

基于物理信息神经网络的传染病模型时变参数反演

李朋成

中国地质大学(武汉)数学与物理学院, 湖北 武汉

收稿日期: 2026年4月12日; 录用日期: 2026年5月4日; 发布日期: 2026年5月14日

摘要

机理模型在面对不完整的数据时, 难以准确识别动态变化的未知参数。同时, 纯数据驱动的深度学习模型也缺乏底层物理规律的有效约束。为了克服这些缺陷, 构建了一种基于物理信息神经网络的参数反演框架, 该计算框架将传染病动力学方程转化为数学残余项, 并将其直接嵌入到深度网络的全局损失函数之中。通过选取马来西亚连续一百二十天的公共卫生事件相关真实数据进行分析, 实验利用两个相互独立的前馈神经网络分别逼近真实的流行病数据与时变参数。研究表明, 该算法能够有效过滤现实统计数据中的高频噪声, 实现对状态变量的高度拟合, 并推导出变化的传染率演化过程。这种结合物理机理和统计数据的方法, 有效解决数据缺失条件下的参数计算难题, 为复杂的流行病学动态预测提供可靠的分析工具。

关键词

传染病模型, 物理信息神经网络, 参数反演

Inversion of Time-Varying Parameters in Epidemic Models via Physics-Informed Neural Network

Pengcheng Li

School of Mathematics and Physics, China University of Geosciences, Wuhan Hubei

Received: April 12, 2026; accepted: May 4, 2026; published: May 14, 2026

Abstract

Mechanism-based models face difficulties in accurately identifying dynamically changing unknown

文章引用: 李朋成. 基于物理信息神经网络的传染病模型时变参数反演[J]. 统计学与应用, 2026, 15(5): 63-73.

DOI: 10.12677/sa.2026.155107

parameters when dealing with incomplete data. Simultaneously, purely data-driven deep learning models lack the effective constraints of underlying physical laws. To overcome these defects, a parameter inversion framework based on physics-informed neural networks is constructed. This computational framework transforms epidemic dynamic equations into mathematical residual terms and directly embeds them into the global loss function of the deep network. By analyzing real epidemic data from Malaysia for 120 consecutive days, the experiment utilizes two independent feed-forward neural networks to approximate the actual epidemiological data and the time-varying parameters respectively. The research results indicate that this algorithm can effectively filter high-frequency noise in real statistical data, achieve high-precision fitting for state variables, and derive the evolutionary process of the varying transmission rate. This method combining physical mechanisms and statistical data effectively solves the parameter calculation problem under data-deficiency conditions. This framework provides a reliable analytical tool for complex epidemiological dynamic forecasting.

Keywords

Epidemic Model, Physics-Informed Neural Network, Parameter Inversion

Copyright © 2026 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

传染病是由病原体引起并在人群中传播的疾病[1]。大规模突发公共卫生事件(以下简称相关事件)的暴发严重威胁全球公共卫生安全,在公共卫生领域,基于常微分方程的数学建模是揭示疾病传播机理和评估干预策略的核心工具[2]。自 Kermack 和 McKendrick 提出经典 SIR 模型以来,疾病传播的基础微积分结构得以确立[3]。为适应现代病毒潜伏期长、无症状感染比例高等特征,基础数学模型经历了多维度拓展。然而,传统动力学模型在应对反复暴发的相关事件时局限性明显,理论框架高度依赖先验假设,通常通过预设特定的传播率函数来强行拟合动态,难以准确反映复杂的真实演化过程。

人工智能技术的迅速发展使统计模型与机器学习被广泛应用于传染病建模。时间序列分析方法(如 ARIMA 模型)常被用于估计相关事件的短期趋势与病例规模,辅助早期传播动态的识别[4]-[6]。近年来,深度学习为分析具有复杂时空依赖性的相关事件数据提供了全新途径。长短期记忆网络与门控循环单元等前沿深度序列模型在多国新增病例预测中展现出优异的拟合性能,能够有效捕捉相关事件高峰的短期波动与非线性趋势[7]-[9]。尽管纯数据驱动方法在短期预测上精度高,但其固有的“黑盒”属性限制深层次的流行病学应用。由于脱离了人群状态转移等内在的现实规律,纯数据模型面临可解释性差的困境,并且在处理未见过的突发场景时表现出脆弱性。

