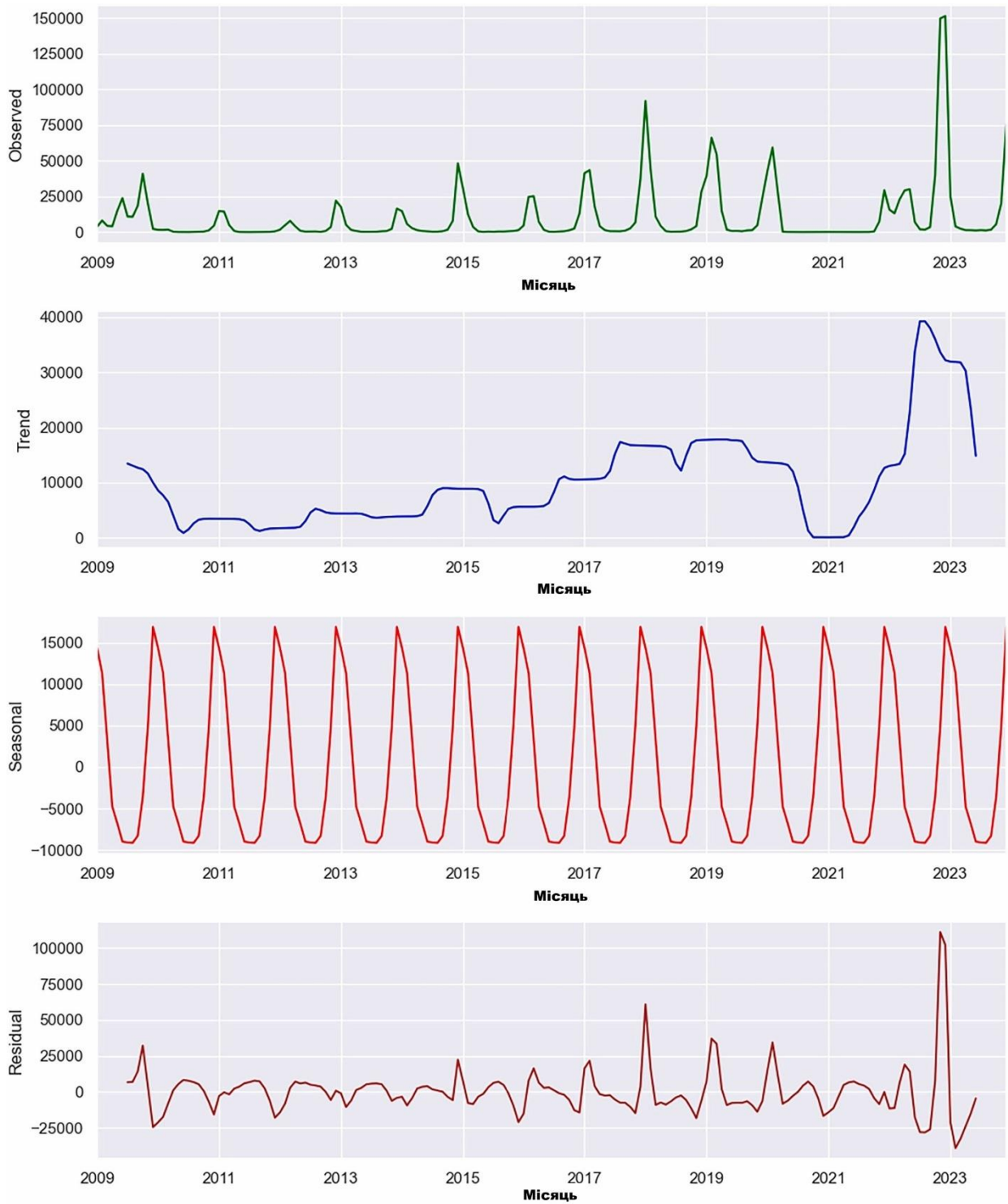


Рисунок 2.3 – Розкладання ряду вірусів грипу А на тренд, сезонність та залишкові явища.

З Рисунка 2.3 видно, що випадки захворювання на грип типу А демонструють чіткі сезонні закономірності, ймовірно, досягаючи піку в холодні місяці, коли респіраторні інфекції поширюються легше. Трендова компонента вказує на мінливу траєкторію кількості випадків з плином часу, на яку може впливати низка

факторів, зокрема заходи у сфері охорони здоров'я, рівень колективного імунітету населення та поява нових штамів грипу типу А. Компонента залишків свідчить про те, що хоча модель фіксує значну частину варіативності у статистиці захворюваності, деякі аномалії та нерегулярності залишаються непоясненими, що підкреслює складну природу динаміки поширення вірусу та потенційний вплив зовнішніх факторів. Ця декомпозиція забезпечує критично важливе розуміння поведінки захворюваності з плином часу, наголошуючи на важливості сезонності в осмисленні та управлінні поширенням грипу типу А. Такі висновки можуть стати підґрунтям для цілеспрямованих заходів реагування у сфері охорони здоров'я та кампаній з вакцинації, метою яких є пом'якшення наслідків сезонних піків захворюваності.

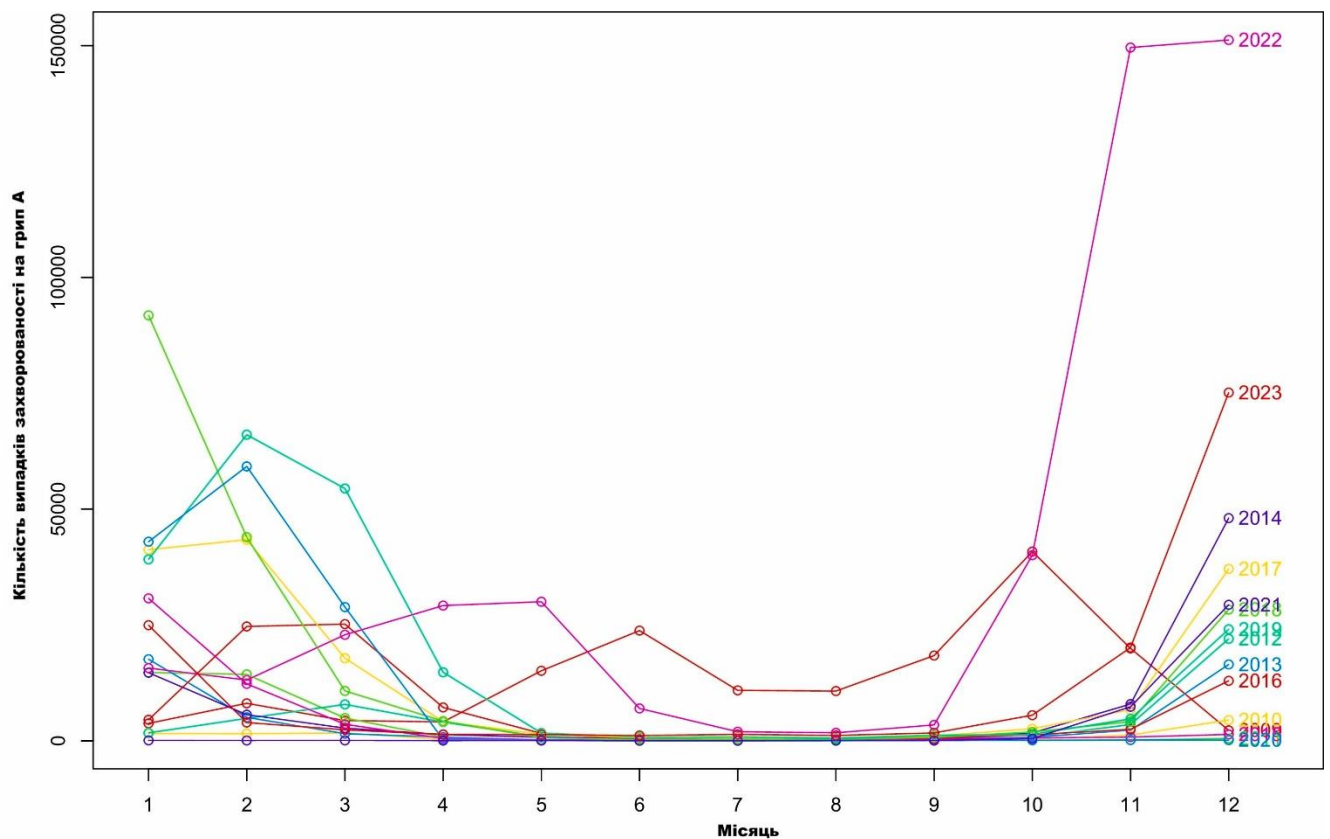


Рисунок 2.4 – Сезонний графік випадків грипу А в США.

На Рисунку 2.4 показано кількість випадків захворювання на грип типу А, що реєструвалися щомісяця з січня 2009 року по грудень 2023 року. Кожна лінія відповідає окремому року; для зручності ідентифікації лінії позначено різними кольорами та підписано відповідним роком. З Рисунку 4 можна спостерігати

сезонну закономірність захворюваності на грип типу А, причому пікові значення зазвичай припадають на холодні місяці наприкінці року та в перші місяці наступного. Цей сезонний тренд узгоджується з очікуваною поведінкою спалахів грипу типу А, які зазвичай досягають максимуму в холодні місяці, коли люди з більшою ймовірністю перебувають у приміщеннях і в тісному контакті одне з одним [30].

Варто зазначити, що 2022 та 2023 роки виділяються своїми специфічними закономірностями. У 2022 році спостерігався різкий стрибок кількості випадків, що розпочався в листопаді й досяг надзвичайно високого піку в грудні, значно перевищивши показники попередніх років. Цей сплеск вказує на значний спалах або, можливо, на зниження колективного імунітету в популяції в той період. Натомість 2023 рік демонструє дещо пізніший початок зростання кількості захворювань із різким підйомом, що розпочався у жовтні, що вказує на можливу затримку початку сезонного спалаху або на відмінності в динаміці передачі вірусу. Отже, Рисунок 2.4 ілюструє мінливість кількості випадків захворювання на грип типу А з плином часу з акцентом на сезонну природу хвороби та виняткові спалахи у 2022 і 2023 роках.

Таблиця 2.2. Критерій Манна-Кендалла на наявність тренду.

Тест	Статистика тесту	p-значення
Тау Кендалла	0.065	0.195

Таблиця 2.3. Критерій сезонності Крускала-Волліса.

Тест	Статистика тесту	p-значення
Крускала-Волліса	65.091	0.000

Таблиця 2.4. Описова статистика кількості випадків захворювання на грип типу А.

Мінімум	Перший кuartиль	Медіана	Середнє значення	Третій кuartиль	Максимум
12	344	1544	10286	10800	151234

Для перевірки можливої наявності тренду в цій дипломній роботі було застосовано критерій Манна-Кендалла. З Таблиці 2.2 видно, що результати цього тесту вказують на дуже слабкий позитивний тренд у спостереженнях, але р-значення свідчить про те, що цей тренд не є статистично значущим на п'ятивідсотковому рівні значущості. Отже, ми не маємо достатніх доказів для висновку про наявність значущого тренду в статистиці захворюваності на грип типу А.

Критерій сезонності Крускала-Волліса було застосовано для підтвердження наявності сезонності, як це впливало з Рисунка 2.4. Оскільки ми припускали наявність щомісячної сезонності, вибірку було поділено на 12 груп, по одній для кожного місяця. З Таблиці 2.3 видно, що критерій Крускала-Волліса вказує на наявність сезонних коливань, оскільки відповідне р-значення (0.000) є нижчим за заздалегідь визначений поріг значущості (0.05). Таке низьке р-значення свідчить про суттєві відмінності між групами, що підтверджує наявність сезонності. Це підтверджує необхідність використання сезонної моделі ARIMA для моделювання випадків захворювання на грип типу А.

З Таблиці 2.4 видно, що описова статистика випадків захворювання на грип типу А виявляє широкий спектр кількості хворих: від мінімуму в 12 до максимуму в 151 234 випадки. Розподіл зміщений у бік меншої кількості захворювань, при цьому перший кuartиль становить 344. Медіанна кількість випадків становить 1544, що підкреслює той факт, що половина спостережень знаходиться нижче цієї позначки. Однак середня кількість випадків суттєво зростає і становить 10 286, що вказує на присутність викидів або кількох епізодів із надзвичайно високими показниками захворюваності, які завищують середнє значення. Це додатково підтверджується значенням третього кuartиля на рівні 10 800.

Значний розрив між максимальною кількістю випадків та іншими описовими мірами викликає підозру щодо наявності екстремальних значень у масиві показників. Це вказує на те, що хоча більшість показників захворюваності на грип типу А мають помірні значення, трапляються рідкісні, але масштабні спалахи, які кардинально перевищують типові рівні.

