

# 基于BiLSTM模型的新冠肺炎预测研究

郭莎<sup>1</sup>, 花磊<sup>2</sup>

<sup>1</sup>南京信息工程大学数学与统计学院, 江苏 南京

<sup>2</sup>苏州博纳讯动软件有限公司, 江苏 苏州

收稿日期: 2022年10月16日; 录用日期: 2022年11月10日; 发布日期: 2022年11月18日

## 摘要

新型冠状病毒疫情的持续蔓延给人类社会带来了深远影响, 时至今日, 疫情仍在世界范围内传播, 新冠疫情发展趋势预测是一大研究焦点。传统传染病模型基于一系列数学假设进行建模预测, 未考虑人口流动与反馈机制的影响, 很难对新冠疫情传播趋势进行可靠的预测; 统计与机器学习模型单纯依据已有数据进行预测, 难以有效提高预测精度。本文基于深度学习方法, 构建多特征下的双向长短期记忆网络(BiLSTM)模型针对不同场景下的国家与地区的新冠疫情的发展趋势进行预测。选取决定系数 $R^2$ 与平均绝对百分比误差(MAPE)作为评价模型的指标, 并与传统长短期记忆网络(LSTM)模型进行比较分析, 实验结果表明BiLSTM模型具有更好的预测性能和实用性。

## 关键词

新冠肺炎, 深度学习, BiLSTM, LSTM

## A Study on the Prediction of COVID-19 Based on the BiLSTM Model

Sha Guo<sup>1</sup>, Lei Hua<sup>2</sup>

<sup>1</sup>School of Mathematics and Statistics, Nanjing University of Information Science and Technology, Nanjing Jiangsu

<sup>2</sup>Suzhou Beyondcent Software Co., Ltd., Suzhou Jiangsu

Received: Oct. 16<sup>th</sup>, 2022; accepted: Nov. 10<sup>th</sup>, 2022; published: Nov. 18<sup>th</sup>, 2022

## Abstract

The continuous spread of coronary pneumonia in COVID-19 has brought far-reaching influence on human society; Up to now, the epidemic is still spreading all over the world. The prediction of the

development trend of the COVID-19 epidemic is a major research focus. Traditional predicative models of infectious disease, based on a series of mathematical assumptions, failed to take into the account of population mobilization and feedback mechanism, and thus it is difficult to reliably predict the spread of COVID-19; statistical and machine learning models make predictions based solely on existing data, making it difficult to effectively improve prediction accuracy. This paper aims to conduct a prediction targeted on the developing trend of COVID-19 pandemic in different scenarios of countries and regions based on the bidirectional long and short term memory network (BiLSTM) model with multiple features under deep learning. Decision Coefficient  $R^2$  and Mean Absolute Percentage Error (MAPE) were selected as the indexes of the evaluation model, and compared with the traditional Long Short-Term Memory network (LSTM) model, experimental results show that the BiLSTM model has better prediction performance and practicability.

## Keywords

COVID-19, Deep Learning, BiLSTM, LSTM

Copyright © 2022 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

## 1. 引言

2019年12月下旬爆发的新冠疫情几周内在全球许多国家和地区蔓延。感染人数迅速增多,各地死亡人数激增,这一突发的公共卫生安全事件对全球各地的社会、经济造成了不同程度的破坏与深远的影响。截至2022年9月18日全球新冠累计确诊病例超过6.09亿人,死亡病例数超过650万人。随着对病毒了解程度的不断加深,世界各国政府采取戴口罩、保持社交距离、关闭各种场所等措施避免因大型聚集导致病毒进一步传播,但由于新冠病毒极高的传染性与变异性,该病毒仍在继续传播并影响人类的健康与全球经济。对疫情发展趋势进行预测,是防止新冠肺炎大流行传播的关键因素之一。准确的疫情趋势预测可以对政府当前所采取的政策的有效性以及对当前该地区医疗保健系统的压力做出反馈。利用现有数据,对病毒传播的趋势进行预测。可以使政府在分配医疗资源、放松或提高封锁水平等方面做出及时的响应与计划。

易感-感染-恢复(Susceptible-Infected-Removed, SIR)模型、易感-暴露-感染-恢复(Susceptible-Exposed-Infected-Removed, SEIR)模型是传染病动力学研究的经典模型。任磊等使用分数阶SIR模型[1]对新冠肺炎疾病传播进行预测。范如国等基于流行病SEIR动力学模型[2]对3种不同潜伏期状态下的疫情拐点进行预测,Alenezi等人使用SIR模型[3]分析和预测新冠肺炎在科威特的爆发,他们提出的SIR模型几乎与实际确诊的感染病例和康复病例相吻合。但由于每次疫情的爆发都具有其独特的传播特征、不同地区的防控政策以及人口的流动等因素都将增加传染病动力学模型的不确定性。因而传统的传染病模型难以对长期的预测提供可靠的结果。随着深度学习技术的发展,深度学习方法在预测领域表现出良好的性能。相对于其他方法而言,深度学习具有计算速度快、误差小、预测结果更加准确的优点。基于已有的新冠肺炎数据集,一些研究人员已经使用深度学习模型对新冠肺炎的传播趋势进行预测。Chimmula和Zhang使用LSTM神经网络[4]最先进的机器学习模型来预测加拿大大流行的可能结束时间。根据他们的LSTM模型,他们的模型短期准确率为93.4%,长期为92.67%,估计结束大流行所需的时间约为三个月。Ismail等人基于自回归移动平均(Autoregressive Integrated Moving Average, ARIMA)模型、LSTM、非线性