如何将机理模型的物理规律与神经网络的强拟合能力相融合,提升模型的解释性与预测精度,成为了当前流行病学建模领域的前沿热点。在此背景下,物理信息神经网络(PINNs)作为一种新兴的科学计算技术受到广泛关注。该算法的核心思想是将数学方程直接整合到深度神经网络的架构中[10]。

随着 PINNs 方法在流行病学领域的引入,有效克服传统机制模型在高维参数辨识上的局限。针对传统模型常将传播率或基本再生数设为常数与实际不符的问题, Grimm 等人[11]将 PINNs 用于 SIR 和 SEIR 模型,通过拟合德国的 COVID-19 数据,验证了其反演时变参数的可靠性。Olumoyin 等人[12]则开发了一种流行病学信息神经网络(EINN),专门用于动态估计大流行期间的时变传播率。在应对更为复杂的相关事件时, He 等人[13]提出了一种融合 SEIRD 模型的传输动力学信息神经网络(TDINN),在相关事件数

据的参数估计上表现优异。此外，在算法优化方面也有一定进展：Bertaglia 等人[14]通过嵌入渐近保持性质，提高了 PINNs 在多尺度问题上的数值稳定性；Millevoi 等人[15]则提出了一种分步 PINNs 框架，相较于联合训练，在保持精度的同时，将计算效率提升约 20%。总体来看，PINNs 在流行病学建模中表现出收敛快、符合传播机理、趋势预测准等特点。Li 等人[16]则将多毒株传染病模型嵌入至 PINNs，实现了对不同变异株时变传播特征参数拟合。Qian 等人[17]利用融合数据保真与动力学理论的双驱动 PINNs 预测模型，有效量化了疫苗接种与人口流动等变量对疾病时变传播率的动态影响。

综上，PINNs 通过将机制模型的方程以残差约束形式嵌入神经网络的损失函数，弥补机制模型与数据驱动模型之间的缺点。其在流行病学中的应用证明了该框架在处理不完全观测数据，克服参数不可辨识性方面的潜力。本文之后的研究，正是利用这一“机理驱动-数据协同”的 PINNs 方法，将其应用于 SIRVD 模型，旨在解决真实数据中时变参数估计等反问题。

2. 物理信息神经网络

2.1. 模型构建

在 COVID-19 传播期间，疫苗接种是控制相关事件扩散的关键措施之一。但经典的传染病模型往往难以同时刻画疫苗接种和疾病致死等复杂因素。为此，本章在传统仓室模型基础上，引入疫苗接种与死亡机制，构建一个扩展的 SIRVD 模型。

在任意时刻 t ，将总人口 $N(t)$ 划分为以下四个状态：易感者 $S(t)$ ，感染者 $I(t)$ ，康复者 $R(t)$ 以及接种疫苗者 $V(t)$ 。此外，引入变量 $D(t)$ 用来记录因感染导致的死亡人数。若不考虑死亡人数，则总人口满足：

$$N(t) = S(t) + V(t) + I(t) + R(t).$$

基于上述仓室划分，疾病在人群中的传播动力学由以下常微分方程组描述：

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = A - \beta SI - vS - \delta S, \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - (\mu + \psi + \delta)I, \\ \frac{dR}{dt} = \mu I - \delta R, \\ \frac{dV}{dt} = vS - \delta V, \\ \frac{dD}{dt} = \psi I. \end{cases}$$

各参数的生物学意义如表 1 所示：

Table 1. System resulting data of standard experiment

表 1. 模型参数符号及含义说明

符号	描述
A	人口中新的易感人群的招募比率
β	有效接触率，表示易感者与感染者接触后被感染的概率
v	易感人群的疫苗接种率，并假设接种疫苗后个体直接进入 V 房室并获得完全免疫
μ	感染人群的康复率
ψ	因病死亡率
δ	所有房室中个体的自然死亡率

2.2. 损失函数

本文所构建的 PINNs 旨在通过前馈神经网络建立从时间域到流行病学状态空间及未知动力学参数空间的非线性映射。具体而言，将 $U_D^{NN}(t, \Theta_D)$ 和 $U_P^{NN}(t, \Theta_P)$ 设定为两个独立的深度神经网络，以时间变量 t 作为输入，它们的权重和偏置分别由参数集合 Θ_D 和 Θ_P 进行参数化。令：

$$U_D^{NN}(t, \Theta_D) = [S^{NN}(t), I^{NN}(t), R^{NN}(t), V^{NN}(t), D^{NN}(t)],$$

$$U_P^{NN}(t, \Theta_P) = \beta^{NN}(t, \Theta_\beta),$$

其中， $U_D^{NN}(t, \Theta_D)$ 用于拟合流行病学数据并逼近 SIRVD 模型的解； $U_P^{NN}(t, \Theta_P)$ 用于识别和反演时变动力学参数 $\beta(t)$ 。网络的框架图如图 1 所示。