2.6 Аналіз моделі експонентного згладжування Холта-Вінтерса. Оцінка моделі експонентного згладжування Холта-Вінтерса.

Оскільки часовий ряд захворюваності на грип типу А демонструє сезонність (що було встановлено за допомогою критерію Крускала-Волліса), ми спочатку застосовуємо метод експоненційного згладжування Хольта-Вінтерса для моделювання цього ряду. З Рисунка 2.5 видно, що експоненційний метод Хольта-Вінтерса є дуже успішним у прогнозуванні більшості сезонних піків, які зазвичай відбуваються протягом останнього кварталу кожного року. Оцінені значення параметрів альфа, бета та гамма становлять 0.887, 0.000 та 1.000 відповідно, як це видно з Таблиці 2.5.

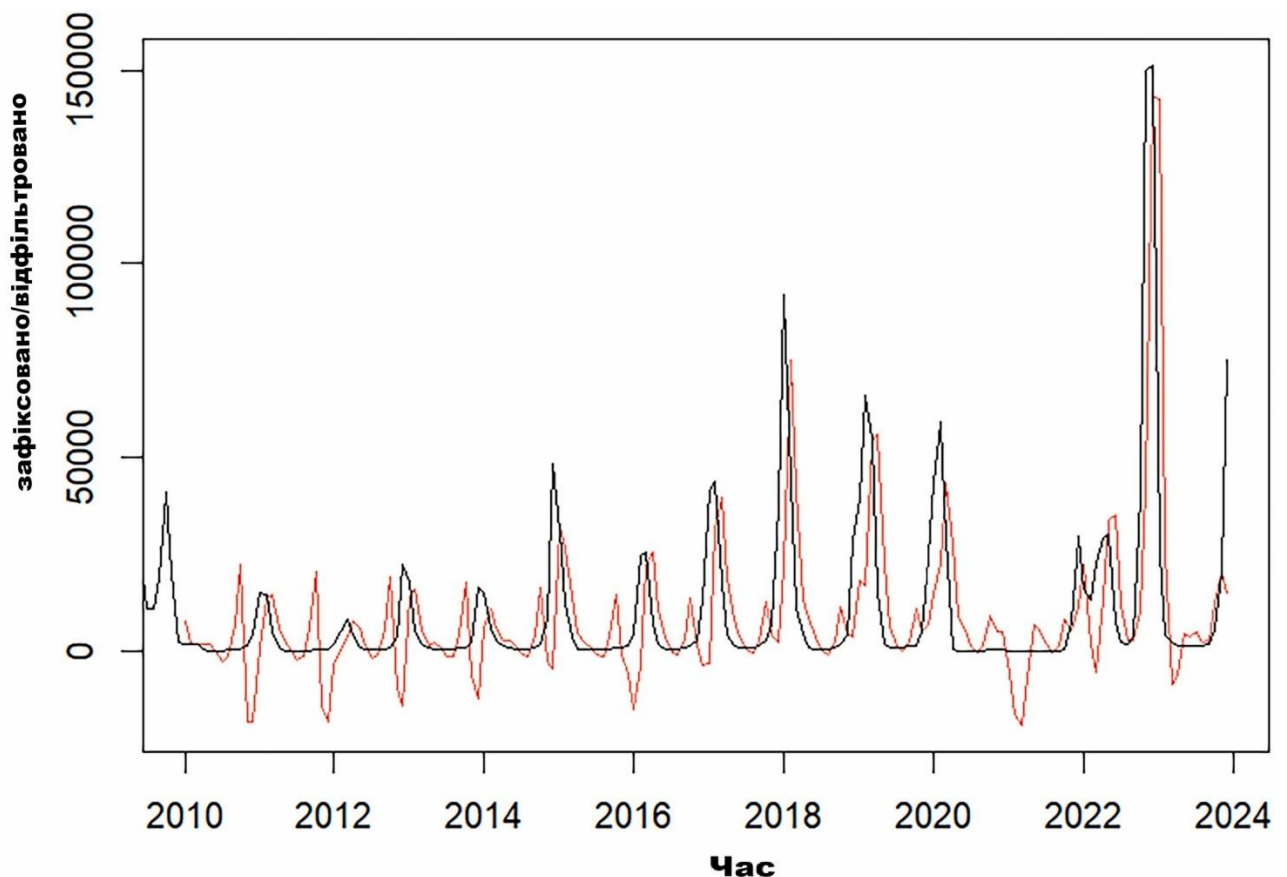


Рисунок 2.5 – Фільтраційний графік Холта-Вінтерса для випадків грипу А в США.

Значення параметра альфа ($\alpha = 0.887$) є відносно високим, що вказує на те, що оцінка компоненти рівня в поточний момент часу ґрунтується виключно на найсвіжіших спостереженнях. Значення параметра бета становить ($\beta = 0.000$), що свідчить про те, що нахил b трендової компоненти не змінюється впродовж усього часового ряду і залишається на своєму початковому рівні. Це є цілком логічним, оскільки, незважаючи на те, що базовий рівень суттєво змінюється впродовж часового ряду, нахил b трендової компоненти залишається відносно постійним. Натомість значення параметра гамма ($\gamma = 1.000$) є надзвичайно високим, що свідчить про те, що оцінка сезонної компоненти в поточний момент часу також ґрунтується виключно на найостанніших спостереженнях, подібно до компоненти рівня.

Таблиця 2.5. Параметри експоненційного згладжування Хольта-Вінтерса

Параметр	Alpha	Beta	Gamma	Level	Slope	s1
Значення	0.887	0.000	1.000	44499.267	-1207.435	2758.229
Параметр	s2	s3	s4	s5	s6	s7
Значення	2066.236	-8292.859	-14998.426	-11105.509	-7941.158	-3359.326
Параметр	s8	s9	s10	s11	s12	
Значення	-1313.436	1109.829	12015.127	27954.174	30647.733	

Таблиця 2.6. Критерії Льюнга-БоксаЛіллієфорса та Голдфельда-Квандта для моделі ETS

Часовий ряд	Ljung-Box (x^2)	Ljung-Box (p-значення)	Lilliefors (x^2)	Lilliefors (p-значення)	Goldfeld-Quandt (Статистика)	Goldfeld-Quandt (p-значення)
Грип типу А	111.581	0.000	0.207	0.000	4.535	0.000

Ми досліджуємо, чи можна покращити прогностичну модель, перевіряючи, чи виявляють помилки прогнозу всередині вибірки ненульові автокореляції на лагах 1–24 за допомогою критерію Льюнга-Бокса, чи є залишки нормально розподіленими за допомогою критерію Ліллієфорса та чи мають вони постійну

дисперсію за допомогою критерію гомоскедастичності Голдфельда-Квандта. З Таблиці 6 видно, що р-значення для критерію Льюнга-Бокса становить 0.000, що вказує на наявність достатніх доказів ненульових автокореляцій на лагах 1–24. Це викликає занепокоєння щодо якості моделі. Далі ми перевіряємо припущення моделі щодо нормальності та постійної дисперсії. Також, зважаючи на р-значення 0.000 у Таблиці 2.6, ми можемо зробити висновок, що залишки моделі експоненційного згладжування не є нормально розподіленими. Аналогічно, з Таблиці 6 можна зробити висновок, що дисперсія залишків цієї моделі не є постійною. Отже, зважаючи на порушення припущень про нормальність та постійну дисперсію, доцільно визнати, що модель Хольта-Вінтерса, яка використовує експоненційне згладжування, може бути вдосконалена. З огляду на це, ми звертаємося до використання моделі ARIMA.

2.7 Аналіз авторегресійної інтегрованої моделі ковзного середнього (ARIMA). Підбір відповідної моделі ARIMA для випадків грипу А.

Для перевірки стаціонарності ряду було застосовано критерій Квятковського-Філіпса-Шмідта-Шина. З Таблиці 2.7 видно, що оскільки р-значення становить 0.039, ми відхиляємо нульову гіпотезу про стаціонарність ряду та робимо висновок, що часовий ряд захворюваності на грип типу А не є стаціонарним. Тому для досягнення стаціонарності ми застосовуємо до цього ряду метод взяття різниць першого порядку. З Рисунка 6 видно, що отримані дані після диференціювання демонструють стаціонарність із постійними середнім значенням та дисперсією.

Для перевірки стаціонарності ряду було застосовано критерій Квятковського-Філіпса-Шмідта-Шина. З Таблиці 2.7 видно, що оскільки р-значення становить 0.039, ми відхиляємо нульову гіпотезу про стаціонарність ряду та робимо висновок, що часовий ряд захворюваності на грип типу А не є стаціонарним. Тому для досягнення стаціонарності ми застосовуємо до цього ряду метод взяття різниць першого порядку. З Рисунка 6 видно, що отримані дані після

диференціювання демонструють стаціонарність із постійними середнім значенням та дисперсією.

Після ретельного аналізу графіків автокореляційної та часткової автокореляційної функцій для ряду перших різниць, для аналізу випадків захворювання на грип типу А у США було побудовано наступні попередні моделі ARIMA. З Таблиці 2.9 очевидно, що специфікація ARIMA(0,1,3)(0,0,1)[12] є ідеальною сезонною моделлю для прогнозування досліджуваної захворюваності, оскільки вона має найменше значення інформаційного критерію Акаїке (3617.881), визначене за допомогою діагностики графіків автокореляційної та часткової автокореляційної функцій, які вказують на відсутність потреби в додаткових авторегресійних компонентах.

Таблиця 2.7. Критерій Квятковського-Філіпса-Шмідта-Шина для перевірки стаціонарності рівня

Тест	Статистика	Параметр лагу зрізання	p-значення
KPSS	0.509	4	0.039

Таблиця 8. Критерій Квятковського-Філіпса-Шмідта-Шина для перевірки стаціонарності рівня

Тест	Статистика	Параметр лагу зрізання	p-значення
KPSS	0.177	4	0.100

З Таблиці 2.10 видно, що компоненти ковзного середнього першого, другого та третього порядків, а також сезонний компонент ковзного середнього першого порядку є статистично значущими на п'ятивідсотковому рівні значущості. Таким чином, загальна мультиплікативна сезонна модель ARIMA у цій дипломній роботі подається рівнянням (5) як:

$$\phi_0(B)\Phi_0(B^{12})(1-B)^1(1-B^{12})^0Y_t = \theta_3(B)\Theta_0(B^{12})\varepsilon_t. \quad (2.5)$$

Таблиця 9. Можливі попередні моделі ARIMA для випадків захворювання на грип типу А

Моделі	Оціночна метрика (Інформаційний критерій Акаіке)
ARIMA(0,1,0)(0,0,1)[12]	3650.484
ARIMA(0,1,0)(0,0,1)[12] зі зсувом	3652.038
ARIMA(0,1,0)(0,0,2)[12]	3651.999
ARIMA(0,1,0)(0,0,2)[12] зі зсувом	3653.567
ARIMA(0,1,0)(1,0,0)[12]	3652.349
ARIMA(0,1,0)(1,0,0)[12] зі зсувом	3653.744
ARIMA(0,1,0)(1,0,1)[12]	3654.075
ARIMA(0,1,0)(1,0,1)[12] зі зсувом	3655.492
ARIMA(0,1,3)(0,0,1)[12]	3617.881
ARIMA(0,1,3)(0,0,1)[12] зі зсувом	3618.793
ARIMA(1,1,0)(0,0,1)[12]	3647.634
ARIMA(1,1,0)(0,0,2)[12]	3649.582
ARIMA(2,1,0)(0,0,1)[12]	3632.625
ARIMA(2,1,0)(0,0,2)[12]	3634.598
ARIMA(2,1,0)(1,0,0)[12] зі зсувом	3638.043
ARIMA(2,1,0)(1,0,2)[12]	3640.249
ARIMA(2,1,0)(1,0,2)[12] зі зсувом	3641.895
ARIMA(3,1,0)(0,0,1)[12]	3635.062
ARIMA(3,1,0)(0,0,1)[12] зі зсувом	3636.778
ARIMA(3,1,0)(0,0,2)[12]	3637.127
Найкраща модель: ARIMA(0,1,3)(0,0,1)[12]	

Таблиця 10. Кінцеві оцінки параметрів найкращої моделі: ARIMA(0)

Параметр	Коефіцієнт	Стандартна похибка	Z-значення	p-значення
MA (1)	0.154	0.077	2.004	0.045
MA (2)	-0.599	0.093	-6.491	0.000
MA (3)	-0.431	0.098	-4.371	0.000
SMA (1)	0.294	0.106	2.774	0.006

Таблиця 11. Критерії Льюнга-БоксаЛіллієфорса та Голдфельда-Квандта для сезонної моделі ARIMA

Часовий ряд	Ljung-Box (χ^2)	Ljung-Box (p-значення)	Lilliefors (χ^2)	Lilliefors (p-значення)	Goldfeld-Quandt (Статистика)	Goldfeld-Quandt (p-значення)
Грип типу А	13.405	0.340	0.239	0.000	5.352	0.000

