

融合时序成像和卷积网络的流感预测方法

孟罗春子^{1,2,3}, 薛红新^{1,2,3}, 杨晓文^{1,2,3}, 韩慧妍^{1,2,3}, 况立群^{1,2,3}, 梁海坚⁴

(1. 中北大学 计算机科学与技术学院, 山西 太原 030051;

2. 机器视觉与虚拟现实山西省重点实验室, 山西 太原 030051;

3. 山西省视觉信息处理及智能机器人工程研究中心, 山西 太原 030051;

4. 中北大学 软件学院, 山西 太原 030051)

摘要: 当前流感预测模型常采用传统流感监测数据作为一维数字流感序列来进行预测, 这种方法在特征提取方面存在局限, 无法有效挖掘序列中的深层信息, 从而影响其预测精度。为解决这一问题, 提出了一种端到端的基于图像编码的单变量卷积神经网络集成模型。该模型通过时间序列成像技术将一维数字序列编码为二维图像序列, 为模型提供基于图像的独特信息特征; 在此基础上, 利用集成群体智能优化算法设计并搭建了深度学习网络模型, 然后利用卷积神经网络图像处理方法进行特征提取, 完成对2013年—2019年和2019年—2023年两段流感数据集的流感预测。实验结果表明, 相较于基线模型方法, 该模型的平均绝对标度误差(MASE)和对称平均绝对百分比误差(sMAPE)分别为1.138, 2.307和10.505%, 13.881%, 流感预测性能更优, 且具备良好的鲁棒性和灵活性。此外, 实验结果还验证了卷积神经网络图像处理在流感时序预测领域中的优势和实用性。

关键词: 流感预测; 时序成像; 群体智能优化算法; 卷积神经网络

中图分类号: TP399

文献标识码: A

doi: 10.62756/jnuc.issn.1673-3193.2024.07.0025

引用格式: 孟罗春子, 薛红新, 杨晓文, 等. 融合时序成像和卷积网络的流感预测方法[J]. 中北大学学报(自然科学版), 2025, 46(4): 539-548.

MENG-LUO Chunzi, XUE Hongxin, YANG Xiaowen, et al. Influenza forecasting method by fusing time-sequence imaging and convolutional networks [J]. Journal of North University of China (Natural Science Edition), 2025, 46(4): 539-548.

Influenza Forecasting Method by Fusing Time-Sequence Imaging and Convolutional Networks

MENG-LUO Chunzi^{1,2,3}, XUE Hongxin^{1,2,3}, YANG Xiaowen^{1,2,3}, HAN Huiyan^{1,2,3},

KUANG Liqun^{1,2,3}, LIANG Haijian⁴

(1. School of Computer Science and Technology, North University of China, Taiyuan 030051, China;

2. Shanxi Provincial Key Laboratory of Machine Vision and Virtual Reality, Taiyuan 030051, China;

3. Shanxi Province's Vision Information Processing and Intelligent Robot Engineering Research Center, Taiyuan 030051, China;

4. School of Software, North University of China, Taiyuan 030051, China)

Abstract: The current influenza forecasting models often use traditional influenza surveillance data as one-

收稿日期: 2024-07-30

基金项目: 国家自然科学基金(62106238); 山西省科技重大专项计划“揭榜挂帅”项目(202201150401021); 山西省基础研究计划资助项目(20210302124541); 航空科学基金资助(202300340U0002)

作者简介: 孟罗春子(1996—), 女, 硕士生, 主要从事深度学习和流感预测的研究。

通信作者: 薛红新(1991—), 女, 副教授, 博士, 主要从事智能信息处理、计算机视觉的研究。E-mail: xhxhj2279@nuc.edu.cn。

dimensional digital influenza sequences to predict. This method has limitations in feature extraction and cannot effectively mine deep information in sequences, thus affecting its prediction accuracy. To solve this problem, we introduced an end-to-end integrated model of univariate convolutional neural network based on image coding in this paper. The model encoded one-dimensional digital sequences into two-dimensional image sequences which provided unique image-based information features for the model. On this basis, a deep learning network model was designed and built by integrating swarm intelligence optimization algorithm, and the image processing method of convolutional neural network was utilized for feature extraction to complete the influenza prediction of the influenza data sets from 2013 to 2019 and 2019 to 2023. Compared with the standard model method, the experimental results show that MASE and sMAPE are 1.138, 2.307 and 10.505%, 13.881%, respectively. The model has better performance, good robustness and flexibility in predicting influenza. In addition, the experimental results also verify the advantages and practicability of convolutional neural network image processing in the field of influenza time series forecasting.

Key words: influenza forecasting; time-sequence imaging; swarm intelligence optimization algorithm; convolutional neural network

0 引言

流行性感感冒,简称“流感”,是一种由流感病毒引起的常见急性呼吸道传染病^[1],因其具有潜伏期短、传播性强、传播速度快的特点^[2],被视为一种全球性的公共卫生威胁。据世界卫生组织(WHO)统计,全球每年约有10亿人被感染,其中多达50万人死于流感。因此,应该采取有效的流感预防手段来避免大规模流感的爆发^[3]及其带来的严重社会影响。目前,全球公认的预防流感大流行的最有效方法之一是按时接种流感疫苗^[4],但疫苗生产耗时,至少需要提前6个月制定详细的疫苗生产策略^[5]。这种长期战略存在很大的不确定性,导致流感季节中流感疫苗的供需不平衡。因此,在现有的流感监测基础上,积极开展流感预测并提前实施预防干预对流感防控至关重要。

国内外学者对流感预测问题进行了大量研究,最初的流感预测模型是基于经典的“易感-感染-恢复”(Susceptible-Infected-Recovered, SIR)流行病学模型^[6-9]构建的。然而,传统的流感预测模型在参数调整方面繁琐,同时受限于当时的技术环境,难以实现数据的实时获取。随着人工智能技术的逐步发展,机器学习(Machine Learning, ML)和深度学习(Deep Learning, DL)开始在数据分析和预测建模等任务中广泛应用^[10]。Soebiyanto等^[11]利用与流感病例具有显著相关性的气候变量作为输入,建立了几种不同的自回归综合移