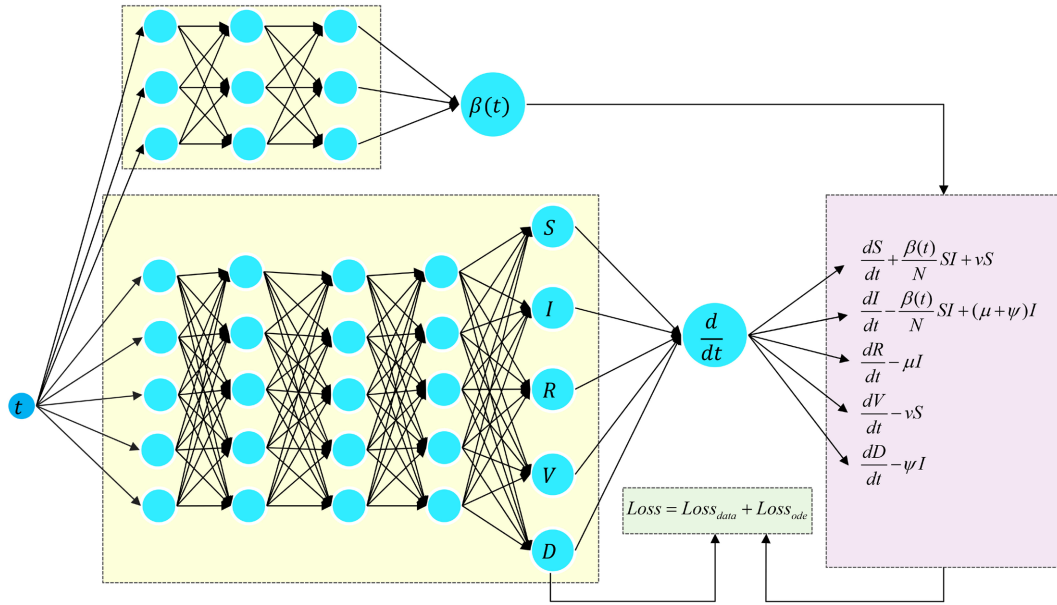


Figure 1. Schematic of the PINNs architecture for the SIRVD dynamical model
图 1. 基于 SIRVD 动力学模型的 PINNs 架构示意图

为了确保模型输出能够精准拟合现实相关事件的发展轨迹，损失函数的第一部分被定义为数据保真项，记作 $Loss_{data}$ 。该项主要用于量化状态预测网络 $U_D^{NN}(t, \Theta_D)$ 的输出值与真实流行病学监测数据之间的均方误差。损失函数的另一部分为了将疾病传播的内在物理机制嵌入到深度学习框架中，要求网络输出的状态变量时间序列以及由参数网络 $U_P^{NN}(t, \Theta_P)$ 预测的时变参数，必须严格吻合前文构建的 SIRVD 动力学模型。为此，将模型中所有微分方程的残差平方和加到损失函数中，记作 $Loss_{ode}$ 。

由于现实生活中状态变量的实际数据并不是总能得到，因此在后续的实验部分仅能用到部分状态变量的残差平方和，损失函数 $Loss_{data}$ 的定义如下：

$$Loss_{data} = \frac{1}{N_d} \sum_{i=1}^{N_d} |S^{NN}(t_i) - S(t_i)|^2 + \frac{1}{N_d} \sum_{i=1}^{N_d} |I^{NN}(t_i) - I(t_i)|^2$$

$$+ \frac{1}{N_d} \sum_{i=1}^{N_d} |R^{NN}(t_i) - R(t_i)|^2 + \frac{1}{N_d} \sum_{i=1}^{N_d} |V^{NN}(t_i) - V(t_i)|^2$$

$$+ \frac{1}{N_d} \sum_{i=1}^{N_d} |D^{NN}(t_i) - D(t_i)|^2$$

其中 N_d 表示训练集的数量。

此外, 根据模型的方程, 在计算域内随机采样的配置点 t_i 处, 各分量的残差由下式给出:

$$\begin{aligned}\mathcal{R}_S(t_i) &= \frac{dS^{NN}(t_i)}{dt} + \frac{\beta^{NN}(t_i)}{N} S^{NN}(t_i) I^{NN}(t_i) + vS^{NN}(t_i), \\ \mathcal{R}_I(t_i) &= \frac{dI^{NN}(t_i)}{dt} - \frac{\beta^{NN}(t_i)}{N} S^{NN}(t_i) I^{NN}(t_i) + (\mu + \psi) I^{NN}(t_i), \\ \mathcal{R}_R(t_i) &= \frac{dR^{NN}(t_i)}{dt} - \mu I^{NN}(t_i), \\ \mathcal{R}_V(t_i) &= \frac{dV^{NN}(t_i)}{dt} - vS^{NN}(t_i), \\ \mathcal{R}_D(t_i) &= \frac{dD^{NN}(t_i)}{dt} - \psi I^{NN}(t_i).\end{aligned}$$

于是, 物理约束损失定义为:

$$Loss_{ode} = \frac{1}{N_e} \sum_{i=1}^{N_e} [\mathcal{R}_S(t_i)^2 + \mathcal{R}_I(t_i)^2 + \mathcal{R}_R(t_i)^2 + \mathcal{R}_V(t_i)^2 + \mathcal{R}_D(t_i)^2],$$

其中, N_e 是在整个计算域中随机选择的残差点点的数量。

因此, 基于 SIRVD 模型的机器学习的损失函数变成

$$Loss = Loss_{data} + Loss_{ode}$$

通过最小化该损失函数, 即可实现参数反演与状态变量的联合优化。

3. 实验结果

为评估基于 SIRVD 模型的 PINNs 的准确性和鲁棒性, 本节设置以下三个实验: 实验 1 是在理想情况下进行对照实验, 利用传统的数值微分方程求解器生成一组训练集, 检验 PINNs 算法求解正问题及参数反演的有效性; 实验 2 是回归实际问题, 在马来西亚的真实数据上应用训练过的神经网络, 考察其对有噪声情况下的适应能力和鲁棒性; 实验 3 是针对未来 15 天的相关事件发展情况做出一个预测。

3.1. 基于合成数据的验证实验

实验采用合成数据验证模型计算参数的有效性。考虑到所采集数据的周期较短, 人口自然出生与死亡带来的扰动可忽略不计。忽略人口动力学因素, 能有效避免模型过度参数化。本节参考 COVID-19 早期传播的宏观经验特征, 设定 SIRVD 动力学模型的核心物理常数为: 有效传染率 $\beta = 0.25$, 康复率 $\mu = 1/14$, 因病死亡率 $\psi = 0.005$ 以及疫苗接种率 $v = 0.001$, 利用数值求解器生成了五百天的演化轨迹。这些轨迹作为已知观测数据输入神经网络, 网络精准拟合了各项状态变量的演化曲线如图 2 所示。在参数的逆向推断方面, 图 3 记录了参数在 20,000 次训练迭代中的收敛过程。训练初期由于引入物理残差导致误差瞬间增大, 在后续优化中平衡了数据误差与物理误差使参数最终都收敛到了真实值附近。该合成实验表明算法能够有效识别模型中的参数, 为后续处理真实环境下的参数反演奠定基础。

3.2. 应用到真实数据上

为评估模型在真实环境下的泛化与推断能力, 本节将所构建的 PINNs 算法应用于真实 COVID-19 历史数据。实验选取马来西亚自 2021 年 3 月 15 日至 2021 年 7 月 12 日共 120 天的相关事件监测数据对网络进行训练[18]。