2.8 Діагностика моделі ARIMA(0,1,3)(0,0,1)[12]. Перевірка адекватності моделі ARIMA(0,1,3)(0,0,1)[12]. Модифікований тест для великих лагів

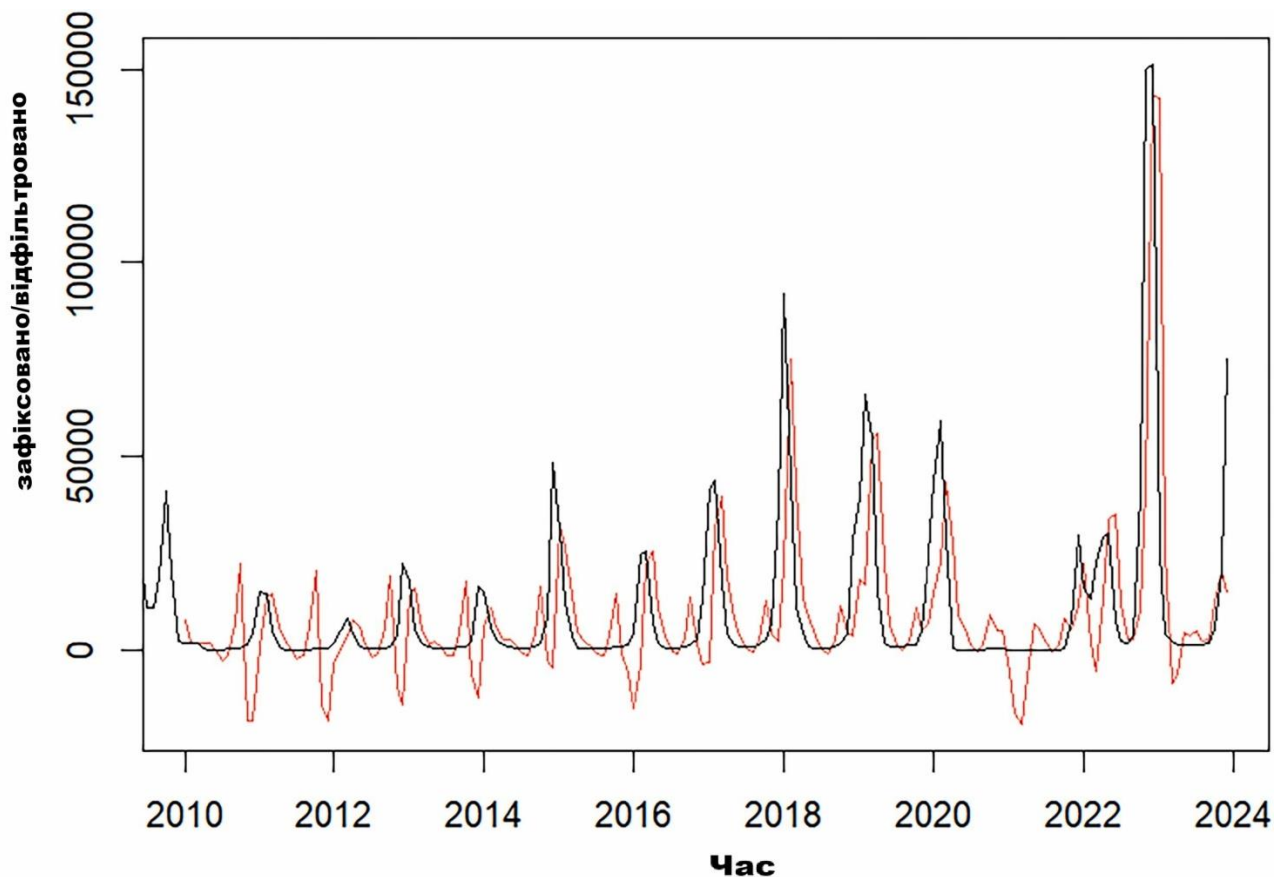


Рисунок 2.6 – Одноекспоненційний графік захворюваності на грип А в США.

Модель ARIMA(0,1,3)(0,0,1)[12] було піддано діагностичній перевірці для підтвердження її придатності для прогнозування. З Таблиці 2.11 видно, що з огляду на р-значення 0.340, яке перевищує поріг значущості 0.05, ми робимо висновок, що

залишки моделі $ARIMA(0,1,3)(0,0,1)_{12}$ є незалежними та підпорядковуються процесу білого шуму. Аналогічно, модель не виявляє суттєвої невідповідності даним. На п'ятивідсотковому рівні значущості, оскільки р-значення є меншим за 0.05 (тобто $0.000 < 0.05$), залишки оціненої моделі $ARIMA(0,1,3)(0,0,1)_{12}$ не є нормально розподіленими, як це видно з Таблиці 11. Також із Таблиці 11 можна спостерігати, що дисперсія залишків оціненої моделі $ARIMA(0,1,3)(0,0,1)_{12}$ не є постійною (р-значення < 0.05). Таким чином, припущення про постійну дисперсію порушується.

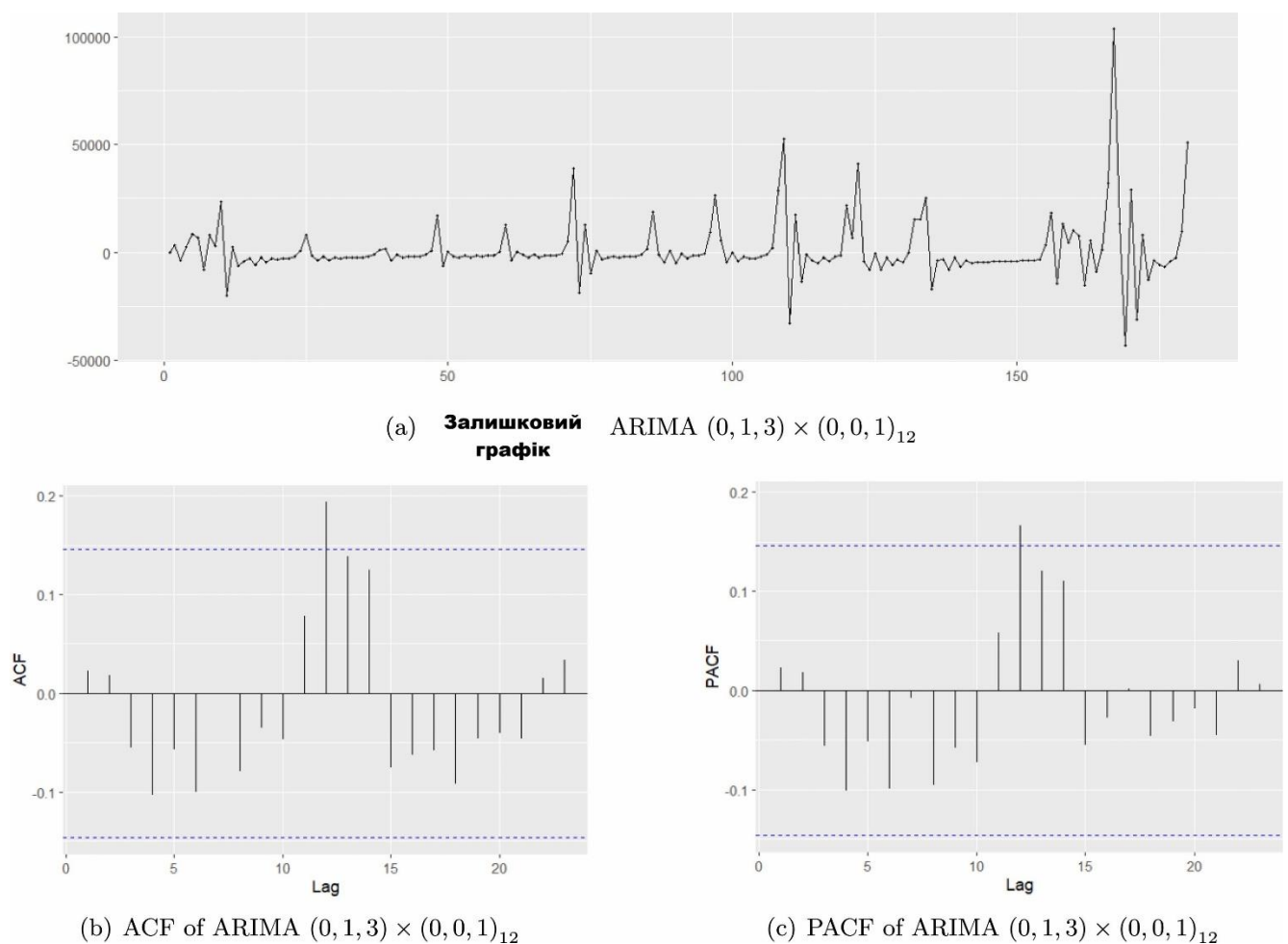


Рисунок 2.7 – Графік ACF та PACF залишків моделі $ARIMA(0,1,3) \times (0,0,1)_{12}$.

Межі для 2σ визначаються за формулою $\pm Z_{\frac{\alpha}{2}} \times \frac{1}{\sqrt{n}}$.

$$-1.96\left(\frac{1}{\sqrt{168}}\right) \leq r \leq 1.96\left(\frac{1}{\sqrt{168}}\right)$$

Це спрощується до $-0.151 \leq r \leq 0.151$. На Рисунку 2.7 зображено дві сині горизонтальні лінії, що позначають ці межі. Можна помітити, що похибки знаходяться в межах ± 0.151 , за винятком лагу 11 (для автокореляційної функції) та лагу 12 (для часткової автокореляційної функції), як це видно на Рисунку 2.7(b) та (b) відповідно. Графіки автокореляційної та часткової автокореляційної функцій не демонструють жодної систематичної структури, що вказує на те, що залишки є суто випадковими. На Рисунку 2.8 подано графічне представлення випадків захворювання на грип типу А з використанням моделі $ARIMA(0,1,3)(0,0,1)$ [12].

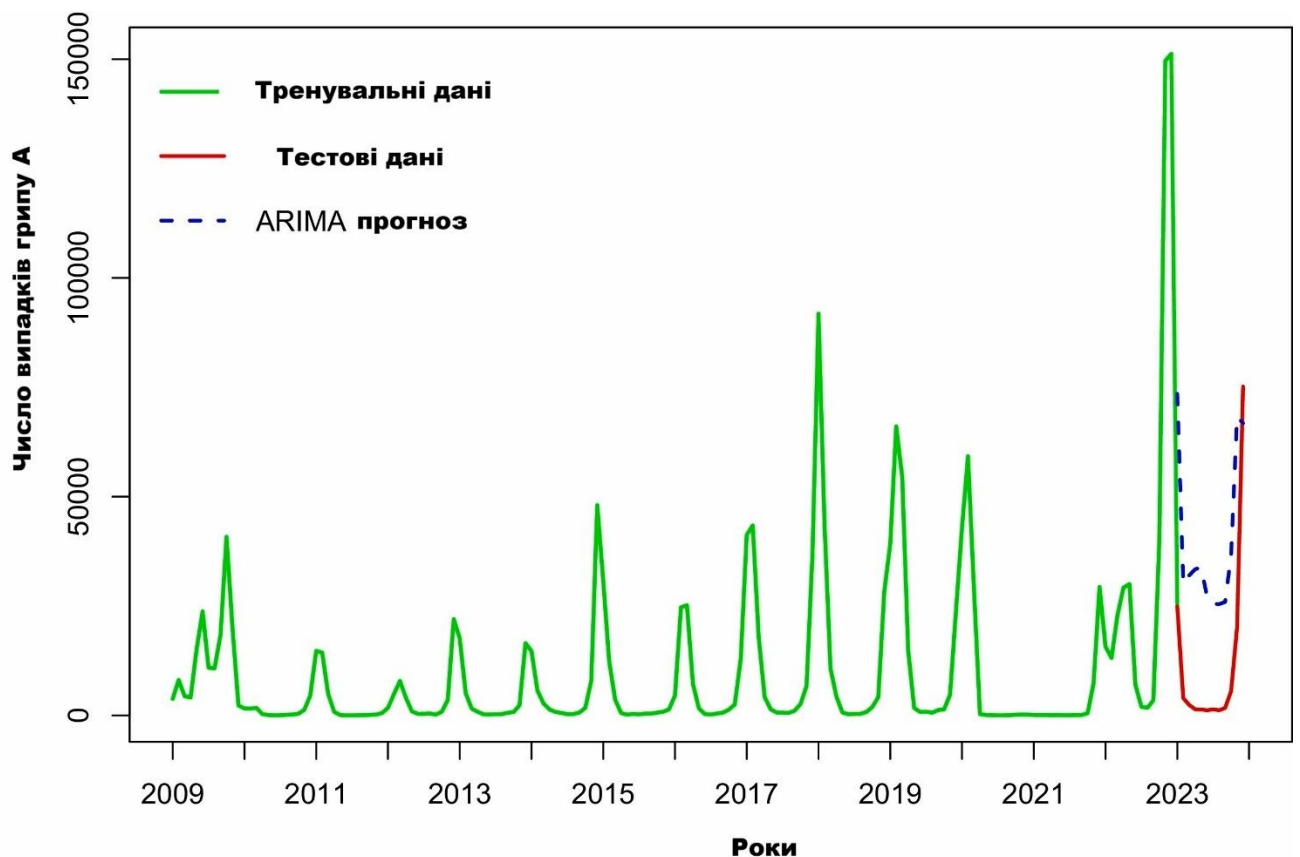


Рисунок 2.8 Тестування прогнозів грипу А із використанням моделі $ARIMA(0,1,3)(0,0,1)$ [12].