性自回归神经网络(Nonlinear Autoregression Neural Network, NARNN)模型[5]进行了一项比较研究, 用于预测丹麦、比利时、德国、法国、英国、芬兰、瑞士和土耳其的新冠肺炎病例。他们研究发现与其他模型相比, LSTM 提供了最小的均方根误差(RMSE)。Mehdi 等使用递归神经网络(Recursive Neural Network, RNN)、LSTM、季节性自回归综合移动平均(Seasonal Autoregressive Integrated Moving Average, SARIMA)和霍尔特-温特(Holt Winter)的指数平滑和移动平均方法[6]来预测伊朗的新冠肺炎病例, 他们对这些方法进行对比研究发现 LSTM 模型在伊朗感染预测优于其他模型。Parul 等使用 Deep LSTM、Convolutional LSTM、BiLSTM 模型[7]预测印度新冠肺炎阳性数量, 他们的研究表明 BiLSTM 模型在短期预测(1~3 天)上的误差小于百分之三, 具有非常准确的预测结果。Nahla 等人提出使用 LSTM、门控循环单元(Gate Recurrent Unit, GRU)模型[8]来预测埃及、沙特阿拉伯和科威特的确诊病例和死亡病例, 他们的研究表明, LSTM 在三个国家的确诊病例中表现最好, GRU 在埃及和科威特的死亡病例中表现最好。Verma, H 等设计了循环和卷积神经网络模型: vanilla LSTM、stacked LSTM、ED\_LSTM、BiLSTM、CNN 和 CNN-LSTM 模型[9], 预测印度及其四个受影响最严重的地区 7、14、21 天的每日确诊病例, 通过他们的研究, 发现 BiLSTM 及 CNN-LSTM 模型相对于其他模型具有更好的预测效果。然而, 这些传统模型与深度学习模型均未考虑到由于疫苗接种、人口数量、医疗设施等因素对新冠疫情传播的影响。本文将综合分析疫苗接种状况、人口数量、医疗基础设施等信息与新冠肺炎确诊病例的相关性, 选取相关程度较高的特征, 使用 BiLSTM 模型预测澳大利亚、中国台湾、南美、以色列四个地区的滞后期为 7 天、14 天、21 天、30 天的累计确诊病例并与 LSTM 模型进行对比分析。希望通过多特征下的 BiLSTM 模型提高新冠肺炎确诊病例预测的准确性。

## 2. 模型简介

### 2.1. LSTM 模型

Hochreiter 和 Schmidhuber 提出了 LSTM 模型[10], LSTM 神经网络模型是一种特殊的 RNN 模型, 能够解决 RNN 模型梯度消失和梯度爆炸问题。LSTM 改变了 RNN 隐藏层的内部结构, 在 RNN 模型上增加了一个状态结构与三个门结构, 分别是单元状态、遗忘门、输入门、输出门。遗忘门通过函数控制之前信息的输入程度, 输入门用来控制当前信息的输入程度, 输出门用来控制最终输出。LSTM 的单元结构如图 1 所示, 与 RNN 相比, 在保留了 RNN 神经网络模型在处理时间序列问题上的优势基础上, LSTM 能够综合处理长期与短期的时间序列输入问题。