动平均(Autoregressive Integrated Moving Average Model, ARIMA)模型。Volkova等^[12]通过社交媒体数据产生的各种语言时序信号,采用基于递归神经网络(Recurrent Neural Network, RNN)的长短期记忆(Long Short Term Memory, LSTM)进行流感预测,表现出卓越的预测性能。然而,单一模型往往因其固有的局限性在进一步提升预测性能方面遭遇瓶颈,且预测结果的鲁棒性欠佳。

鉴于此,国内外学者将目光投向了混合模型,致力于探索其在流感预测中的潜力。混合模型旨在弥补单一模型的不足,通过结合多种单一模型的优点来提升预测精度和结果的稳定性。Jung等^[13]提出了一种基于自注意力机制的深度学习网络SAIFlu-Net。Lee等^[14]通过结合一维卷积网络(Convolutional Neural Network, CNN)与经典循环神经网络的变体,如长短期记忆网络(LSTM)和门控循环单元(GRU),构建了多种混合模型。结果表明,这种结合有助于提升流感预测的准确性。

随着流感时间序列数据的持续累积,以及分析需求的日益深化与扩展,提升流感预测精度面临着越来越大的挑战。当前,基于卷积神经网络的流感预测方法,在保留时间序列数据的时间结构特性上,主要依赖的是将一维的流感序列整体作为输入,而非将其拆解为独立的数值点。这种做法不仅忽视了时间序列数据与数据之间蕴含的丰富的潜在信息,同时也未能充分利用CNN在图像处理领域的卓越能力。

近年来,时间序列分析领域出现了一个新兴的研究方向,即将时间序列数据转化为图像,借助二维卷积与预测神经网络的复合模型对序列进行分析。例如, Semenoglou 等^[15]提出了一种基于图像的 ForCNN 模型,预测准确性和计算时间方面均优于 M4 竞赛的最优模型和其余基准模型。

流感序列作为一种特殊的时间序列数据,具有多种可被预测的特征,如趋势性、周期性,但同时也因其外部影响因素过多而呈现出与其他领域时间序列不同的非线性、季节性等复杂特征。尽管针对流感预测已经提出了大量预测模型,但大多数模型只能在顺序内的每个观测值与待预测的观测值之间建立一维映射关系,这使得流感数据顺序内每个观测值之间的时间相关性等重要特征无法得到充分利用,导致在预测过程中丢失一些重要信息。

为了充分挖掘流感数据的深层信息并发挥卷积网络在计算机视觉处理方面的优势,本文提出了一个端到端的、基于图像编码的卷积网络集成

模型 IMG-CNN-SSA (Image Coding Convolutional Network Model with SSA Optimization Algorithm), 将其用于单变量流感时序预测。

该模型对流感数据进行图像编码,嵌入了流感数据间的相关性等关键信息,并利用变体卷积网络对得到的图像进行深度处理,通过麻雀搜索算法(Sparrow Search Algorithm, SSA)对变体卷积网络的关键参数进行优化,找到最优的参数解来构建特征提取模型结构,使其能够充分提取原始流感数据中嵌入的有效特征,体现 CNN 在图像处理方面的优势。此外,将图像特征与流感数据的时间特征进一步结合并输入到多层感知机(Multi-layer Perceptron, MLP)中进行流感预测,经过 MLP 的处理,模型能够有效利用提取到的特征进行预测,并保持较高的预测精度。同时,借助 MLP 的轻量级特性,模型的计算时间和计算资源也可以得到有效减少。

本文模型与上述模型的功能对比如表 1 所示。

表 1 各模型的功能性对比
Tab. 1 Comparison of models function

模型	时间	模型预测方法	模型的优势与不足
ARIMA-RF-SVM-XGB 集成模型	2020 年	通过堆叠 RF、ARIMA、SVM 和 XGB 四种统计类模型构成集成模型。	集成模型与其中任一单一模型相比效果更加稳健,但没有提取流感数据本身的独有的特征信息。
SAIFlu-Net	2021 年	通过自注意力机制识别地域相关性作为预测补充信息,再使用 LSTM 的循环机制提取长流感序列的时间特征来进行预测。	强调了流感序列的时间特征,提升了预测精度。但 LSTM 强调的是序列整体时间性,对流感序列其他特征挖掘不足。
CNN-RNN	2021 年	使用一维 CNN 变体加强对流感序列局部特征的提取,再使用 RNN 对流感序列进行预测。	强调了流感序列的局部特征,补充了 RNN 挖掘全局特征缺失视角,不但验证了卷积网络在流感预测的可行性,而且提升了预测精度。但每个观测值与待预测的观测值仍然是一维映射关系,忽视了时间序列数据与数据之间蕴含的丰富潜在信息,同时也未能充分利用 CNN 在图像处理领域的卓越能力。
ForCNN	2023 年	将时间序列数据切片绘制成的折线灰度图作为模型输入,通过二维 CNN 变体与神经网络模型的复合模型进行时间预测。	验证了二维 CNN 在时序预测领域仍具有强大的分析能力,提升了预测模型性能。但对于二维数据输入仅使用数据折线图简单处理,并未嵌入更多信息维度。
IMG-CNN-SSA	2024 年	使用时间序列成像技术将流感数据切片绘制为图像,利用基于 SSA 优化算法的二维 CNN 变体与神经网络集成模型进行流感预测。	通过时间序列成像技术在数据处理阶段为数据嵌入每个观测值间的关系,补充信息维度,并通过优化算法增加了集成模型的鲁棒性,提升了流感预测精度。

1 IMG-CNN-SSA 流感预测方法

1.1 时间序列成像技术

常见的时间序列成像技术有 3 种: 格拉姆角场(Gramian Angular Field, GAF)、递归图(Recurrence Plot, RP)、马尔可夫转移场(Markov Transition Field, MTF)。这些技术可以将时序内的每个观测值之间的时间相关性映射到生成图像中的