Щоб з'ясувати, чи є запропонована модель адекватною для прогнозування випадків захворювання на грип типу А, було застосовано модифікований критерій

Льюнга-Бокса (критерій Бокса-Пірса) для більших лагів. Під час аналізу Таблиці 2.12 стає очевидним, що р-значення для різних лагів значно перевищують встановлений поріг рівня значущості 0.05. Це призводить до недостатності підстав для відхилення нашої запропонованої моделі $ARIMA(0,1,3)(0,0,1)[12]$.

З огляду на це та враховуючи задовільну ефективність моделі на лагах 12, 24, 36, 48, 60 та 72, цілком логічно припустити, що модель, ймовірно, залишатиметься адекватною і для більших періодів відставання. Отже, модель $ARIMA(0,1,3)(0,0,1)[12]$ демонструє достатню статистичну надійність на рівні значущості 0.05. Варто зазначити, що модель регресії на основі гаусівських процесів, яку застосували у своєму дослідженні [31] з використанням тих самих даних, виявила кілька ключових аномалій (21 аномалію) у кількості випадків захворювання на грип типу А. Ці аномалії характеризувалися суттєвими відхиленнями від прогнозованого тренду, що вказувало на періоди несподіваного зростання або зменшення захворюваності.

Для отримання більш детальної інформації щодо інших методів виявлення аномалій (баєсівський підхід, закон Бенфорда та дїп-тест), що використовуються в різних умовах, див. джерела [32–34], оскільки аномалії можуть впливати на результати аналізу даних у сфері охорони здоров'я. Незважаючи на те, що залишки моделі $ARIMA(0,1,3)(0,0,1)[12]$ є незалежними та придатними для більших лагів, порушення припущень щодо її нормальності та постійної дисперсії викликає сумніви стосовно придатності моделі для прогнозування майбутніх випадків захворювання на грип типу А. Тому ми перемикаємо нашу увагу на методи глибокого навчання, такі як проста рекурентна нейронна мережа, мережа довгої короткострокової пам'яті, мережа керованих рекурентних блоків, двонаправлена мережа довгої короткострокової пам'яті, двонаправлена мережа керованих рекурентних блоків та архітектура Трансформер, у пошуках більш підходящої прогностичної моделі. На Рисунку 2.9 наведено графічне представлення одного з п'яти запусків тренувальних та тестових прогнозів для моделей довгої короткострокової пам'яті, простої рекурентної нейронної мережі та керованих рекурентних блоків. На Рисунку 2.10 наведено графічне представлення одного із

запусків тренувальних та тестових прогнозів для архітектури Трансформер, двонаправленої мережі довгої короткострокової пам'яті та двонаправленої мережі керованих рекурентних блоків.

Таблиця 2.12. Модифікований критерій Льюнга-Бокса (критерій Бокса-Пірса) для більших лагів моделі ARIMA(0)

Лаги	Статистика хі-квадрат	p-значення
12	12.455	0.409
24	16.905	0.853
36	26.170	0.886
48	37.318	0.867
60	48.772	0.849
72	53.829	0.946

Щодо тренувальних даних, у Таблиці 2.13 видно, що Трансформер та двонаправлена мережа довгої короткострокової пам'яті демонструють найкращу продуктивність за показниками середньої квадратичної похибки та середньої абсолютної похибки, що вказує на менші в середньому похибки прогнозування. Хоча в середньому вони мають однакову середню квадратичну похибку (0.0028), їхні значення середньої абсолютної похибки також дуже близькі (0.0298 для Трансформера порівняно з 0.0299 для двонаправленої мережі довгої короткострокової пам'яті), що свідчить про схожі рівні точності у прогнозуванні тренувальних даних.

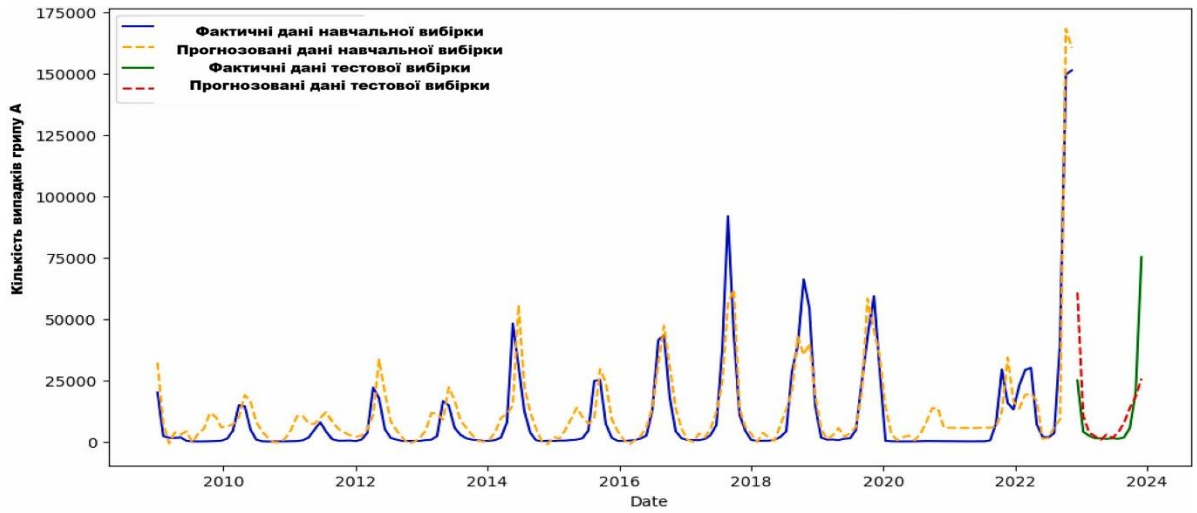
Аналогічно, для тестових даних із Таблиці 2.14 та Рисунка 2.11 видно, що Трансформер демонструє найнижчі показники середньої квадратичної похибки та середньої абсолютної похибки, що становлять 0.0433 та 0.1126 відповідно; це вказує на його здатність добре узагальнювати результати на невідомих даних.

Таблиця 2.13. Метрики оцінки продуктивності моделей з використанням тренувальних даних

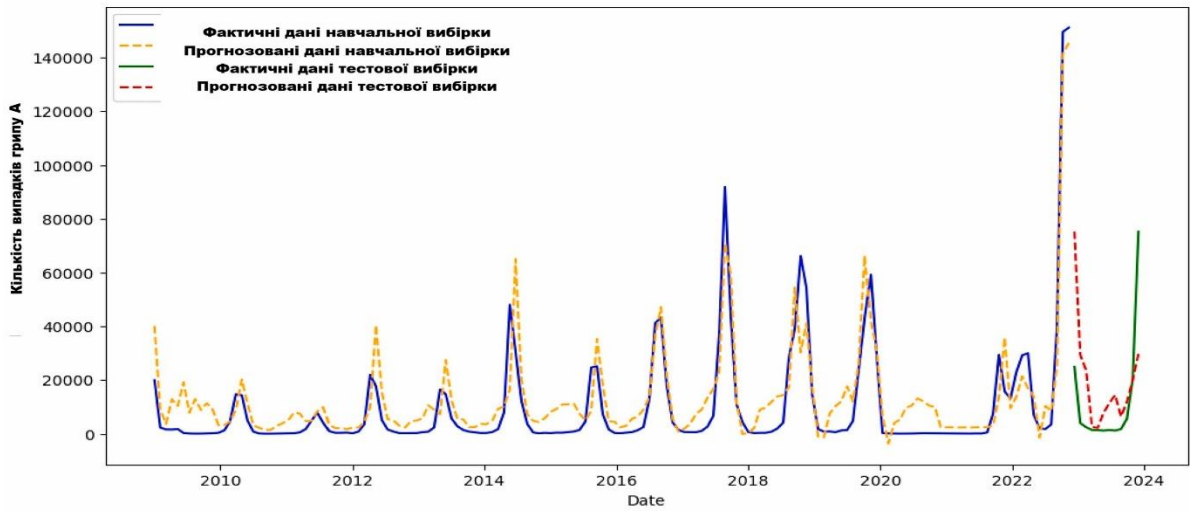
Моделі	Середня квадратична похибка \pm СП	Середня абсолютна похибка \pm СП	Середня геометрична відносна абсолютна похибка \pm СП	Середнє $\tau \pm$ СП
Проста рекурентна нейронна мережа	0.0065 \pm 0.0006	0.0479 \pm 0.0067	1.0444 \pm 0.0068	0.4446 \pm 0.0241
Мережа довгої короткострокової пам'яті	0.0039 \pm 0.0008	0.0373 \pm 0.0056	1.0340 \pm 0.0055	0.3002 \pm 0.0265
Мережа керованих рекурентних блоків	0.0044 \pm 0.0013	0.0417 \pm 0.0071	1.0386 \pm 0.0070	0.4013 \pm 0.0208
Двонаправлена мережа довгої короткострокової пам'яті	0.0028 \pm 0.0002	0.0299 \pm 0.0028	1.0268 \pm 0.0028	0.3113 \pm 0.0511
Двонаправлена мережа керованих рекурентних блоків	0.0029 \pm 0.0001	0.0335 \pm 0.0016	1.0303 \pm 0.0016	0.2639 \pm 0.0053
Трансформер	0.0028 \pm 0.0001	0.0298 \pm 0.0012	1.0267 \pm 0.0012	0.2496 \pm 0.0071

Таблиця 2.14. Метрики оцінки продуктивності моделей з використанням тестових даних

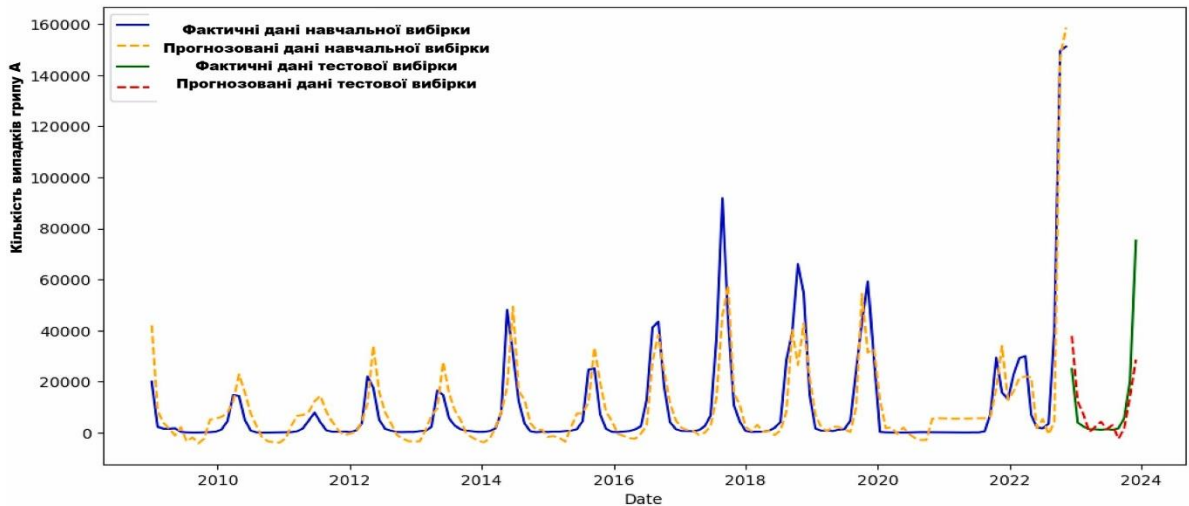
Моделі	Середня квадратична похибка \pm СП	Середня абсолютна похибка \pm СП	Середня геометрична відносна абсолютна похибка \pm СП	Середнє $\tau \pm$ СП
Модель ARIMA	8.7465×10^8	29574.4270	20.09595	0.4660
Модель експоненційного згладжування	1.2801×10^{12}	129848.7010	99.91031	0.7871
Проста рекурентна нейронна мережа	0.0602 ± 0.0033	0.1346 ± 0.0050	1.1085 ± 0.0054	0.5513 ± 0.0236
Мережа довгої короткострокової пам'яті	0.0545 ± 0.0072	0.1243 ± 0.0088	1.1003 ± 0.0086	0.4816 ± 0.0349
Мережа керованих рекурентних блоків	0.0486 ± 0.0096	0.1214 ± 0.0079	1.0976 ± 0.0074	0.5465 ± 0.0221
Двонаправлена мережа довгої короткострокової пам'яті	0.0502 ± 0.0025	0.1129 ± 0.0019	1.0864 ± 0.0018	0.5005 ± 0.0056
Двонаправлена мережа керованих рекурентних блоків	0.0519 ± 0.0010	0.1148 ± 0.0013	1.0887 ± 0.0012	0.4770 ± 0.0215
Трансформер	0.0433 ± 0.0020	0.1126 ± 0.0016	1.0877 ± 0.0014	0.4690 ± 0.0184