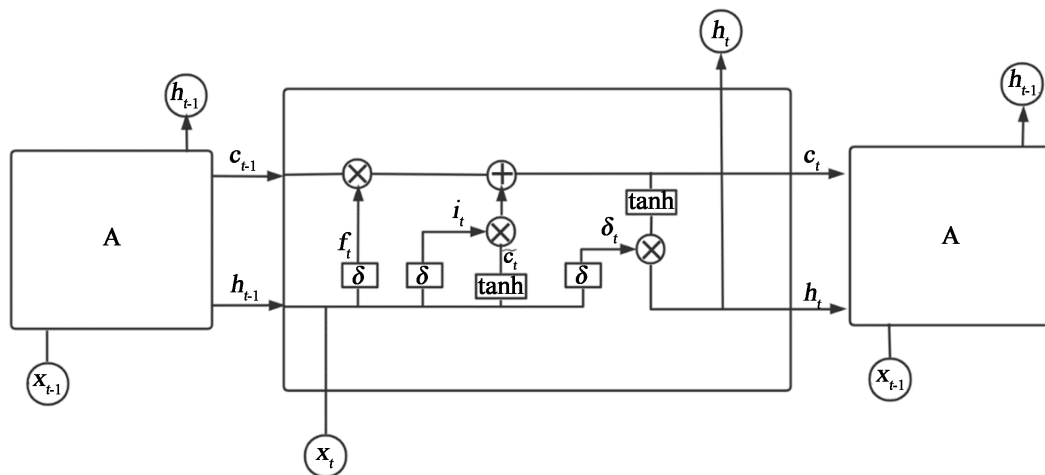


Figure 1. LSTM network structure

图 1. LSTM 网络结构

在 LSTM 神经网络模型中, 其执行步骤如下:

1) 通过遗忘门  $f_t$  决定细胞状态中所需要剔除的信息, 对负责  $t$  时刻的当前层输入向量  $x_t$  选择忘记, 通过计算  $f_t$  控制上一单元候选状态  $C_{t-1}$  中的数据保留或忘记。此时, 状态  $f_t$  的表达式为:

$$f_t = \sigma(W_f \cdot [h_{t-1}, x_t] + b_f) \quad (1)$$

其中,  $\sigma$  为 sigmoid 激活函数, 该函数将“记忆”权重设置为 0~1 之间的数值, 当  $f_t = 1$  时, 上一单元信息全部被保留; 当  $f_t = 0$  时, 上一单元信息全部被遗忘。  $W_f$  为上一单元隐藏层输出和当前输入数据相乘的权重矩阵;  $b_f$  为遗忘门的偏置权重。

2) 由输入层  $i_t$  对候选向量进行控制更新, 此过程中, 输入数据  $x_t$  和隐藏层  $h_{t-1}$  经过输入门, 得到向量  $i_t$  和内部状态  $\tilde{C}_t$  的表达式为:

$$i_t = \sigma(W_i [h_{t-1}, x_t] + b_i) \quad (2)$$

$$\tilde{C}_t = \tanh(W_c [h_{t-1}, x_t] + b_c) \quad (3)$$

其中,  $i_t$  为输出向量,  $\tilde{C}_t$  为临时神经元状态值;  $W_i$  为输入门  $i_t$  在  $t$  时刻的输入  $x_t$  权重矩阵,  $W_c$  为新生成的信息在  $t$  时刻的权重矩阵;  $b_i$ 、 $b_c$  分别为输入数据与新生成的数据在当前单元的偏置权重。

当遗忘门、输入门、临时神经元状态完成计算后, 当前神经元状态将会得到更新。此时, 当前神经元状态  $C_t$  的表达式为:

$$C_t = f_t \times C_{t-1} + i_t \times \tilde{C}_t \quad (4)$$

其中,  $C_t$  由两部分组成, 此过程用于抛弃当前单元中的无用信息, 保留有用信息。

输入数据  $x_t$  和隐藏层  $h_{t-1}$  经过输出门, 计算待输出结果  $o_t$ , 其中  $o_t$  通过 sigmoid 激活函数控制得到初始输出, 然后通过 tanh 层对下一时刻  $t+1$  的状态进行处理, 得到最后的输出结果  $h_t$ , 表达式为:

$$o_t = \sigma(W_o [h_{t-1}, x_t] + b_o) \quad (5)$$

$$h_t = o_t \tanh(C_t) \quad (6)$$

其中  $o_t$  表示输出向量,  $h_t$  为  $t$  时刻外部状态输出值。  $W_o$  为输出门  $o_t$  的权重矩阵,  $b_o$  表示偏置权重。

## 2.2. BiLSTM 模型

BiLSTM 模型的内部节点与 LSTM 模型相同, 包含输入门, 遗忘门, 输出门。BiLSTM 模型在 LSTM 模型的基础上添加了反向层, 通过前向和后向信息获取神经网络预测结果, 在进行预测时, BiLSTM 模型往往优于 LSTM 模型。BiLSTM 模型结构如图 2 所示。

## 2.3. 评价指标

本文选择以下两种指标来检验各模型的性能, 包括决定系数  $R^2$  (反映模型的可靠程度)、平均绝对百分比误差 MAPE(反映误差大小的相对值)。

$$R^2 = 1 - \frac{\sum_{i=1}^n (\hat{y}_i - y_i)^2}{\sum_{i=1}^n (\bar{y}_i - y_i)^2} \quad (7)$$

$$\text{MAPE} = \frac{100\%}{n} \sum_{i=1}^n \left| \frac{\hat{y}_i - y_i}{y_i} \right| \quad (8)$$