像素中,保留时间序列中固有的时间和空间关系,并挖掘时序趋势和周期性等特征。

1.1.1 格拉姆角场

格拉姆角场^[16]是将时间序列变换成图像的一种编码方式,常被应用于时频信号的处理。其思想主要来源于线性代数中格拉姆矩阵的概念,该矩阵由序列中两两向量的内积组成。

具体实现过程如下:

首先将流感目标序列定义为 $x =$

$\{x_1, x_2, \dots, x_i, \dots, x_n\}$, 使用式(1)将其规范化在 $[0, 1]$ 区间内。

$$\tilde{x}_i = \frac{x_i - \min(x)}{\max(x) - \min(x)}, \quad (1)$$

式中: \tilde{x}_i 为缩放后的对应序列观测值。将缩放后的流感序列 \tilde{x} 转换为极坐标系, 半径是时间戳 $r_i = t_i/N$, 其中, t_i 为 \tilde{x}_i 的时间戳, N 为流感目标序列所包含的所有观测值个数。角度计算表示为

$$\varphi_i = \arccos(\tilde{x}_i), \varphi \in \left[0, \frac{\pi}{2}\right]. \quad (2)$$

最后, 使用定义增添了 \arccos 的 GADF 矩阵式(3)进行图像编码。

$$\begin{aligned} GADF &= \sin(\arccos(\tilde{x}_i) - \arccos(\tilde{x}_j)) = \\ &= \sin(\arccos(\tilde{x}_i)) \cos(\arccos(\tilde{x}_j)) - \\ &= \cos(\arccos(\tilde{x}_i)) \sin(\arccos(\tilde{x}_j)) = \\ &= \sqrt{1 - \tilde{x}_i^2} \tilde{x}_j - \tilde{x}_i \sqrt{1 - \tilde{x}_j^2}. \end{aligned} \quad (3)$$

将式(3)生成的矩阵作为图像编码的输出。

1.1.2 递归图

递归图^[17]因其可以有效地捕捉时间序列内部结构的相似性和稳定性, 常被用于分析时间序列数据中的周期性和非平稳性。其核心思想主要是基于相空间重构, 将时间序列数据转换为相空间中的轨迹后, 分析这些轨迹的重现性。

具体实现过程如下:

首先, 将流感目标序列 $x = \{x_1, x_2, \dots, x_i, \dots, x_n\}$ 中的每个 x_i 转换为相空间中的相应状态轨迹 $\vec{x}_i = \{x_i, x_{i+\tau}, \dots, x_{i+(m-1)\tau}\}$, 其中, m 为轨迹的维数, τ 为时延。

然后, 根据式(4)计算每条轨迹间成对的距离, 得到一个 $n \times n$ 的矩阵作为编码过程的输出。

$$R_{i,j} = \Theta(\epsilon - \|\vec{x}_i - \vec{x}_j\|), \quad (4)$$

式中: Θ 为 Heaviside 函数; ϵ 为阈值。

1.1.3 马尔可夫转移场

马尔可夫转移场^[18]是基于马尔可夫转移矩阵的一种图像编码方法。核心思想是将时间序列的时间推移看成是一个马尔可夫过程, 通过构造马尔可夫转移矩阵, 并拓展为马尔可夫转移场, 从而实现图像编码。

具体实现过程如下:

首先, 将流感目标序列 $x = \{x_1, x_2, \dots, x_i, \dots, x_n\}$ 分为 Q 个分位箱, 并标记序号, 其中每个分箱内的数量相同。

其次, 将流感序列中的每个 x_i 更改为其对应

的分位箱序号, 构造转移矩阵 W , 如式(5)所示。

$$W = \begin{bmatrix} w_{11} & w_{12} & \dots & w_{1Q} \\ w_{21} & w_{22} & \dots & w_{2Q} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ w_{Q1} & w_{Q2} & \dots & w_{QQ} \end{bmatrix}, \quad (5)$$

式中: w_{ij} 表示分位箱 i 转移到分位箱 j 的频率, $\sum_j w_{ij} = 1$ 。

得到转移矩阵 W 后, 通过式(6)得到一个 $n \times n$ 的矩阵并将其作为图像编码的输出。

$$M = \begin{bmatrix} w_{ij} | x_1 \in q_i, x_1 \in q_j & \dots & w_{ij} | x_1 \in q_i, x_N \in q_j \\ w_{ij} | x_2 \in q_i, x_1 \in q_j & \dots & w_{ij} | x_2 \in q_i, x_N \in q_j \\ \vdots & \vdots & \vdots \\ w_{ij} | x_N \in q_i, x_1 \in q_j & \dots & w_{ij} | x_N \in q_i, x_N \in q_j \end{bmatrix}. \quad (6)$$

1.2 SSA 优化算法

SSA 优化算法是东华大学的Xue等^[19]受到麻雀群体的觅食行为和反捕食行为的启发后于2020年提出的一种新型仿生算法。SSA 算法模拟了这一行为过程, 展现出卓越的寻优能力和较强的收敛性。其具体算法过程如下:

首先需要生成对事物进行寻找的单只麻雀构成的麻雀种群, 具体表示为

$$X = \begin{bmatrix} x_1^1 & x_1^2 & \dots & x_1^d \\ x_2^1 & x_2^2 & \dots & x_2^d \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ x_n^1 & x_n^2 & \dots & x_n^d \end{bmatrix}, \quad (7)$$

式中: d 为模型需要优化参数的维度; n 为设定的麻雀数量。所有麻雀的适应度值可以表示为

$$F_x = \begin{bmatrix} f([x_1^1 & x_1^2 & \dots & x_1^d]) \\ f([x_2^1 & x_2^2 & \dots & x_2^d]) \\ \vdots \\ f([x_n^1 & x_n^2 & \dots & x_n^d]) \end{bmatrix}, \quad (8)$$

式中: f 为算法中适应度函数。

在SSA算法中拥有较好适应度值的个体由于会优先获取食物而成为探索者, 探索者负责为整个麻雀种群提供觅食的区域和方向, 同时当麻雀发现天敌时, 会发出鸣叫作为报警信号。当报警值大于安全值时, 探索者将会引导追随者到其它安全区域进行觅食。在每次迭代过程中, 探索者位置更新表示为

$$X_{ij}^{t+1} = \begin{cases} X_{ij}^t \exp\left(\frac{-i}{\alpha iter_{max}}\right), & R_2 < ST, \\ X_{ij}^t + QL, & R_2 \geq ST, \end{cases} \quad (9)$$