(a) Прогнози на навчальній та тестовій вибірках для LSTM

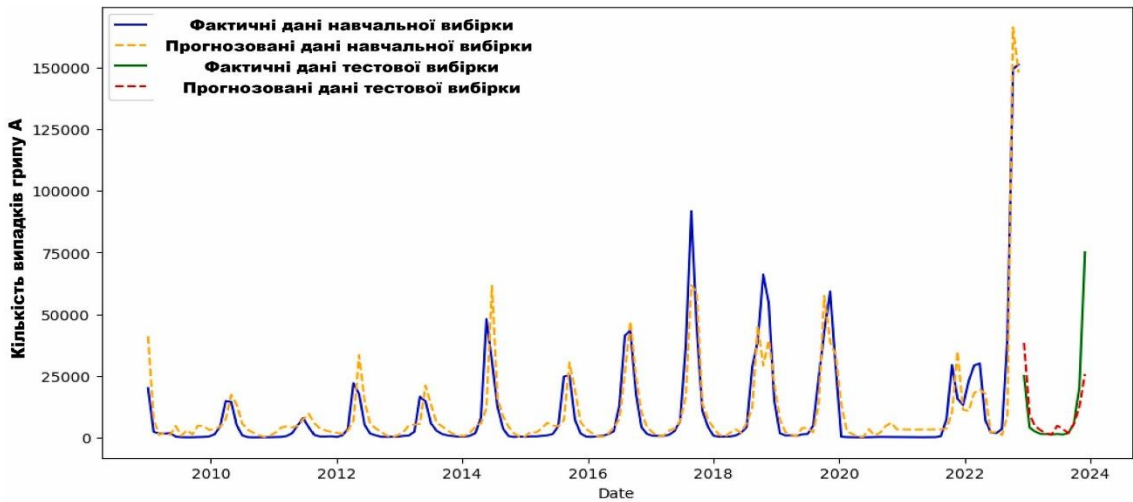


(b) Прогнози на навчальній та тестовій вибірках для простої рекурентної нейронної мережі

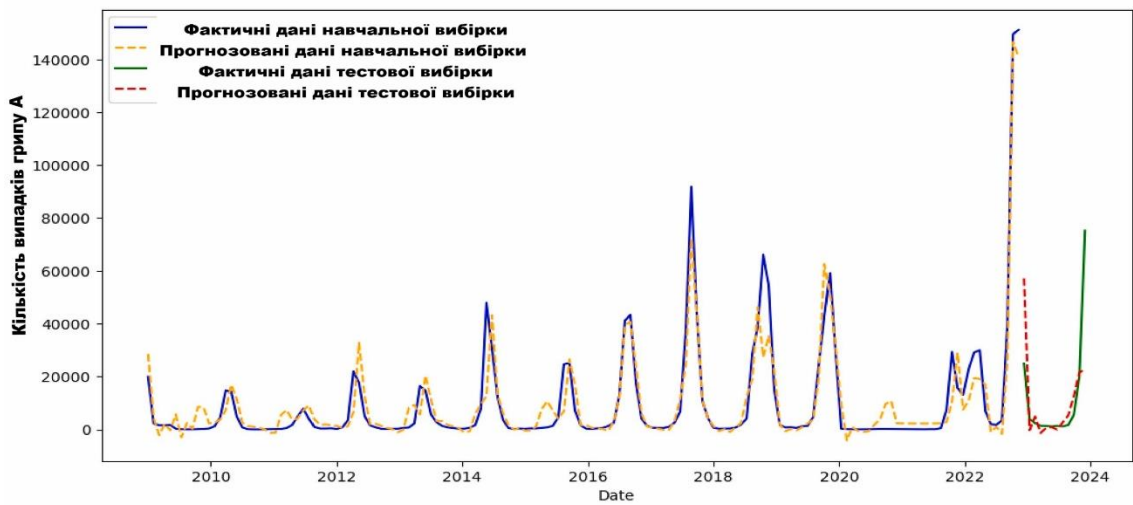


(c) Прогнози на навчальній та тестовій вибірках для GRU

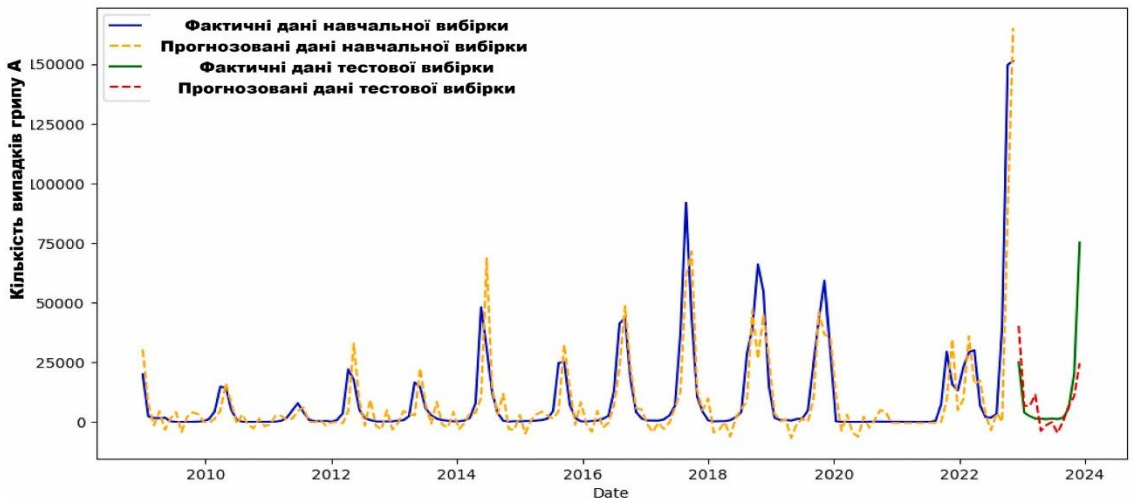
Рисунок 2.9. Навчання та тестування прогнозів для вірусу грипу А (LSTM, RNN та GRU).



(a) Прогнози на навчальній і тестовій вибірках моделі Transformer



(b) Прогнози на навчальній і тестовій вибірках моделі BiLSTM



(c) Прогнози на навчальній і тестовій вибірках моделі BiGRU

Рисунок 2.10. Порівняння фактичних і прогнозованих значень кількості випадків грипу А на навчальній та тестовій вибірках для моделей: (a) Transformer; (b) BiLSTM; (c) BiGRU.

2.9 Порівняльний аналіз з іншими моделями часових рядів грипу.

Було проведено порівняльний аналіз із численними дослідженнями з урахуванням застосованих методів, використаних наборів даних та їхніх найкращих показників похибок прогнозування, як показано в Таблиці 2.15.

Хоча Таблиця 2.15 надає корисний огляд ефективності моделей, про які повідомлялося в попередніх дослідженнях, ці порівняння є лише орієнтовними, оскільки базові набори даних суттєво відрізняються за країною, частотою звітування, системою епідеміологічного нагляду та критеріями визначення випадків захворювання.

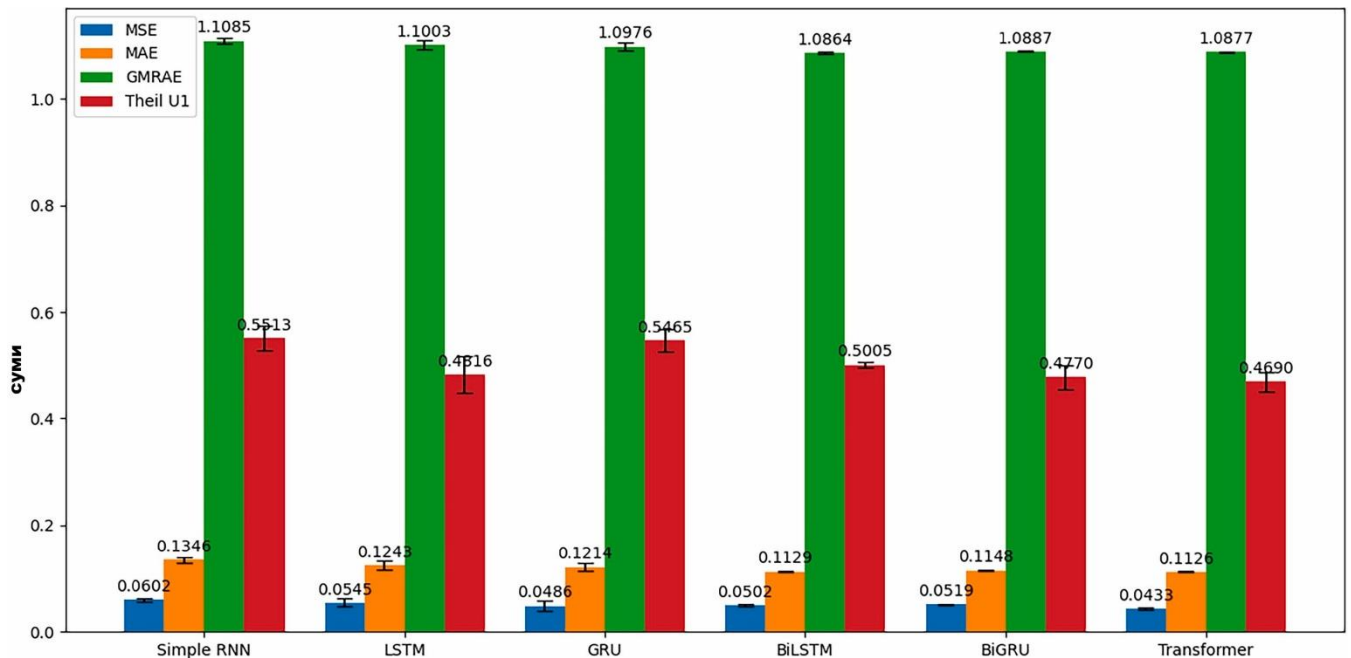


Рисунок 2.11. Порівняння показників помилок шести моделей глибокого навчання (RNN LSTM, GRU, BiLSTM, BiGRU та Transformer).

З Таблиці 2.16 видно, що критерій Крускала-Волліса не виявляє статистично значущих відмінностей в ефективності між шістьма моделями глибокого навчання за жодною з оцінюваних метрик похибок на п'ятивідсотковому рівні значущості. Зокрема, щодо середньої квадратичної похибки, критерій не дає підстав для відхилення нульової гіпотези про те, що медіанні значення середньої квадратичної похибки є рівними для простої рекурентної нейронної мережі, мережі довгої короткострокової пам'яті, мережі керованих рекурентних блоків, двонаправленої

мережі довгої короткострокової пам'яті, двонаправленої мережі керованих рекурентних блоків та архітектури

Таблиця 2.15. Складання RMSE та MAE у наших дослідженнях з іншими дослідженнями у літературі, які використовуються Influenza A related datasets від 2021 to 2024.

Дослідження	Рік	Використані методи	Використаний набір даних	Показники помилок найкращої моделі
[38], 2024	SARIMA, NNAR	Випадки грипу в Канаді	2.57 (RMSE) та 1.67 (MAE) з NNAR(7, 1, 1)	
[39], 2023	GAM, ARIMA, Prophet	Випадки грипу в англійських субрегіонах	3.40 (MAE) з GAM	
[40], 2022	Одновимірні моделі SARIMA	Випадки грипу в Таїланді	0.46 (RMSE) з SARIMA (1,0,1)(1,0,0)	
[41], 2024	SARIMA, XGBoost, CNN, LSTM, CNN-LSTM	Випадки грипу в Китаї	1.04 (RMSE) та 0.46 (MAE) з CNN-LSTM	
[42], 2024	SARIMA, ETS, BATS, RNN	Випадки грипу в Алжирі	71.34 (RMSE) з RNN	
[47], 2021	RF, SVR, ARIMA, FCNN, гібрид GA-LSTM	Випадки грипу в США	5166 (RMSE) та 3173 (MAE) з Hybrid GA-LSTM	
[48], 2021	LSTM, FNN, MLR, EN, SVM, SARIMA	Грипоподібні захворювання в Південній Африці	10.54 (RMSE) та 7.33 (MAE) з FNN	
Поточне дослідження	ARIMA, ETS, RNN, LSTM, GRU, BiLSTM, BiGRU, Transformer	Випадки грипу в США	0.21 (RMSE) та 0.11 (MAE) з Transformer	

Трансформер. Такий самий висновок є справедливим і для середньої абсолютної похибки, геометричної відносної абсолютної похибки та статистики U1 Тейла, для яких усі р-значення перевищують 0.05. Варто зазначити, що р-значення для середньої абсолютної похибки та геометричної відносної абсолютної похибки є близькими до порогового значення. Це вказує на можливу тенденцію, яка може потребувати подальшого дослідження з використанням апостеріорних порівнянь або додаткових даних, але вони не відповідають критерію статистичної значущості при $\alpha = 0.05$.