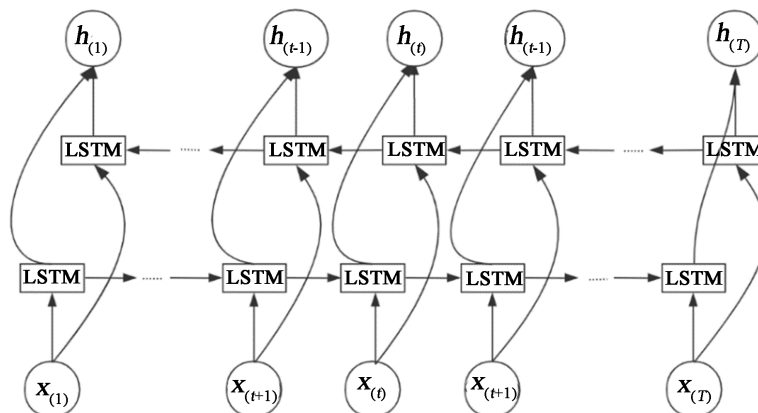


Figure 2. BiLSTM network structure  
图 2. BiLSTM 网络结构

其中:  $Y_i$  为真实值,  $\bar{Y}_i$  表示平均值,  $\hat{Y}_i$  表示模型预测值,  $n$  代表预测天数。  $R^2$  的范围一般在 0~1 之间,  $R^2$  越接近于 1, 模型预测的效果越好, 越接近于 0, 模型的预测效果越差, 若  $R^2$  为负数, 则表明模型的预测误差过大; MAPE 具有与尺度无关的优点, 可用于比较不同尺度数据之间的预测性能, MAPE 越小, 模型的预测性能越好。

### 3. 基于 BiLSTM 模型的预测研究

#### 3.1. 模型对比分析

通过对以往新冠肺炎传播趋势预测方法进行研究分析, 可以将现有的方法分为传统动力学方法、时间序列预测方法、深度学习方法。我们发现, 现有的方法均存在一定的缺点(见表 1)。在现有方法中, 深度学习方法是预测较为准确的方法[4]-[9], 但其依旧存在一定的缺陷。目前较多的基于深度学习模型预测新冠肺炎发展趋势是基于小样本数据进行训练, 数据量和质量需要进一步提高。同时, 不同地区政府的疫情防控措施相关因素的变化会对模型预测效果造成很大的影响, 但在以往的对新冠肺炎发展趋势预测过程中未考虑到这些因素的影响。

本文针对上述缺陷, 采用 Our World in Data 团队在 GitHub 中提供的数据集 (<https://github.com/owid/covid-19-data/tree/master/public/data>), 通过扩大数据量及加入政策性等其他因素的影响进行研究。在以往对新冠肺炎预测中 LSTM 模型预测性能优于传统动力学模型与时间序列模型, 非常适合对新冠肺炎发展趋势进行预测研究, 但 LSTM 存在对时间序列数据模型早期特征记忆效果较差, 难以充分利用新冠肺炎传播趋势相关特征。因此, 本文在 LSTM 模型的基础上提出基于多特征下的 BiLSTM 模型预测方法。

Table 1. Model analysis  
表 1. 模型分析

模型	缺点
传统动力学方法	以局部规律独立性假设为基础, 无法对开放式流动环境下的疫情传播做出准确预测, 且微分方程的解比较难以得到
时间序列预测方法	受政策等影响因素较大, 对疫情传播趋势数据稳定性要求较高, 难以捕捉数据间的非线性关系
已有深度学习方法	使用数据量较少, 容易导致模型过拟合, 使得训练误差小而测试误差大

### 3.2. 数据预处理与特征选择

在本文中, 所使用的数据集中包含少量缺失值, 为避免缺失值对预测结果造成不必要的损失。本文在研究过程中使用填充法对缺失数据进行处理, 当数据集中某个特征当天数据缺失时, 我们使用前一天的该特征数据值进行填充。

相关分析可以衡量两个变量之间关联及其关系方向。相关值在 $[-1, 1]$ 之间。相关系数越接近于 1, 变量之间相关程度越强; 相关系数越接近于 0, 变量之间的相关程度越弱。本文使用最广泛的相关 Pearson 相关对数据特征进行相关分析, 以下是用于计算 Pearson 相关性的公式:

$$r = \frac{\sum (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{\sqrt{\sum (x_i - \bar{x})^2} \sqrt{\sum (y_i - \bar{y})^2}} \quad (10)$$

通过对数据集中包含的所有特征进行 Pearson 相关分析(见表 2), 本文选取了与累计确诊病例(total cases)具有较强的相关性的十个特征进行预测分析。这些特征分别是: 新增确诊病例(new cases)、核酸检测总数(total tests)、人口数量(population)累计死亡人数(total deaths)、接种的新冠疫苗加强剂总数(total boosters)、接种的新冠疫苗总数(total vaccinations)、至少接种一针疫苗人数(people vaccinated)、新增确诊 7 天平滑病例(new cases smoothed)、接种原始方案规定疫苗人数(people fully vaccinated)、累计死亡人数与往年同期百分比差异(excess mortality cumulative absolute)。