式中: X_{ij}^t 表示在当前迭代数中麻雀个体的位置; $iter_{max}$ 为最大迭代次数; α 为 $[0, 1]$ 内的随机数; Q 是服从标准正态分布的随机数; L 是元素均为 1 的 $1 \times d$ 矩阵; $R_2 \in [0, 1]$ 是预警值; $ST \in [0.5, 1]$ 是安全值。当 $R_2 < ST$ 时, 代表周围没有天敌, 探索者会进行全局搜索; 当 $R_2 \geq ST$ 时, 代表个别麻雀发现天敌并发出警报, 此时所有麻雀个体都将飞到其它安全位置进行觅食。追随者的位置更新表示为

$$X_{ij}^{t+1} = \begin{cases} Q \exp\left(\frac{x_{worst}^t - x_{ij}^t}{i^2}\right), & i > \frac{n}{2}, \\ X_p^{t+1} + |X_{ij}^t - X_p^{t+1}| A^+ L, & otherwise, \end{cases} \quad (10)$$

式中: X_{worst} 是全局最差的位置; X_p 是目前探索者所占据的最优位置; $A^+ = A^T(AA^T)^{-1}$, 其中 A 是元素随机赋值为 1 或 -1 的 $1 \times d$ 矩阵。当 $i > \frac{n}{2}$ 时, 这表明适应度较低的第 i 个追随者状态极差,

将飞往其他地方觅食, 以获取更多食物。

在算法中, 会假设种群内的 10%~20% 的个体会察觉到天敌并发出警报, 这些个体的初始位置在种群中随机产生, 表示为

$$X_{ij}^{t+1} = \begin{cases} X_{best}^t + \beta |X_{ij}^t - X_{best}^t|, & f_i > f_g, \\ X_{ij}^t + K \left(\frac{|X_{ij}^t - X_{worst}^t|}{(f_i - f_w) + \epsilon} \right), & f_i = f_g, \end{cases} \quad (11)$$

式中: X_{best} 是当前全局最优位置; β 是服从标准正态分布的步长控制参数; $K \in [-1, 1]$ 是一个随机数, 表示麻雀移动方向; f_i 是当前麻雀个体的适应度值; f_g 和 f_w 分别是当前全局最佳和最差适应度值; ϵ 是一个极小常数, 避免分母出现零。当 $f_i > f_g$ 时, 表示当前麻雀个体处于种群边缘, 极容易受到天敌的攻击; 当 $f_i = f_g$ 时, 表示位于种群中间的麻雀意识到了天敌威胁, 需要与其他麻雀相互靠近以避免被捕食。

1.3 IMG-CNN-SSA 模型

本文设计的 IMG-CNN-SSA 模型如图 1 所示, 主要包含特征提取模块和预测输出模块两部分。

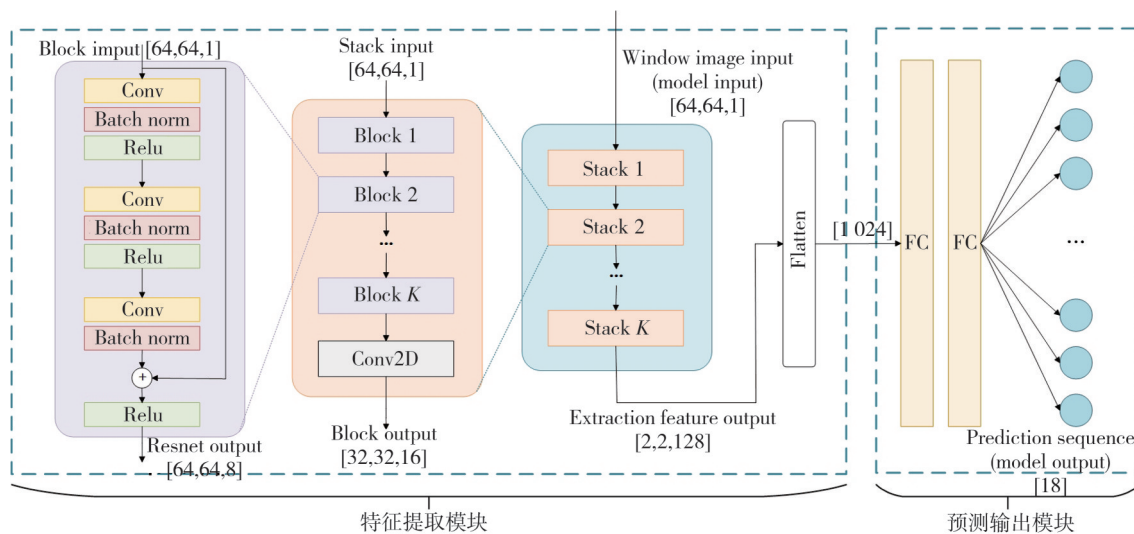


图 1 IMG-CNN-SSA 模型结构图

Fig. 1 Architecture of IMG-CNN-SSA

1.3.1 特征提取模块

流感特征提取模块是利用 ResNet 网络^[20]各层之间的“快捷连接方式”的基本思想和堆栈结构嵌套结合的变体卷积网络。该模块整体有三层嵌套结构, 本文在中间层嵌套结构中增加了一个二维卷积层, 使模块在保留主要特征的同时, 减少训练的参数和计算量。