На грип типу А припадає від 290 000 до 650 000 випадків смерті від респіраторних захворювань щороку, хоча цей показник помітно знизився порівняно з минулими десятиліттями завдяки покращенню санітарії, медичної практики та підходів до вакцинації [53]. Попри ці досягнення, грип типу А залишається серйозною глобальною проблемою охорони здоров'я, що зумовлено двома ключовими причинами. По-перше, у різних регіонах світу зберігається обмежений доступ до медичної допомоги та низький рівень вакцинації проти грипу [54], що підвищує ймовірність смертності, пов'язаної з цією інфекцією. Через такі прогалини в охороні здоров'я та профілактичних заходах багато людей у всьому світі й надалі залишаються вразливими до грипу. По-друге, демографічні зміни у бік старіння населення в багатьох країнах підвищують загальний ризик серйозних спалахів грипу [55]. Ця тенденція викликає особливе занепокоєння в країнах із низьким рівнем доходу, де зростання середнього віку може збільшити тягар хвороби в найближчі роки, оскільки літні люди загалом більш сприйнятливі до серйозних ускладнень від грипу.

Для вирішення цих проблем світова спільнота могла б спиратися на історичні стратегії, які успішно пом'якшували вплив грипу [56]. Підвищення рівня вакцинації не лише проти грипу, а й проти інших інфекційних захворювань, дозволить знизити тяжкість інфекцій в цілому. Крім того, глобальні ініціативи мають бути спрямовані на покращення політики у сфері санітарії за одночасного запобігання поширенню грипу, а також на розширення доступу до медичної допомоги для населення, незалежно від місця проживання та рівня доходу. Такі

кроки є критично важливими для мінімізації глобального впливу грипу та захисту світового здоров'я від майбутніх спалахів.

HistoFluAFormer (Historical Influenza A Focused Transformer for Unified Latent Observation based Forecasting — Трансформер, орієнтований на історичні дані грипу типу А, для прогнозування на основі уніфікованих латентних спостережень) — це архітектура прогнозування часових рядів на базі Трансформера, яка використовує як вхідні дані лише послідовності історичної захворюваності на грип типу А. Модель вивчає часові залежності за допомогою механізму внутрішньої уваги (self-attention) та позиційного кодування для безпосередньої генерації прогнозів на наступний крок на основі минулих спостережень, без потреби у зовнішніх коваріатах, як запропоновано в цьому дослідженні.

Це робота пропонує комплексне порівняння традиційних моделей та сучасних моделей глибокого навчання (DL) для прогнозування випадків захворювання на грип типу А, використовуючи дві версії традиційних моделей (ARIMA, ETS) разом із шістьма версіями моделей глибокого навчання (Simple RNN, LSTM, GRU, BiLSTM, BiGRU та Transformer). Ці моделі були обрані тому, що вони забезпечують компактний, загально визнаний базовий набір порівняння (benchmark set), який охоплює основні сімейства підходів, що використовуються для одновимірного прогнозування біомедичних часових рядів: ARIMA як стандартний статистичний базовий рівень; LSTM і GRU (а також їхні двонаправлені варіанти) як поширені рекурентні нейронні мережі для моделювання нелінійної часової залежності; та Transformer як сучасна модель на основі механізму уваги для виявлення довгострокових залежностей.

Існують й альтернативні методи, проте багато з них вимагають додаткових коваріатів, спираються на інші припущення або потребують суттєво відмінних підходів до налаштування та реалізації, що підірвало б справедливість безпосереднього порівняння в межах єдиного стандартизованого експериментального процесу.

Історичні дані щодо захворюваності на грип типу А використовуються для оцінки точності прогнозування кожної аналізованої моделі. Сезонний характер

грипу типу А з піками у холодні місяці підкреслює потребу в надійних моделях прогнозування. Хоча модель ARIMA добре справляється із сезонністю, у нашому випадку її ефективність була не такою високою, як у інших архітектур глибокого навчання (DL), особливо моделей Transformer та GRU, які здатні краще працювати з часозалежними даними. Моделі глибокого навчання демонструють значне підвищення точності прогнозування порівняно з традиційними методами ARIMA та ETS, оскільки вони краще вловлюють довгострокові залежності. Результати цього дослідження продемонстрували стабільно нижчі показники похибок порівняно з традиційними базовими моделями, зокрема для моделі Transformer відповідні середні значення MSE та MAE на тестових даних становили $0,0433 \pm 0,0020$ та $0,1126 \pm 0,0016$, що дозволило ефективно вловлювати часові складнощі, пов'язані з даними про грип типу А, перевершуючи відомі традиційні базові моделі ARIMA та ETS.

Це, ймовірно, відображає той факт, що динаміка грипу типу А є не суто сезонною, а включає також нелінійні закономірності та раптові сплески, які важче адекватно представити за допомогою класичних лінійних моделей. Ця перевага узгоджується з існуючою літературою щодо ефективності моделей глибокого навчання стосовно послідовних даних та часових рядів [57–59]. Хоча первинна оцінка моделей базується на стандартних метриках похибки прогнозування, спрогнозовані ряди мають безпосереднє практичне застосування, оскільки рішення щодо готовності до спалахів грипу приймаються на основі того ж масштабу захворюваності та часових інтервалів, які прогнозують наші моделі. Крім того, прогнози можна співвіднести з оперативними епідеміологічними порогоми, які вже використовуються в системі нагляду — наприклад, перетин заздалегідь визначених базових рівнів захворюваності або грипозподібних захворювань (ГПЗ) для сигналізування про початок сезону, його ескалацію чи час настання піку. Це дозволить завчасно інформувати про необхідність вжиття відповідних заходів та реалізовувати цілеспрямовані стратегії з пом'якшення наслідків.

Було виявлено, що проста рекурентна нейронна мережа (Simple RNN), хоча й демонструє кращі результати за традиційні моделі ARIMA (0,1,3)(0,0,1)[12] та

ETS, поступається таким аналогам на основі глибокого навчання (DL), як Transformer, LSTM, BiLSTM, GRU та BiGRU. Це, ймовірно, зумовлено її обмеженими можливостями щодо вловлювання довгострокових залежностей. Отримані у цьому дослідженні результати свідчать, що архітектури DL здатні підвищити ефективність прогностичного моделювання інфекційних захворювань, і вказують на загальну тенденцію до впровадження методів глибокого навчання для вдосконалення прогнозування в галузі громадського здоров'я та стратегій планування інтервенцій.

Перевагу моделей глибокого навчання можна пояснити їхньою здатністю якісніше обробляти послідовну інформацію та успішно адаптуватися до часової динаміки, притаманної даним про поширення інфекційних хвороб [60]. Водночас важливо враховувати обчислювальну складність та високі вимоги до обсягу й якості вхідних даних, пов'язані з використанням архітектур DL, що може виступати певним обмежувальним фактором для їхнього широкого застосування. Проте, попри наявні виклики, обґрунтована прогностична точність фреймворків глибокого навчання, зокрема архітектури Transformer, широко задокументована в науковій літературі. Перехід до складніших технологій прогнозування може суттєво вплинути на стратегії у сфері громадського здоров'я, забезпечуючи можливість своєчасного проведення профілактичних і протиепідемічних заходів, що в підсумку сприятиме зниженню рівнів захворюваності та смертності від грипу типу А.

3 БЕЗПЕКА ЖИТТЄДІЯЛЬНОСТІ ТА ОСНОВИ ОХОРОНИ ПРАЦІ

Проаналізовано умови праці розробника програмного забезпечення, досліджено ергономічні та естетичні вимоги до організації робочого місця оператора, а також описано правила надання долікарської допомоги при обмороженні. Розділ забезпечує відповідність роботи чинним нормативним документам щодо охорони праці.

3.1 Долікарська допомога при обмороженні

Під час службових відряджень, особливо у віддалені або екстремальні місцевості, існує значний ризик обмороження або інших небезпек для працівника. Недотримання правил безпеки та недостатня підготовка можуть призвести до серйозних наслідків, включаючи адміністративні заходи, які можуть застосувати компанія або організація.

Обмороження — це пошкодження тканин внаслідок тривалої дії низької температури. Це серйозне травмування, яке може спричинити руйнування клітин та органів, особливо у разі недостатньої швидкості надання допомоги. Ризик обмороження підвищується за певних умов, таких як сильний вітер, вологість, низька температура та носіння вологого або мокрого одягу. Важливо розуміти, що обмороження може статися навіть при температурі 3–5 °С, якщо поєднуються ці фактори. Найбільш вразливими частинами тіла є кінцівки (руки, ноги), ніс і вуха, адже ці частини найшвидше піддаються охолодженню [67].

Існує 4 ступені обмороження:

- I ступінь: ураження шкіри, що проявляється в порушенні кровообігу, шкіра блідне, знижена чутливість. Після розігрівання з'являється біль, набряк і свербіж, шкіра облущується, і потерпілий зазвичай одужує без серйозних наслідків.
- II ступінь: супроводжується некрозом шкіри. Під час відновлення кровообігу шкіра набуває червоно-синього кольору, з'являються пухирці, що містять прозору рідину, біль та лихоманка.

- III ступінь: серйозні пошкодження, які призводять до тромбозу судин, некрозу шкіри та м'яких тканин. Пухирці стають темно-бурими, а пацієнт відчуває сильний біль і загальну слабкість.
- IV ступінь: змертвіння всіх шарів тканин, включаючи кістки [67].

Першочергові заходи при наданні домедичної допомоги за обмороженням, згідно з наказом Міністерства охорони здоров'я України від 09.03.2022 № 441, включають [68]:

1. Переконатися у відсутності небезпеки для себе та інших перед наданням допомоги.
2. Припинити вплив низьких температур.
3. Заспокоїти постраждалого та пояснити подальші дії.
4. Викликати екстрену медичну допомогу.
5. У разі загального переохолодження — усунути несприятливі зовнішні фактори, перемістити постраждалого у тепле приміщення, зняти мокрий одяг та забезпечити постраждалому теплі напої.
6. Якщо є ознаки відмороження, потрібно обережно зняти мокрий одяг і взуття, накласти стерильні марлеві пов'язки на уражені ділянки без тиску та знерухомити кінцівки.
7. Важливо уникати масажу, розтирання або використання джерел тепла на уражених ділянках, а також не пошкоджувати пухирці [68].

Ці правила допоможуть запобігти погіршенню стану постраждалого і значно підвищують шанси на відновлення здоров'я, якщо надано правильну та своєчасну допомогу.

3.2 Естетичне оформлення та ергономічне дослідження робочого місця оператора

На перший погляд, питання естетичного та ергономічного оформлення робочого місця може здатися незначущим, однак насправді це має прямий вплив як

на здоров'я і самопочуття працівників, так і на ефективність виконаної роботи. Особливо це важливо для працівників, чия діяльність пов'язана з комп'ютерними технологіями, оскільки тривала робота за комп'ютером у некомфортних умовах може призвести до фізичних і психологічних проблем. Оператор комп'ютера, який не відчувається комфортно, не може виконувати завдання з належною якістю, що негативно позначається на результатах роботи.

Робоче місце — це зона, де працівник проводить значну частину свого робочого часу. Раціональна організація робочих місць допомагає зменшити фізичний дискомфорт, знизити рівень втоми та підвищити продуктивність праці. За результатами досліджень, правильно організоване робоче місце може підвищити продуктивність на 15–25 % [69].