**Table 2.** Characteristic correlation analysis results

**表 2.** 特征相关分析结果

	Total Cases
new cases	0.73306
total tests	0.85789
population	0.611812
total deaths	0.940445
total boosters	0.814497
total vaccinations	0.831603
people vaccinated	0.834584
new cases smoothed	0.756114
people fully vaccinated	0.833835
excess mortality cumulative absolute	0.764004

在本文所选取的数据集中, 选取的特征指标具有不同的量纲与数量级(见表 3), 从表 3 统计分析结果可以看出, 各指标间的水平相差很大, 特征指标之间得到差异会影响数据分析的结果, 为消除特征指标之间量纲与数量级的影响、消除奇异样本数据造成的不良影响、缩短模型训练时间、加速 loss 下降速度、保证分析结果的可靠性, 更好的拟合新冠肺炎数据之间的非线性关系[11], 需要对数据进行归一化处理。本文在研究过程中对原始指标数据使用 ‘MinMaxScaler’ 函数对数据进行归一化处理。MinMaxScaler 函数表达式为:

$$x^* = \frac{x - x_{\min}}{x_{\max} - x_{\min}} \quad (9)$$

其中,  $x^*$  是特征归一化之后的数值,  $x$  是特征的原始数值,  $x_{\max}$  为对应特征数据最大值,  $x_{\min}$  为对应特征数据最小值。特征归一化处理结果见表 4。此时从表 4 可以看出, 通过归一化处理, 所有特征数据取值范围在区间[0, 1]之间, 在对区间[0, 1]内的累计确诊病例数进行预测后, 进行逆运算, 再次将其重新转换为相应的实际人数。

**Table 3.** Descriptive statistical analysis of features  
**表 3.** 特征描述性统计分析

	mean	std	min	max
total cases	$4.64 * 10^6$	$2.53 * 10^7$	1	$5.85 * 10^8$
new cases	$1.24 * 10^4$	$8.69 * 10^4$	0	$4.08 * 10^6$
total tests	$3.01 * 10^7$	$2.95 * 10^8$	0	$9.21 * 10^9$
population	$1.40 * 10^8$	$6.84 * 10^8$	47	$7.91 * 10^9$
total deaths	$7.61 * 10^4$	$3.64 * 10^5$	0	$6.42 * 10^6$
total boosters	$3.75 * 10^7$	$1.98 * 10^8$	0	$2.30 * 10^9$
total vaccinations	$1.69 * 10^8$	$9.26 * 10^8$	0	$1.24 * 10^{10}$
people vaccinated	$7.66 * 10^7$	$4.11 * 10^8$	0	$5.31 * 10^9$
new cases smoothed	$1.40 * 10^4$	$8.61 * 10^4$	0	$3.44 * 10^6$
people fully vaccinated	$6.94 * 10^7$	$3.80 * 10^8$	0	$4.88 * 10^9$
excess mortality cumulative absolute	$5.81 * 10^4$	$1.77 * 10^5$	$-3.77 * 10^4$	$1.22 * 10^6$

**Table 4.** Descriptive statistical analysis of normalized characteristics  
**表 4.** 归一化特征描述性统计分析

	mean	std	min	max
total case	$7.93 * 10^{-3}$	$4.33 * 10^{-2}$	0	1
new cases	$3.03 * 10^{-3}$	$2.13 * 10^{-2}$	0	1
total tests	$3.27 * 10^{-3}$	$3.20 * 10^{-2}$	0	1
population	$1.77 * 10^{-2}$	$8.64 * 10^{-2}$	0	1
total deaths	$1.19 * 10^{-2}$	$5.67 * 10^{-2}$	0	1
total boosters	$1.63 * 10^{-2}$	$8.59 * 10^{-2}$	0	1
total vaccinations	$1.36 * 10^{-2}$	$7.46 * 10^{-2}$	0	1
people vaccinated	$1.44 * 10^{-2}$	$7.73 * 10^{-2}$	0	1
new cases smoothed	$4.08 * 10^{-2}$	$2.50 * 10^{-2}$	0	1
people fully vaccinated	$1.42 * 10^{-2}$	$7.78 * 10^{-2}$	0	1
excess mortality cumulative absolute	$7.62 * 10^{-2}$	$1.41 * 10^{-2}$	0	1

对数据集进行预处理后, 我们将数据集进行了划分, 最后第 30-60 天作为验证集验证模型效果, 将最后 30 天作为测试集, 其他数据作为训练集。

### 3.3. 超参数与结构

经过多次实验, 本文涉及到的模型由 1 个输入层、128 个隐藏层和 1 个输出层组成, 激活函数为 Linear,

迭代次数为 1000, 学习率为 0.0005, 批量处理大小为 64。上一隐藏层的输出作为下一隐藏层的输入, 输入层与隐藏层共同实现输入数据提取, 最后一个隐藏层输出一维列向量, 经线性回归处理后最终得到累计确诊病例预测值[12]。