底层结构由多个基础块构成, 每个基础块包含

3 个关键组件: 二维卷积层(Conv2D)、批归一化(Batch Normalization)和 Relu 激活函数。在构建底层结构时, 这些基础块被依次堆叠起来。为了进一步优化网络性能, 在最后一个基础块的 Relu 激活函数层之前引入了 ResNet 网络的“快捷连接方式”, 使输入信息能够直接映射到其输出, 使模型能够保留其原始特征的一部分, 从而有助于减少信息丢失并提高网络的训练效率。具体表现为

$$\begin{aligned}
f_{\text{block}}(\mathbf{X}) &= \text{Relu}(\text{BN}(\text{Conv}(\mathbf{X}))), \\
F_{\text{block}}(\mathbf{X}) &= \text{BN}(\text{Conv}(f_{\text{block}}(f_{\text{block}}(\mathbf{X}))), \\
\mathbf{y}_k &= h(\bar{\mathbf{x}}_k) + F_{\text{block}}(\bar{\mathbf{x}}_k), \\
\bar{\mathbf{x}}_{k+1} &= f(\mathbf{y}_k),
\end{aligned} \quad (12)$$

式中: $\bar{\mathbf{x}}_k$ 和 $\bar{\mathbf{x}}_{k+1}$ 分别表示的是第 k 个基础残差块的输入和输出; $h(\bar{\mathbf{x}}_k) = \bar{\mathbf{x}}_k$ 表示恒等映射; $f(\mathbf{y}_k)$ 为 Relu 激活函数^[21]; $F_{\text{block}}(\bar{\mathbf{x}}_k)$ 是残差函数。每个二维卷积层都使用 3×3 的过滤器和零填充来保持输入维度不变。

中层结构是一个由多个基础块堆叠组成的堆栈,然而随着网络的加深,模型存在难以训练、精度下降的问题。为了解决此问题,在基础块堆叠到一定数量后再增加一个包含了 2×2 的过滤器和 2 个步幅的二维卷积层,保留主要特征的同时减少参数和计算量,防止模型过拟合,映射具体表示为

$$F_{\text{stack}}(\mathbf{X}) = \text{Conv2D}(\text{concat}(F_{\text{block1}}, \dots, F_{\text{block}n})). \quad (13)$$

顶部结构由上述堆栈结构组成,图像作为输入,最终将生成的特征图通过平展层进行平展得到最终特征 $\bar{\mathbf{X}} = \{\bar{\mathbf{x}}_1, \bar{\mathbf{x}}_2, \dots, \bar{\mathbf{x}}_n\}$, 整个特征提取模块的完整映射为

$$F_{\text{final}} = \text{concat}(F_{\text{stack1}}, \dots, F_{\text{stack}n}). \quad (14)$$

1.3.2 输出模块

输出模块为 MLP 模型结构,模块由两层全连接非线性层和线性输出层构成。计算模型输入的流感序列

$$\hat{\mathbf{y}} = \delta(\mathbf{W}\bar{\mathbf{X}} + b), \quad (15)$$

式中: δ 为激活函数 Relu 函数; \mathbf{W} 为参数向量; b 为偏置值。

损失函数是平均绝对误差(MAE),计算公式为

$$\text{MAE} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n |\hat{y}_i - y_i|, \quad (16)$$

式中: \hat{y}_i 为模型预测值; y_i 为序列真实值。

1.4 集成 IMG-CNN-SSA 流感预测方法

本文中提出的 IMG-CNN-SSA 流感预测方法整体流程如图 2 所示。具体流程如下:

1) 原始数据分析。原始流感数据具有强烈的季节性,通过使用 STL 分解方法(Seasonal and Trend Decomposition using Loess)来捕捉原始数据的季节性模式,利用捕捉到的季节性周期,确定切割数据的切片周期大小。

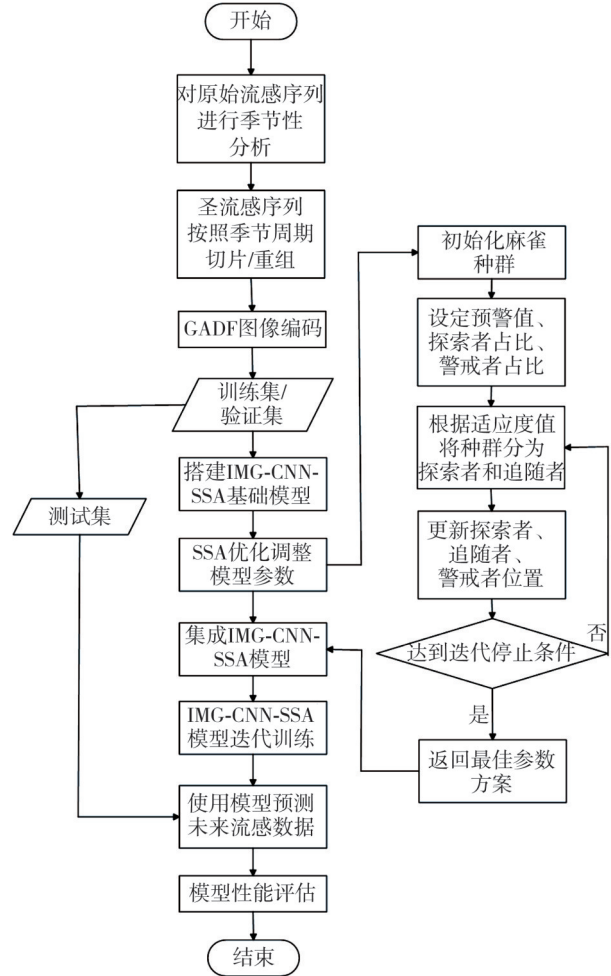


图 2 IMG-CNN-SSA 集成模型流程图

Fig. 2 IMG-CNN-SSA flow chart diagram

2) 数据编码与重构。利用滚动切片的方法将每条原始流感数据的样本划分为彼此独立的 n 个等大小的子序列切片,并将划分出的子序列切片通过时间序列成像技术编码为图像。将图像序列按表达式(17)重构为最终模型输入序列。其中, K 为流感序列, H 为图像大小, ℓ 为使用的时序成像技术, $\ell \in \{GADF, RP, MTF\}$ 。

$$M_{\ell} = \begin{bmatrix} \mathbf{x}_{1,1}^{\ell} & \cdots & \mathbf{x}_{1,h}^{\ell} & \cdots & \mathbf{x}_{1,H}^{\ell} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ \mathbf{x}_{k,1}^{\ell} & \cdots & \mathbf{x}_{k,h}^{\ell} & \cdots & \mathbf{x}_{k,H}^{\ell} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ \mathbf{x}_{K,1}^{\ell} & \cdots & \mathbf{x}_{K,h}^{\ell} & \cdots & \mathbf{x}_{K,H}^{\ell} \end{bmatrix}. \quad (17)$$