Правильна організація робочого місця сприяє зменшенню втоми, підвищенню працездатності та зниженню загального дискомфорту. Дослідження показують, що при ергономічно організованому робочому місці продуктивність праці може збільшитися на 15–25 % [70-72]. Тому правильне оформлення робочого місця є важливим аспектом у забезпеченні здоров'я працівників і підвищенні їхньої ефективності. Організація робочого місця включає кілька ключових аспектів:

1. Правильне розміщення робочого місця у виробничому приміщенні з урахуванням природного освітлення. Робочі місця повинні бути орієнтовані таким чином, щоб світло з вікон падало збоку, переважно зліва, щоб уникнути відблисків на екрані і не спричиняти дискомфорту.
2. Вибір ергономічного робочого положення та меблів, що відповідають антропометричним характеристикам людини. Врахування таких факторів допомагає створити комфортні умови для роботи, зменшуючи навантаження на спину, шию та очі.
3. Розташування обладнання на робочих місцях повинно бути раціональним, щоб працівник мав легкий доступ до всіх необхідних інструментів, не перевантажуючи простір.
4. Врахування особливостей трудової діяльності. Для працівників, які працюють з відеотерміналами, вимоги до організації робочого місця строго

регламентуються стандартами, такими як ДНАОП 0.00-1.31-99 [70-74], що визначають оптимальні відстані між екранами та меблями.

Згідно з вимогами, площа для одного робочого місця з персональним комп'ютером повинна становити не менше 6 м², а об'єм приміщення — не менше 20 м³. Важливо дотримуватись таких норм: – Відстань від робочого місця до стін зі світловими прорізами повинна бути не менше 1 метра. – Між бічними поверхнями відеотерміналів має бути відстань не менше 1,2 метра. – Між тильною поверхнею одного відеотерміналу і екраном іншого повинна бути відстань не менше 2,5 метра. – Ширина проходів між рядами робочих місць повинна бути не менше 1 метра [70, 71, 74].

Ці вимоги є частиною стандартів, які регулюють правильне компонування робочих місць для забезпечення ефективності праці, зниження рівня втоми та покращення здоров'я працівників.

ВИСНОВКИ

У процесі виконання кваліфікаційної роботи було досягнуто основної мети — проведено суворе порівняльне оцінювання (бенчмаркінг) традиційних сезонних моделей часових рядів та сучасних архітектур глибокого навчання (DL) для щомісячного прогнозування захворюваності на грип типу А в Сполучених Штатах Америки. Запропоноване рішення на основі одновимірного Трансформера демонструє високу здатність до узагальнення, використовуючи виключно послідовності історичних даних про захворюваність. Це підтверджує його практичну цінність для впровадження в системах епідеміологічного нагляду, де додаткові коваріати можуть бути недоступними, запізнюватися або бути ненадійними.

Для досягнення поставлених завдань було запропоновано уніфікований архітектурний підхід, що базується на використанні єдиного експериментального протоколу та чітко визначеного періоду оцінювання поза вибіркою (out-of-sample). Це дало змогу формалізувати й задокументувати оригінальну реалізацію одновимірного Трансформера (HistoFluAFormer), яка включає процеси нормалізації даних, конструювання послідовностей на основі історичних спостережень та конвеєр навчання на базі бібліотеки PyTorch. Порівняно з традиційними статистичними підходами, розроблена модель забезпечує комплексне порівняння класичних моделей ARIMA та ETS із шістьма архітектурами глибокого навчання (Simple RNN, LSTM, GRU, BiLSTM, BiGRU та Transformer) на одному й тому самому наборі історичних даних.

Практична реалізація та результати тестування на відкладеному часовому періоді підтвердили переваги запропонованого методу над існуючими аналогами. Зокрема, завдяки впровадженню прозорого протоколу систематичного налаштування гіперпараметрів та оцінювання за кількома метриками похибок (MSE, MAE, GMRAE та Theil U1) вдалося досягти: найнижчих показників середньої похибки прогнозування для моделі Transformer на тестовому періоді (зокрема, середня квадратична похибка MSE склала $0,0433 \pm 0,0020$, а середня

абсолютна похибка MAE — $0,1126 \pm 0,0016$), що свідчить про сильну здатність до узагальнення порівняно зі статистичними базовими лініями та іншими DL-архітектурами, наведеними у файлі "Таблиці_2_6_та_12_14_Оцінки_Моделей_10"; високої прозорості та відтворюваності протоколу оцінювання моделей різних класів у межах єдиної системи порівняння; чіткого методологічного позиціонування отриманих результатів у контексті сучасної наукової літератури з прогнозування грипу, що дозволило детально обґрунтувати обрані підходи та контекстуалізувати ефективність рішень.

Попри те, що моделі глибокого навчання характеризуються високою обчислювальною складністю та суворими вимогами до систематичного налаштування параметрів, розроблена система є універсальною та придатною для підвищення якості прогнозування інфекційних захворювань. Подальші перспективи розвитку проєкту полягають у розширенні компаративного аналізу з найновішими дослідженнями часових рядів у галузі епідеміології, що дасть змогу створювати більш надійні та ефективні інструменти для планування інтервенцій і стратегій захисту громадського здоров'я.

СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ

1. Choreño-Parra J. A., Jiménez-Álvarez L. A., Cruz-Lagunas A. et al. Clinical and immunological factors that distinguish COVID-19 from pandemic influenza a (h1n1). *Front. Immunol.* 2021. Vol. 12. Article 593595.
2. Nyarko E., Agyemang E. F., Arku D. COVID-19 and online teaching in higher education: a discrete choice experiment. *Model Assist. Stat. Appl.* 2023. Vol. 18, no. 2. P. 115–123.
3. Kim H., Webster R. G., Webby R. J. Influenza virus: dealing with a drifting and shifting pathogen. *Viral immunol.* 2018. Vol. 31, no. 2. P. 174–183.
4. Bloom D. E., Kuhn M., Prettner K. Modern infectious diseases: macroeconomic impacts and policy responses. *J. Econ. Lit.* 2022. Vol. 60, no. 1. P. 85–131.
5. Paget J., Spreeuwenberg P., Charu V. et al. Global mortality associated with seasonal influenza epidemics: new burden estimates and predictors from the GLaMOR project. *J. Glob. Health.* 2019. Vol. 9, no. 2.
6. Hansen C. L., Chaves S. S., Demont C., Viboud C. Mortality associated with influenza and respiratory syncytial virus in the US, 1999-2018. *JAMA Netw. Open.* 2022. Vol. 5, no. 2. Article e220527.
7. Cutler D., Miller G. The role of public health improvements in health advances: the twentieth-century United States. *Demography.* 2005. Vol. 42, no. 1. P. 1–22.
8. Coburn B. J., Wagner B. G., Blower S. Modeling influenza epidemics and pandemics: insights into the future of swine flu (h1n1). *BMC Med.* 2009. Vol. 7. P. 1–8.
9. Beauchemin C. A. A., Handel A. A review of mathematical models of influenza a infections within a host or cell culture: lessons learned and challenges ahead. *BMC Public Health.* 2011. Vol. 11. P. 1–15.
10. Dugas A. F., Jalalpour M., Gel Y. et al. Influenza forecasting with Google flu trends. *PLOS ONE.* 2013. Vol. 8, no. 2. Article e56176.
11. Yang S., Santillana M., Kou S. C. Accurate estimation of influenza epidemics using Google search data via ARGO. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 2015. Vol. 112, no. 47. P. 14473–14478.
12. Santillana M., Nguyen A. T., Dredze M. et al. Combining search, social media, and traditional data sources to improve influenza surveillance. *PLOS Comput. Biol.* 2015. Vol. 11, no. 10. Article e1004513.
13. Lu F. S., Hou S., Baltrusaitis K. et al. Accurate influenza monitoring and forecasting using novel internet data streams: a case study in the Boston metropolis. *JMIR public health surveill.* 2018. Vol. 4, no. 1. Article e8950.

14. Kane M. J., Price N., Scotch M., Rabinowitz P. Comparison of ARIMA and random forest time series models for prediction of avian influenza h5n1 outbreaks. *BMC Bioinform.* 2014. Vol. 15, no. 1. P. 276.
15. Miliou I., Xiong X., Rinzivillo S. et al. Predicting seasonal influenza using supermarket retail records. *PLOS Comput. Biol.* 2021. Vol. 17, no. 7. Article e1009087.
16. Poonawala-Lohani N., Riddle P., Adnan M., Wicker J. A novel approach for time series forecasting of influenza-like illness using a regression chain method. *Pacific Symposium on Biocomputing 2022*. World Scientific, 2021. P. 301–312.
17. Amendolara A. B., Sant D., Rotstein H. G., Fortune E. LSTM-based recurrent neural network provides effective short term flu forecasting. *BMC Public Health.* 2023. Vol. 23, no. 1. P. 1788
18. Kondo K., Ishikawa A., Kimura M. Sequence to sequence with attention for influenza prevalence prediction using Google trends. *Proceedings of the 2019 3rd International Conference on Computational Biology and Bioinformatics.* 2019. P. 1–7.
19. Adhikari B., Xu X., Ramakrishnan N., Prakash B. A. Epideep: exploiting embeddings for epidemic forecasting. *Proceedings of the 25th ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery & Data Mining.* 2019. P. 577–586.
20. Wang R., Wu H., Wu Y., Zheng J., Li Y. Improving influenza surveillance based on multi-granularity deep spatiotemporal neural network. *Comput. Biol. Med.* 2021. Vol. 134. Article 104482.
21. Aiken E. L., Nguyen A. T., Viboud C., Santillana M. Toward the use of neural networks for influenza prediction at multiple spatial resolutions. *Sci. Adv.* 2021. Vol. 7, no. 25. Article eabb1237.
22. Li L., Jiang Y., Huang B. Long-term prediction for temporal propagation of seasonal influenza using transformer-based model. *J. Biomed. Inform.* 2021. Vol. 122. Article 103894.
23. Boianelli A., Nguyen V. K., Ebensen T. et al. Modeling influenza virus infection: a roadmap for influenza research. *Viruses.* 2015. Vol. 7, no. 10. P. 5274–5304.
24. Chen X., Chen H., Tao F. et al. Global analysis of influenza epidemic characteristics in the first two seasons after lifting the nonpharmaceutical interventions for COVID-19. *Int. J. Infect. Dis.* 2025. Vol. 151. Article 107372.
25. Lin J.-H., Tseng C.-P., Chen Y.-J. et al. Rapid differentiation of influenza A virus subtypes and genetic screening for virus variants by high-resolution melting analysis. *J. clin. microbiol.* 2008. Vol. 46, no. 3. P. 1090–1097.
26. Hammond A., Kim J. J., Sadler H., Vandemaele K. Influenza surveillance systems using traditional and alternative sources of data: a scoping review. *Influenza Other Respir. Viruses.* 2022. Vol. 16, no. 6. P. 965–974.

27. King A. A., Domenech de Cellès M., Magpantay F. M. G., Rohani P. Avoidable errors in the modelling of outbreaks of emerging pathogens, with special reference to ebola. *Proc. R. Soc. B Biol. Sci.* 2015. Vol. 282, no. 1806. Article 20150347.
28. Lazer D., Kennedy R., King G., Vespignani A. The parable of Google flu: traps in big data analysis. *Science.* 2014. Vol. 343, no. 6176. P. 1203–1205.
29. Vaswani A., Shazeer N., Parmar N. et al. Attention is all you need. *Adv. Neural Inf. Process. Syst.* 2017. Vol. 30.
30. Neumann G., Kawaoka Y. Seasonality of influenza and other respiratory viruses. *EMBO Mol. Med.* 2022. Vol. 14, no. 4. Article e15352.
31. Agyemang E. F. A Gaussian process regression and wavelet transform time series approaches to modeling influenza a. *Comput. Biol. Med.* 2025. Vol. 184. Article 109367.
32. Nortey E. N. N., Agyemang E. F., Minkah R., Asah-Asante K. Bayesian estimation of presidential elections in Ghana: a validation approach. *Afr. J. Appl. Stat.* 2022. Vol. 9, no. 1. P. 1297–1317.
33. Agyemang E. F. Anomaly detection using unsupervised machine learning algorithms: a simulation study. *Sci. Afr.* 2024. Vol. 26. Article e02386.
34. Agyemang E. F., Nortey E. N. N., Minkah R., Asah-Asante K. The unfolding mystery of the numbers: first and second digits based comparative tests and its application to Ghana's elections. *Model Assist. Stat. Appl.* 2023. Vol. 18, no. 2. P. 183–192.
35. Tsan Y.-T., Chen D.-Y., Liu P.-Y. et al. The prediction of influenza-like illness and respiratory disease using LSTM and ARIMA. *Int. J. Environ. Res. Public Health.* 2022. Vol. 19, no. 3. P. 1858.
36. Salem M. A. et al. Numerical simulation of an influenza epidemic. *Predict. Fract. SEIR ARIMA Model.* 2024. Vol. 18, no. 1.
37. Butkevych M., Chumachenko D. Simulation of influenza dynamics in Kharkiv oblast (Ukraine) using ARIMA model. *Proceedings.* 2024. Vol. 1613. P. 0073.
38. Orang A., Berke O., Poljak Z. et al. Forecasting seasonal influenza activity in Canada—comparing seasonal auto-regressive integrated moving average and artificial neural network approaches for public health preparedness. *Zoonoses public health.* 2024. Vol. 71, no. 3. P. 304–313.
39. Mellor J., Christie R., Overton C. E. et al. Forecasting influenza hospital admissions within english sub-regions using hierarchical generalised additive models. *Commun. Med.* 2023. Vol. 3, no. 1. P. 190.
40. Arwaekaji M., Sillabutra J., Viwatwongkasem C., Soontornpipit P. Forecasting influenza incidence in public health region 8 udonthani, Thailand by SARIMA model. *Curr. Appl. Sci. Technol.* 2022. P. 10-55003.