### 3.4. 实验结果与分析

新冠肺炎的流行对社会造成不利影响。在本文的研究过程中, 我们设计了多特征下的 BiLSTM 模型与 LSTM 模型对比研究新冠肺炎在澳大利亚、中国台湾、南美洲、以色列四个地区的滞后 7 天、14 天、21 天、30 天的累计确诊病例进行预测。如图 3~图 6 分别表示了模型在四个地区预测 7 天、14 天、21 天和 30 天的预测累计确诊病例和实际累计确诊病例。从预测曲线(图 3~图 6)来看, BiLSTM 模型在预测曲线上较 LSTM 模型与实际数据更贴合, 且随着时间的推移, BiLSTM 模型预测四个地区的累计确诊病例具有更好的效果。

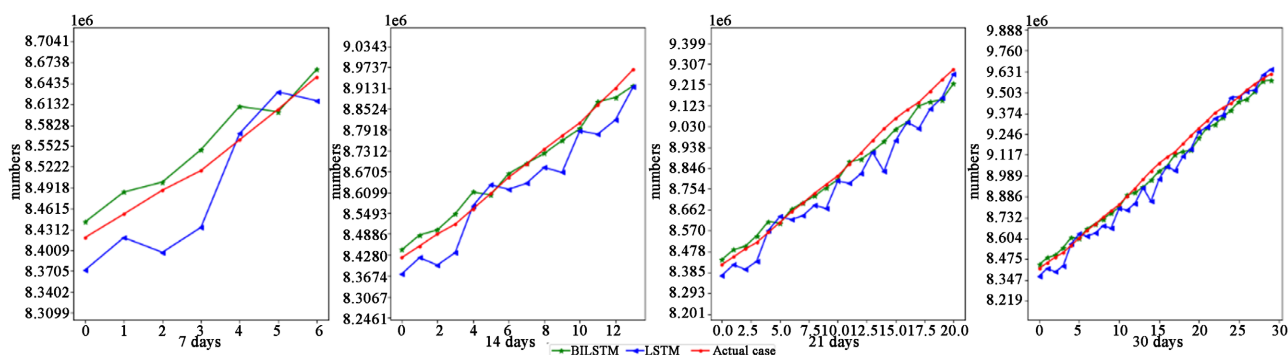


Figure 3. Predicted and actual cumulative confirmed cases in Australia at different times

图 3. 澳大利亚在不同时间的预测与实际累计确诊病例

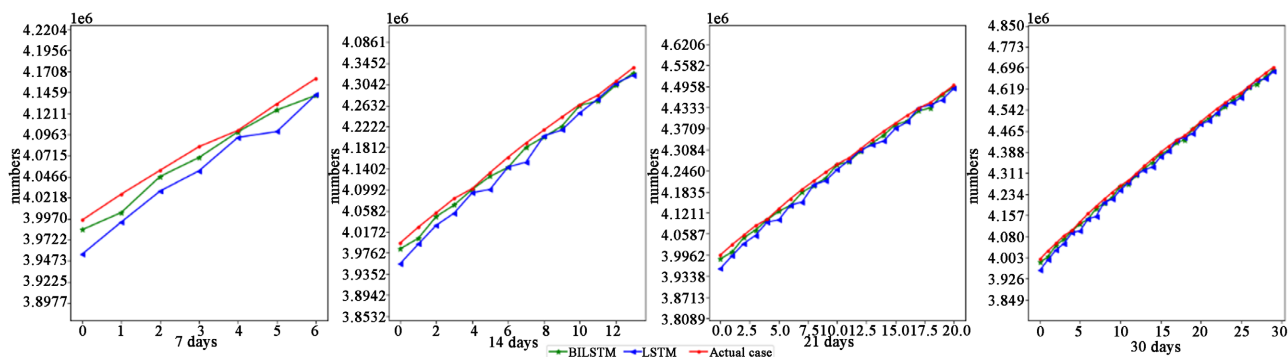


Figure 4. Predicted and actual cumulative confirmed cases in Taiwan, China at different times

图 4. 中国台湾在不同时间的预测与实际累计确诊病例

通过计算 2022 年 7 月 9 日至 2022 年 8 月 7 日 BiLSTM 模型与 LSTM 模型的  $R^2$  和 MAPE, 比较模型在测试数据上的相对性能, 如表 5 所示。从表 5 中可以看出, 本文研究的模型具有良好的性能, 在不同的时间间隔预测中, BiLSTM 在测试数据上的  $R^2$  均高于 LSTM 模型, 在测试数据上的 MAPE 均低于 LSTM 模型, 说明多特征下的 BiLSTM 模型比 LSTM 误差更低, 准确率更高。同时, 随着预测时间间隔的增加, BiLSTM 模型在测试数据上的  $R^2$  有所提升, 模型所对应的 MAPE 在 0.0006% 到 0.0035% 之间, 模型相较于以往研究而言具有更大的  $R^2$  与更小的 MAPE, 我们可以认为 BiLSTM 模型在预测新冠肺炎累计确诊病例上具有很好的预测性能。