3) IMG-CNN-SSA 模型参数初始化。为了避免人工设置参数的干扰,本文利用 SSA 算法对所构建模型的基础残差块数、堆栈数和初始过滤器数三个重要参数进行优化。通过对重要参数进行训练和优化,找到最佳参数配置,再将参数返回到模型中。

4) 模型预测及评价。数据通过上述生成的模型进行拟合和测试,输出预测结果,对结果进行评价

并记录。

2 实验与结果分析

2.1 实验环境与数据来源

本文主要程序基于开源深度学习框架 TensorFlow2.9 及其内置的 Keras 构建神经网络并进行模型的训练和测试;处理器使用的是频率为 2.10 GHz 的 Intel i7-12700CPU;显卡为 NVIDIA GeForce RTX 3060 12 GB;操作系统使用 Windows11。

数据集主要采用中国国家流感中心(<https://ivdc.chinacdc.cn/cnic/>)发布的 2013 年至 2023 年期间每周记录的流感样病例(Influenza-Like Illness,ILI),包含了全国流感人数、南北方流感人数和南北方流感样病例 5 条时间序列,共 2 927 个数据点。本文将每条序列的 80% 作为训练集,20% 作为验证集。

由于 2019 年 12 月后新冠疫情爆发,导致此时间点后的流感数据波动较大,为了更好的评估模型的鲁棒性,本文以 2019 年为节点,将数据集分割为两段数据集进行分析,即 2013 年第 27 周到 2019 年 38 周和 2019 年 38 周到 2023 年第 52 周的流感数据。

2.2 数据分析与编码

大多数时间序列成像技术的图像编码方式是将整条长时间序列直接通过图像编码转换为二维图像,或者是对时间序列进行分解后随机截取一段信号来进行图像编码。前者会因时间观测值之间的交互关系而扩大原始数据中的噪音或异常点的影响,使之后模型对特征的提取表征不足;后者的随机截取很大程度上会造成原始数据的部分重要特征丢失。

本文的图像编码方法先通过滚动切割流感序列使其子序列成为彼此独立的观察样本,再进行重构。该方法不仅降低了原始流感数据样本中异常点对整体数值造成的影响,还完全保留了原始数据的特征信息。

选择切片周期大小,进一步提升模型精确度至关重要。本文以全国流感人数为例,通过 STL 模型对原始流感数据进行季节性分解,如图 3 所示。

从图 3 中可以看出数据以 54 周为一组时具有季节周期性,所以本文将 54 周作为一个周期进行

滚动切片。其中,对每一个切片的前 36 周的数据进行图像编码,后 18 周的数据用于预测。

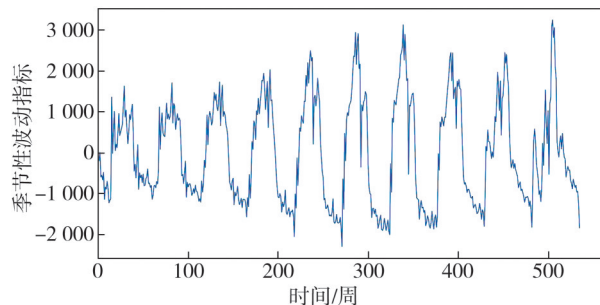


图 3 全国流感人数季节性分解图

Fig. 3 Seasonal decomposition of influenza numbers across the country

为简化模型的最终输入,并降低处理图像时的内存需求,选择使用灰度图编码图片序列。图 4 展示了 3 种时间序列成像技术对图像编码后的流感序列切片。

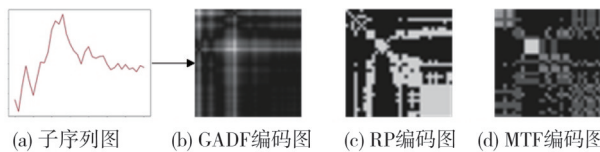


图 4 图像编码切片

Fig. 4 Image coded slices

通过观察图片可以得出,同一段流感数据的切片图像编码图均呈现了一定分布规律,其中 RP 图像比 MTF 图像更为清晰,GADF 图像和 PR 图像、MTF 图像存在部分互补性。

2.3 实验参数设置

本文关于 IMG-CNN-SSA 模型相关参数的详细信息如表 2 所示。表中包括 SSA 算法参数选取以及优化模型参数所考虑的搜索空间和最佳取值。

表 2 模型模块参数

Tab. 2 Parameters of model module

参数	搜索空间	2013—2019年 数据参数取值	2019—2023年 数据参数取值
堆栈数量	[3,10.1]	3	6
基础残差块数量	[3,10.1]	7	7
初始过滤器数量	[8,20.1]	16	10
全连接层数		2	2
优化		Adam	Adam
学习率		0.001	0.001
批量大小	[32,64,128]	64	64
损失函数		MAE	MAE
SSA 适应度函数		sMAPE	sMAPE
SSA 探索者占比/%		20	10
SSA 警戒者占比/%		20	10

2.4 评价指标

本文使用平均绝对标度误差(MASE)和对称平均绝对百分比误差(sMAPE)作为模型性能评价的指标。

$$MASE = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \left| \frac{y_i - \hat{y}_i}{\sum_{i=2 \dots n} \frac{|y_i - y_{i-1}|}{n}} \right|, \quad (18)$$

$$sMAPE = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{|y_i - \hat{y}_i|}{(y_i + \hat{y}_i)/2} \times 100, \quad (19)$$