41. Li G., Li Y., Han G. et al. Forecasting and analyzing influenza activity in Hebei province, China, using a CNN-LSTM hybrid model. *BMC Public Health*. 2024. Vol. 24, no. 1. P. 2171.
42. Seba D., Benaklef N., Belaïde K. Time series analysis for modeling and predicting confirmed cases of influenza A in Algeria. *Russ. J. Infect. Immun.* 2025. Vol. 15, no. 1. P. 168–172.
43. Zhu J., Xu Y., Yu G. et al. A LASSO-based prediction model for child influenza epidemics: a case study of Shanghai, China. *Math. Probl. Eng.* 2022. Vol. 2022, no. 1. Article 1775630.
44. Alzahrani S. M., Guma F. E. Improving seasonal influenza forecasting using time series machine learning techniques. *J. Inf. Syst. Eng. Manag.* 2024. Vol. 9, no. 4. Article 30195.
45. Du M., Zhu H., Yin X. et al. Exploration of influenza incidence prediction model based on meteorological factors in Lanzhou, China, 2014–2017. *PLOS ONE*. 2022. Vol. 17, no. 12. Article e0277045.
46. Zhao Z., Zhai M., Li G. et al. Study on the prediction effect of a combined model of SARIMA and LSTM based on SSA for influenza in Shanxi province, China. *BMC Infect. Dis.* 2023. Vol. 23, no. 1. P. 71.
47. Kara A. Multi-step influenza outbreak forecasting using deep LSTM network and genetic algorithm. *Expert Syst. Appl.* 2021. Vol. 180. Article 115153.
48. Olukanmi S. O., Nelwamondo F. V., Nwulu N. I. Utilizing Google search data with deep learning, machine learning and time series modeling to forecast influenza-like illnesses in South Africa. *IEEE Access*. 2021. Vol. 9. P. 126822–126836.
49. Zhao D., Zhang R. A new hybrid model SARIMA-ETS-SVR for seasonal influenza incidence prediction in mainland China. *J. Infect. Dev. Ctries.* 2023. Vol. 17, no. 11. P. 1581–1590.
50. Chhabra A., Singh S. K., Sharma A. et al. Sustainable and intelligent time-series models for epidemic disease forecasting and analysis. *Sustain. Technol. Entrep.* 2024. Vol. 3, no. 2. Article 100064.
51. Chen Q., Zheng X., Shi H. et al. Prediction of influenza outbreaks in Fuzhou, China: comparative analysis of forecasting models. *BMC Public Health*. 2024. Vol. 24, no. 1. P. 1399.
52. Shen R., Lin Y., Wang B. et al. Forecasting influenza like illness based on white-box transformers. *2024 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM)*. IEEE, 2024. P. 3691–3694.
53. World Health Organization. Influenza (seasonal) fact sheet. 2023. URL: [https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/influenza-\(seasonal\)](https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/influenza-(seasonal)) (date of access: 21.11.2023).

54. Dini G., Toletone A., Sticchi L. et al. Influenza vaccination in healthcare workers: a comprehensive critical appraisal of the literature. *Hum. vaccines immunother.* 2018. Vol. 14, no. 3. P. 772–789.
55. Bansal S., Pourbohloul B., Hupert N. et al. The shifting demographic landscape of pandemic influenza. *PLOS ONE.* 2010. Vol. 5, no. 2. Article e9360.
56. Zachreson C., Fair K. M., Harding N., Prokopenko M. Interfering with influenza: nonlinear coupling of reactive and static mitigation strategies. *J. R. Soc. Interface.* 2020. Vol. 17, no. 165. Article 20190728.
57. Torres J. F., Hadjout D., Sebaa A. et al. Deep learning for time series forecasting: a survey. *Big Data.* 2021. Vol. 9, no. 1. P. 3–21.
58. Huang W., Wei W., He X. et al. ChatGPT-assisted deep learning models for influenza-like illness prediction in mainland China: time series analysis. *J. Med. Internet Res.* 2025. Vol. 27. Article e74423.
59. Alotaibi A. M. Explainable long-sequence time-series forecasting for infectious diseases using optimised transformer models. *Int. J. Data Sci. Anal.* 2026. Vol. 21, no. 1. P. 8.
60. Jin G., Wang Q., Zhu C. et al. Urban fire situation forecasting: deep sequence learning with spatio-temporal dynamics. *Appl. Soft Comput.* 2020. Vol. 97. Article 106730.
61. Box G. E. P., Jenkins G. M., Reinsel G. C., Ljung G. M. *Time Series Analysis: Forecasting and Control.* John Wiley & Sons, 2015.
62. Agyemang E. F., Mensah J. A., Ocran E. et al. Time series based road traffic accidents forecasting via SARIMA and facebook prophet model with potential changepoints. *Heliyon.* 2023. Vol. 9, no. 12.
63. Vanlaar W., Robertson R., Marcoux K. An evaluation of Winnipeg's photo enforcement safety program: results of time series analyses and an intersection camera experiment. *Accid. Anal. Prev.* 2014. Vol. 62. P. 238–247.
64. Hua Y., Zhao Z., Li R. et al. Deep learning with long short-term memory for time series prediction. *IEEE Commun. Mag.* 2019. Vol. 57, no. 6. P. 114–119.
65. Pierre A. A., Akim S. A., Semenyó A. K., Babiga B. Peak electrical energy consumption prediction by ARIMA, LSTM, GRU, ARIMA-LSTM and ARIMA-GRU approaches. *Energies.* 2023. Vol. 16, no. 12. P. 4739.
66. Cho K., Van Merriënboer B., Bahdanau D., Bengio Y. On the properties of neural machine translation: encoder-decoder approaches. *arXiv preprint.* 2014. arXiv:1409.1259.
67. ТЕМА 9. Медицина катастроф. Долікарська допомога при обмороженні. URL: <https://dl.tntu.edu.ua/content.php?cid=299869> (дата звернення: 06.06.2026).
68. Про затвердження порядків надання домедичної допомоги особам при невідкладних станах : Наказ Міністерства охорони здоров'я України від 09.03.2022 р. № 441 (зареєстр. в Міністерстві юстиції України 28 березня 2022

- р. за № 356/37692). URL: <https://zakon.rada.gov.ua/laws/show/z0356-22#n669> (дата звернення: 06.06.2026).
69. Конспект лекцій з курсу: Охорона праці в галузі. URL: <https://elartu.tntu.edu.ua/bitstream/123456789/17891/1/KonspektOPG.pdf> (дата звернення: 06.06.2026).
70. Бедрій Я.І. Основи охорони праці : навч. посіб. 4-е вид. перероб. і доп. Тернопіль : Навчальна книга – Богдан, 2018. 240 с.
71. ДСТУ 7951:2015. Дизайн і ергономіка. Крісло оператора. Загальні ергономічні вимоги. [Чинний від 2016-09-01]. Київ : УкрНДНЦ, 2016. 10 с. (Національний стандарт України). URL: https://dnaop.com/html/61769/doc-ДСТУ_7951_2015 (дата звернення: 06.06.2025).
72. Грибан В. Г., Негодченко О. В. Охорона праці : навч. посіб. 2-ге вид. Київ : Центр учбової літератури, 2019. 280 с.
73. Левченко О. Г., Землянська О. В., Праховнік Н. А., Зацарний В. В. Безпека життєдіяльності та цивільний захист : підручник. 2-ге вид. Київ : Каравела, 2021. 268 с.
74. Левченко О. Г., Полукаров О. І., Арламов О. Ю., Полукаров Ю. О., Землянська О. В. Охорона праці та цивільний захист : підручник для студентів бакалаврату. Київ : Каравела, 2021. 352 с.

ДОДАТКИ

Додаток А. Програмна реалізація архітектури нейронної мережі
HistoFluAFormer на базі фреймворку PyTorch.

```

import torch
import torch.nn as nn
import math

class PositionalEncoding(nn.Module):
    def __init__(self, d_model, max_len=5000):
        super(PositionalEncoding, self).__init__()
        pe = torch.zeros(max_len, d_model)
        position = torch.arange(0, max_len, dtype=torch.float).unsqueeze(1)
        div_term = torch.exp(torch.arange(0, d_model, 2).float() * (-math.log(10000.0) /
d_model))
        pe[:, 0::2] = torch.sin(position * div_term)
        pe[:, 1::2] = torch.cos(position * div_term)
        self.register_buffer('pe', pe.unsqueeze(0))

    def forward(self, x):
        x = x + self.pe[:, :x.size(1), :]
        return x

class HistoFluAFormer(nn.Module):
    def __init__(self, feature_size=1, d_model=64, nhead=4, num_layers=3,
dropout=0.1):
        super(HistoFluAFormer, self).__init__()
        self.input_projection = nn.Linear(feature_size, d_model)
        self.pos_encoder = PositionalEncoding(d_model)
        encoder_layers = nn.TransformerEncoderLayer(d_model=d_model, nhead=nhead,
dropout=dropout, batch_first=True)
        self.transformer_encoder = nn.TransformerEncoder(encoder_layers,
num_layers=num_layers)
        self.output_layer = nn.Linear(d_model, 1)

    def forward(self, src):
        src = self.input_projection(src)
        src = self.pos_encoder(src)
        output = self.transformer_encoder(src)
        output = self.output_layer(output[:, -1, :])
        return output

```

Додаток Б. Програмна реалізація підготовки даних та формування ковзного вікна для часових рядів.

```
import numpy as np
import torch
from torch.utils.data import Dataset, DataLoader

class FluDataset(Dataset):
    def __init__(self, data, seq_length):
        self.data = data
        self.seq_length = seq_length

    def __len__(self):
        return len(self.data) - self.seq_length

    def __getitem__(self, index):
        x = self.data[index:index + self.seq_length]
        y = self.data[index + self.seq_length]
        return torch.tensor(x, dtype=torch.float32), torch.tensor(y, dtype=torch.float32)

def create_dataloaders(data_array, seq_length, batch_size, train_split=0.8):
    train_size = int(len(data_array) * train_split)
    train_data = data_array[:train_size]
    test_data = data_array[train_size:]

    train_dataset = FluDataset(train_data, seq_length)
    test_dataset = FluDataset(test_data, seq_length)

    train_loader = DataLoader(train_dataset, batch_size=batch_size, shuffle=False)
    test_loader = DataLoader(test_dataset, batch_size=batch_size, shuffle=False)

    return train_loader, test_loader
```

Додаток В. Програмна реалізація рекурентної нейронної мережі довгої короткострокової пам'яті (LSTM). Програмна реалізація функцій для розрахунку метрик оцінювання якості прогнозування

```
import torch
import torch.nn as nn

class FluLSTM(nn.Module):
    def __init__(self, input_size=1, hidden_size=64, num_layers=2, dropout=0.1):
        super(FluLSTM, self).__init__()
        self.hidden_size = hidden_size
        self.num_layers = num_layers
        self.lstm = nn.LSTM(input_size, hidden_size, num_layers, batch_first=True,
dropout=dropout)
        self.fc = nn.Linear(hidden_size, 1)

    def forward(self, x):
        h0 = torch.zeros(self.num_layers, x.size(0), self.hidden_size).to(x.device)
        c0 = torch.zeros(self.num_layers, x.size(0), self.hidden_size).to(x.device)
        out, _ = self.lstm(x, (h0, c0))
        out = self.fc(out[:, -1, :])
        return out

import numpy as np
from sklearn.metrics import mean_squared_error, mean_absolute_error

def calculate_metrics(y_true, y_pred):
    mse = mean_squared_error(y_true, y_pred)
    mae = mean_absolute_error(y_true, y_pred)

    y_true_np = np.array(y_true)
    y_pred_np = np.array(y_pred)

    epsilon = 1e-8

    mrae = np.abs(y_true_np - y_pred_np) / (np.abs(y_true_np - np.roll(y_true_np, 1)) +
epsilon)
    gmrae = np.exp(np.mean(np.log(mrae[1:] + epsilon)))

    num = np.sqrt(np.mean((y_true_np - y_pred_np)**2))
    den = np.sqrt(np.mean(y_true_np**2)) + np.sqrt(np.mean(y_pred_np**2))
    theil_u1 = num / (den + epsilon)

    return mse, mae, gmrae, theil_u1
```