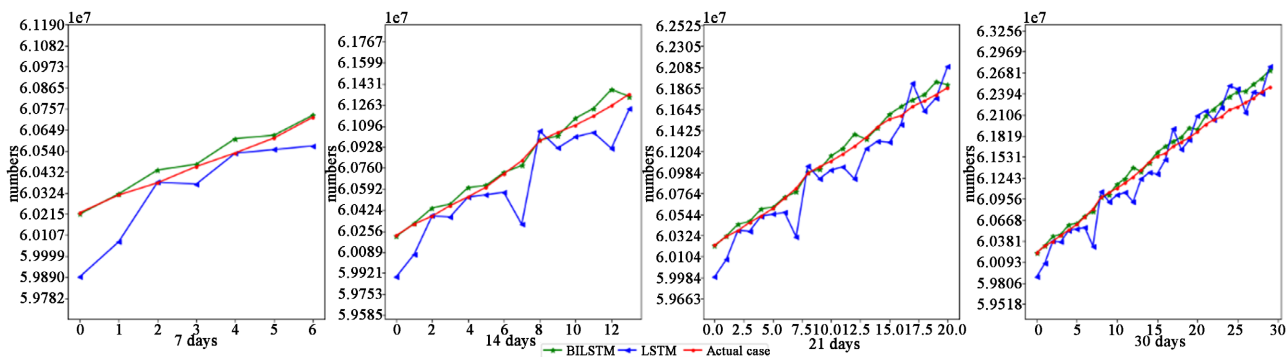


Figure 5. Predicted and actual cumulative confirmed cases in South America at different times

图 5. 南美洲在不同时间的预测与实际累计确诊病例

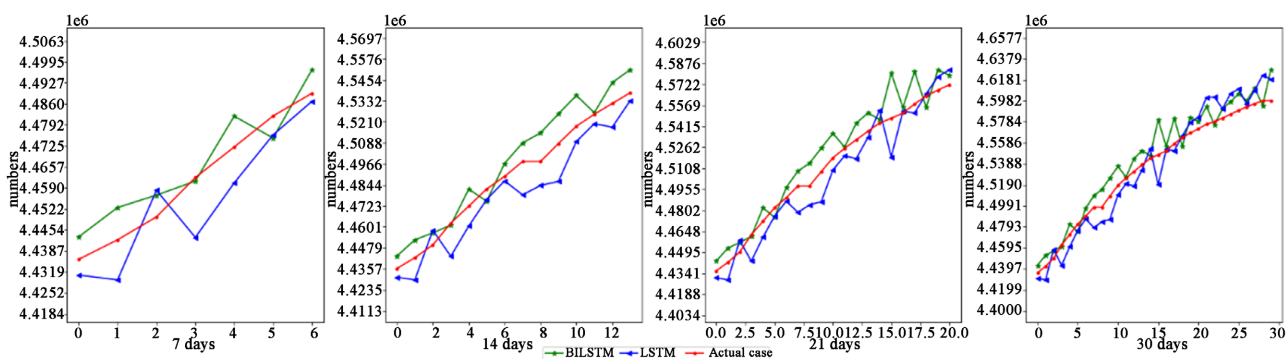


Figure 6. Predicted and actual cumulative confirmed cases in Israel at different times

图 6. 以色列在不同时间的预测与实际累计确诊病例

Table 5.  $R^2$  and MAPE with various model from July 29, 2022 to August 7, 2022

表 5. 2022 年 7 月 9 日至 2022 年 8 月 7 日各模型的  $R^2$  和 MAPE

预测时长	地区	模型	$R^2$	MAPE/%	模型	$R^2$	MAPE/%
7	Australia	BiLSTM	0.9662	0.0013	LSTM	0.6990	0.0049
7	Taiwan, China	BiLSTM	0.9324	0.0030	LSTM	0.3804	0.0101
7	South America	BiLSTM	0.9576	0.0004	LSTM	-0.1409	0.0021
7	Israel	BiLSTM	0.8559	0.0012	LSTM	0.7362	0.0017
14	Australia	BiLSTM	0.9814	0.0022	LSTM	0.9418	0.0043
14	Taiwan, China	BiLSTM	0.9871	0.0024	LSTM	0.8656	0.0087
14	South America	BiLSTM	0.9842	0.0006	LSTM	0.6498	0.0027
14	Israel	BiLSTM	0.9455	0.0014	LSTM	0.8775	0.0021
21	Australia	BiLSTM	0.9804	0.0035	LSTM	0.9690	0.0048
21	Taiwan, China	BiLSTM	0.9943	0.0022	LSTM	0.9467	0.0073
21	South America	BiLSTM	0.9877	0.0007	LSTM	0.8491	0.0026
21	Israel	BiLSTM	0.9552	0.0016	LSTM	0.9248	0.0021
30	Australia	BiLSTM	0.9900	0.0034	LSTM	0.9858	0.0044
30	Taiwan, China	BiLSTM	0.9954	0.0026	LSTM	0.9779	0.0061
30	South America	BiLSTM	0.9728	0.0014	LSTM	0.9170	0.0026
30	Israel	BiLSTM	0.9709	0.0015	LSTM	0.9426	0.0022