式中: y_t 为 t 时刻流感真实值; \hat{y}_t 为 t 时刻流感模型预测值; n 为流感历史观测值数量。

2.5 实验结果与分析

为了更加科学有效地验证出本文所搭建的IMG模型的预测准确性,本文设计了4组实验:1)选取LSTM、SARIMA、MLP三种单一经典流感预测模型进行预测性能对比;2)选取了1D-CNN+LSTM、2D-CNN+LSTM、2D-CNN+GRU、ForCNN四种新型混合模型进行预测性能对比,其中二维输入模型中的图片均采用GADF编码方式进行编码处理;3)选取结合GADF、RP、MTF三种时序成像技术的IMG-CNN-SSA模型进行预测性能对比;4)对模型进行消融实验,验证模型每一模块的必要性。其中,IMG-CNN-SSA-1是移除图像编码单元和SSA算法集成单元的模型、IMG-CNN-SSA-2是仅移除SSA优化算法集成单元的模型、IMG-CNN-SSA-3是仅移除图像编码单元的模型。所有模型采用相同的实验环境,实验结果均使用在可信范围内的最佳数值。

表中的粗体数据代表了本次对比实验的最优结果,通过观察表3可知,本文设计的预测方法的评价指标在两个数据集上都明显优于其他模型。

对比实验1中模型的预测结果,本文提出的IMG-CNN-SSA的3个模型和SARIMA模型在指标性能上明显优于LSTM模型,因此季节性提取能力显著。LSTM模型由于其特有的循环机制对时序信息具有较好的提取能力,但对季节性特征的提取能力明显下降。

表3 模型预测结果对比

Tab. 3 Comparison of model prediction results

模型	2013—2019年数据		2019—2023年数据	
	MASE	sMAPE/%	MASE	sMAPE/%
LSTM	1.482	14.259	3.024	18.872
SARIMA	1.498	13.416	3.426	18.774
MLP	1.954	15.442	3.316	20.461
1D-CNN+LSTM	1.416	14.007	2.699	18.157
2D-CNN+LSTM	1.155	11.954	2.550	14.855
2D-CNN+GRU	1.366	13.153	2.578	15.885
ForCNN	1.409	13.286	2.663	16.260
IMG-CNN-SSA-GADF	1.138	10.505	2.307	13.881
IMG-CNN-SSA-RP	1.365	13.137	2.449	14.424
IMG-CNN-SSA-MTF	1.406	12.583	2.306	13.926
IMG-CNN-SSA-1	1.447	14.437	4.750	30.352
IMG-CNN-SSA-2	1.241	12.306	4.028	25.177
IMG-CNN-SSA-3	1.371	13.207	2.750	17.144

对比实验2中模型的预测结果,本文IMG-CNN-SSA模型在指标性能上优于其他4个基线模型。1D-CNN-LSTM模型使用一维流感数据作为输入,卷积网络虽然增强了局部特征提取能力,提升了预测性能,但对数据间的潜在信息以及远距离时间依赖关系的处理能力不足,造成其性能明显差于其他3个模型。ForCNN模型是将流感数据切片的灰度折线图作为输入,可能因其在图像处理阶段嵌入更多数据间的潜在关系,所以预测性能不足。因LSTM更加善于提取时序间的信息,2D-CNN+LSTM模型的性能优于2D-CNN+GRU模型,与本文模型的结果相差无几,但在实验过程中,本文提出的模型使用时间远短于该模型,节省了更多计算资源和实验时间。从图5的预测结果图也可以看出,IMG-CNN-SSA模型的预测结果相比实验2中的其他模型更加接近真实值。

对比实验3中模型的预测结果发现,通过GADF时序成像技术进行图像编码后,综合来看其评价指标优于另外两个时序成像技术。

对比实验4中消融实验的预测结果可知,本文设计的完整模型IMG-CNN-SSA的评价指标均优于移除了部分单元的局部模型。

这些结果表明,时序成像技术在处理一维数字流感数据方面展现出了显著优势。该技术能够深入挖掘数据中的独特空间特征,并通过图像编码保留了数据间的共现信息与潜在关系。这一特点有效弥补了一维卷积网络在处理数据时只提取局部特征而容易忽略时序间依赖关系的局限性,从而提升了模型性能。

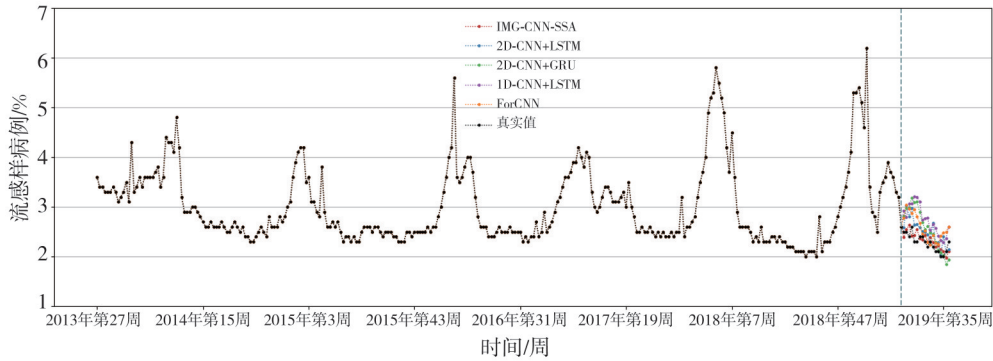


图 5 模型预测对比

Fig. 5 Comparison of model prediction

此外,在面临由外部因素引起的数据波动时,即使在没有协变量支持的情况下,采用SSA优化算法的集成模型依然能够有效地优化模型参数。通过所构建的模型结构,该算法不仅提升了模型的运行效率和预测性能,还显著增强了模型的鲁棒性和泛化能力,表明即使在复杂多变的数据环境中,该模型也能够保持稳定的预测效果,从而为流感预测提供了有力的支持。

3 结 论

本文利用可视化流感序列表示和相关模型架构,研究了卷积网络图像处理方法对流感预测模型预测性能的影响。所提出的SResMDM模型基于格拉姆角场图像编码,利用深度卷积网络对其进行特征提取,同时集成了SSA优化算法来优化重要参数,构成了一个端到端的单变量流感预测模型。实验结果表明,相较于基线模型,该模型的流感预测性能更优,具备良好的鲁棒性和泛化能力,证明了利用卷积网络图像处理方法构建模型进行流感预测是可行且有效的。在今后的实验研究中,还可以通过引入更丰富的数据表现形式和信息提取方法,集成先进的深度学习网络来更新本文中构建的模型,从而提升流感预测的准确性。