## 4. 结论与展望

在本文研究中, 我们使用多特征下 BiLSTM 模型对澳大利亚、中国台湾、南美、以色列四个地区的新冠肺炎累计确诊病例进行预测并与 LSTM 模型进行比较。从评估指标  $R^2$  与 MAPE 可以看出, 多特征下的 BiLSTM 模型相对于以往的模型充分考虑到了防控措施动态变化对预测的影响, 具有更好的预测性能。这些准确的预测可以帮助当地政府管理服务做出相应的决策, 并且可能对未来流行病传播趋势的研究提供一定的方法。除了所研究的国家外, 本文所提出的模型也可以应用于其他国家。

本文的工作还有进一步提升的空间, 在后续的研究中可以考虑包括人口结构分布、流动人口系数等因素对新冠肺炎传播趋势的影响。

## 致 谢

感谢国家自然科学基金对本论文的支持, 感谢给予引用权文献与数据所有者对本论文的论据支撑。

## 基金项目

国家自然科学基金面上项目(62076137)。

## 参考文献

- [1] 任磊, 米冬茜. 基于分数阶 SIR 模型的新冠肺炎疾病的传播预测[J]. 应用数学进展, 2021, 10(10): 3233-3238. <https://doi.org/10.12677/AAM.2021.1010338>
- [2] 范如国, 王奕博, 罗明, 张应青, 朱超平. 基于 SEIR 的新冠肺炎传播模型及拐点预测分析[J]. 电子科技大学学报, 2020, 49(3): 369-374.
- [3] Alenezi, M.N., Al-Anzi, F.S. and Alabdulrazzaq, H. (2021) Building a Sensible SIR Estimation Model for COVID-19 Outspread in Kuwait. *Alexandria Engineering Journal*, **60**, 3161-3175. <https://doi.org/10.1016/j.aej.2021.01.025>
- [4] Chimmula, V.K.R. and Zhang, L. (2020). Time Series Forecasting of COVID-19 Transmission in Canada Using LSTM Networks. *Chaos, Solitons & Fractals*, **135**, Article ID: 109864. <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.109864>
- [5] Kırbaş, İ., Sözen, A., Tuncer, A.D. and Kazancıoğlu, F.Ş. (2020) Comparative Analysis and Forecasting of COVID-19 Cases in Various European Countries with ARIMA, NARNN and LSTM Approaches. *Chaos, Solitons & Fractals*, **138**, Article ID: 110015. <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.110015>
- [6] Azarafza, M., Azarafza, M. and Tanha, J. (2020) COVID-19 Infection Forecasting Based on Deep Learning in Iran. *MedRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2020.05.16.20104182>
- [7] Arora, P., Kumar, H. and Panigrahi, B.K. (2020) Prediction and Analysis of COVID-19 Positive Cases Using Deep Learning Models: A Descriptive Case Study of India. *Chaos, Solitons & Fractals*, **139**, Article ID: 110017. <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.110017>
- [8] Omran, N.F., Abd-el Ghany, S.F., Saleh, H., Ali, A.A., Gumaiei, A. and Al-Rakhami, M. (2021) Applying Deep Learning Methods on Time-Series Data for Forecasting COVID-19 in Egypt, Kuwait, and Saudi Arabia. *Complexity*, **2021**, Article ID: 6686745. <https://doi.org/10.1155/2021/6686745>
- [9] Verma, H., Mandal, S. and Gupta, A. (2022) Temporal Deep Learning Architecture for Prediction of COVID-19 Cases in India. *Expert Systems with Applications*, **195**, Article ID: 116611. <https://doi.org/10.1016/j.eswa.2022.116611>
- [10] Hochreiter, S. and Schmidhuber, J. (1997) Long Short-Term Memory. *Neural Computation*, **9**, 1735-1780. <https://doi.org/10.1162/neco.1997.9.8.1735>
- [11] 王瑞, 闫方, 逯静, 杨文艺. 运用 Dropout-LSTM 模型的新冠肺炎趋势预测[J]. 电子科技大学学报, 2021, 50(3): 414-421.
- [12] 张宇帆, 艾芊, 林琳, 袁帅, 李昭昱. 基于深度长短时记忆网络的区域级超短期负荷预测方法[J]. 电网技术, 2019, 43(6): 1884-1891.