参考文献:

[1] 钟发德,张莉娜,孙红艳.一起流行性感冒爆发调查[J].浙江预防医学,2009,21(1):31-32.
ZHONG Fade, ZHANG Lina, SUN Hongyan. Investigation on an outbreak of influenza[J]. Zhejiang Journal of Preventive Medicine, 2009, 21(1): 31-32. (in Chinese)
[2] 吴家琳.甲型H1N1流感医院感染预防和控制[J].临

床肺科杂志,2009,14(10):1414.
WU Jialin. Prevention and control of nosocomial infection of influenza A(H1N1)[J]. Journal of Clinical Pulmonary Medicine, 2009, 14(10): 1414. (in Chinese)
[3] 柴国荣,王斌,沙勇忠.基于多机器学习方法联合的公共卫生风险预测研究——以兰州市流感预测为例[J].数据分析与知识发现,2021,5(1):90-98.
CHAI Guorong, WANG Bin, SHA Yongzhong. Public health risk forecasting with multiple machine learning methods combined: Case study of influenza forecasting in Lanzhou, China [J]. Data Analysis and Knowledge Discovery, 2021, 5 (1) : 90-98. (in Chinese)
[4] NICHOL K L, NORDIN J D, NELSON D B, et al. Effectiveness of influenza vaccine in the community-dwelling elderly [J]. The New England Journal of Medicine, 2007, 357(14): 1373-1381.
[5] AGOR J K, ÖZALTIN O Y. Models for predicting the evolution of influenza to inform vaccine strain selection [J]. Human Vaccines & Immunotherapeutics, 2018, 14(3): 678-683.
[6] BIGGERSTAFF M, JOHANSSON M, ALPER D, et al. Results from the second year of a collaborative effort to forecast influenza seasons in the United States [J]. Epidemics, 2018, 24: 26-33.
[7] WON M, MARQUES-PITA M, LOURO C, et al. Early and real-time detection of seasonal influenza onset [J]. PLoS Computational Biology, 2017, 13 (2): e1005330.
[8] OSTHUS D, HICKMANN K S, CARAGEA P C, et al. Forecasting seasonal influenza with a state-space SIR model [J]. The Annals of Applied Statistics, 2017, 11(1): 202-224.
[9] ZHANG Q, PERRA N, PERROTTA D, et al. Forecasting seasonal influenza fusing digital indicators and a mechanistic disease model[C]// Proceedings of

- the 26th International Conference on World Wide Web, 2017: 311-319.
- [10] KEELING M J, DYSON L, TILDESLEY M J, et al. Comparison of the 2021 COVID-19 roadmap projections against public health data in England [J]. *Nature Communications*, 2022, 13(1): 4924.
- [11] SOEBIYANTO R P, KIANG R. Meteorological parameters as predictors for seasonal influenza[J]. *Geocarto International*, 2014, 29(1): 39-47.
- [12] VOLKOVA S, AYTUN E, PORTERFIELD K, et al. Forecasting influenza-like illness dynamics for military populations using neural networks and social media[J]. *PLoS One*, 2017, 12(12): e0188941.
- [13] JUNG S, MOON J, PARK S, et al. Self-attention-based deep learning network for regional influenza forecasting [J]. *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics*, 2022, 26(2): 922-933.
- [14] LEE K, RAY J, SAFTA C. The predictive skill of convolutional neural networks models for disease forecasting[J]. *PLoS One*, 2021, 16(7): e0254319.
- [15] SEMENOGLOU A A, SPILLOTIS E, ASSIMAKOPOULOS V. Image-based time series forecasting: A deep convolutional neural network approach[J]. *Neural Networks*, 2023, 157: 39-53.
- [16] WANG Z, OATES T. Encoding time series as images for visual inspection and classification using tiled convolutional neural networks [C]//AAAI-15: Twenty-Ninth Conference on Artificial Intelligence, 2015: 40-46.
- [17] ECKMANN J P, KAMPHORST S O, RUELLE D. Recurrence plots of dynamical systems [J]. *Europhysics Letters*, 1987, 4(9): 973-977.
- [18] WANG Z, OATES T. Imaging time-series to improve classification and imputation [DB/OL]. (2015-06-01) [2024-07-25]. <https://arxiv.org/abs/1506.00327>.
- [19] XUE J, SHEN B. A novel swarm intelligence optimization approach: Sparrow search algorithm [J]. *Systems Science & Control Engineering*, 2020, 8(1): 22-34.
- [20] HE K, ZHANG X, REN S, et al. Deep residual learning for image recognition [C]//2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), 2016: 770-778.
- [21] NAIR V, HINTON G E. Rectified linear units improve restricted boltzmann machines [C]// Proceedings of the 27th International Conference on Machine Learning (ICML-10), 2010: 807-814.

(上接第 538 页)

- [13] VAN DEN DRIESSCHE P, WATMOUGH J. Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission [J]. *Mathematical Biosciences*, 2002, 180 (1/2): 29-48.
- [14] LASALLE J P. The stability of dynamical systems [M]. Philadelphia: SIAM Press, 1976.
- [15] 王拉娣. 传染病动力学模型及控制策略研究[D]. 上海: 上海大学, 2005.
- [16] BUTLER G, WALTMAN P. Persistence in dynamical systems [J]. *Journal of Differential Equations*, 1986, 63(2): 255-263.
- [17] LIU X, YANG L. Stability analysis of an SEIQV epidemic model with saturated incidence rate [J]. *Nonlinear Analysis: Real World Applications*, 2012, 13(6): 2671-2679.
- [18] 任亚鑫, 薛亚奎. 一类社交网络中受媒介影响的信息传播动力学模型分析与最优控制 [J]. *中北大学学报(自然科学版)*, 2023, 44(1): 1-7. REN Yaxin, XUE Yakui. Analysis and optimal control of a dynamic model for information propagation affected by medium in social networks [J]. *Journal of North University of China (Natural Science Edition)*, 2023, 44(1): 1-7. (in Chinese)