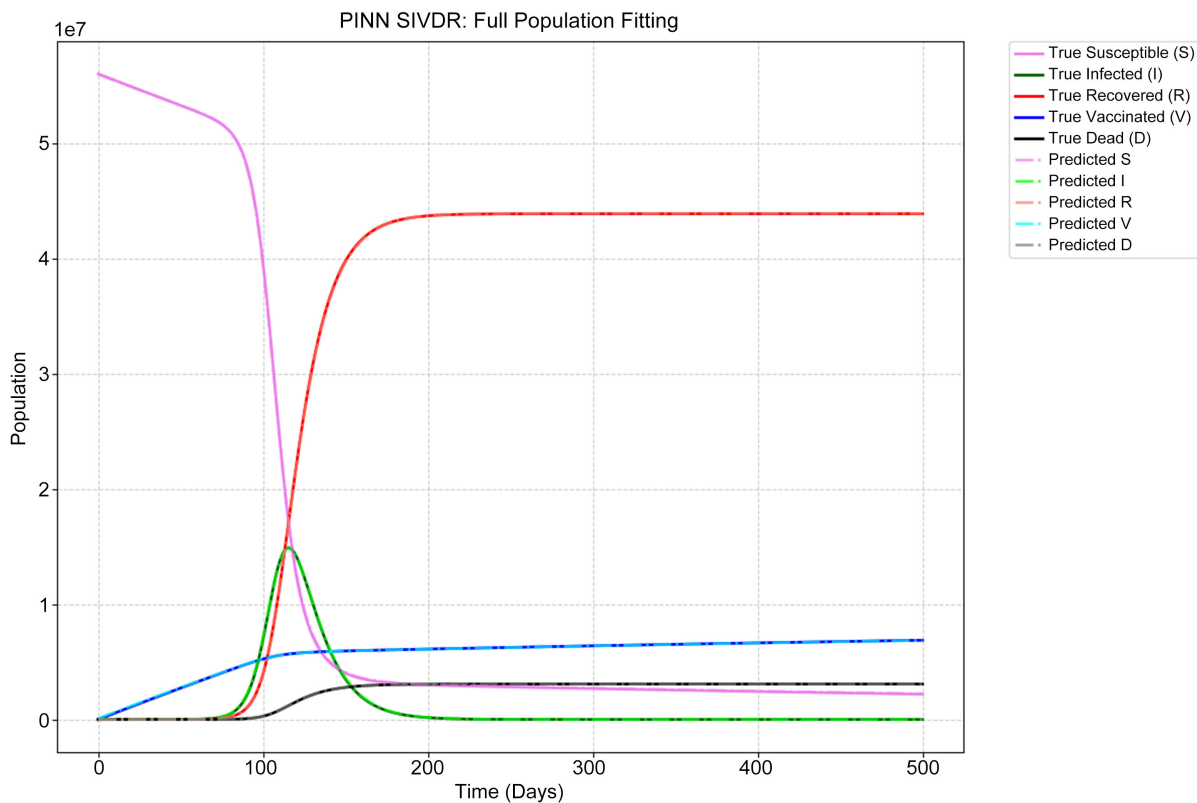


Figure 2. Comparison of compartmental fitting results for the SIRVD dynamical model based on synthetic data
图 2. 基于合成数据的 SIRVD 动力学各仓室拟合对比图

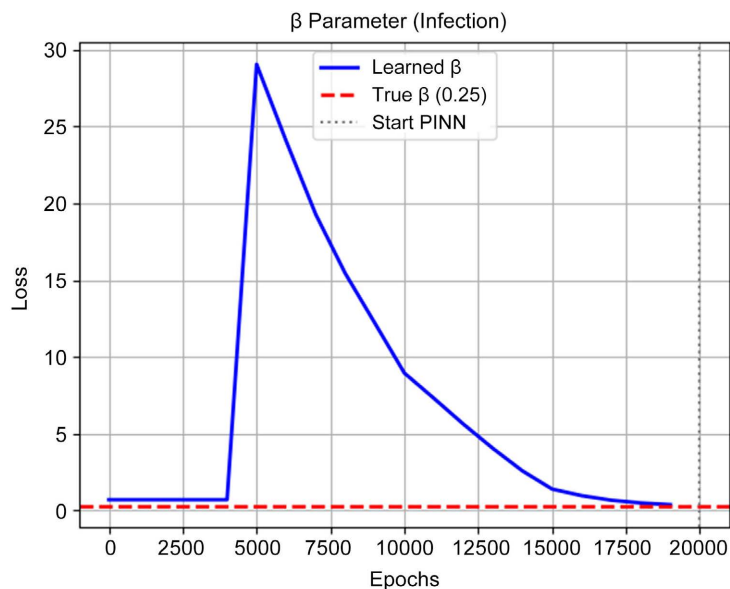


Figure 3. Convergence plot of dynamical parameter inversion based on synthetic data
图 3. 基于合成数据的动力学参数反演收敛效果图

图 4 展示了马来西亚地区现存确诊、康复、接种与死亡人数的拟合结果。真实数据通常包含统计噪声，在曲线中表现为局部锯齿波动。然而，实验表明，网络预测值成功过滤了这些高频噪声，捕获到各

状态变量的演化趋势。为评估网络拟合精度，表 2 列出了各状态变量的评价指标。结果显示，各状态变量拟合的决定系数(R^2)均高于 0.998。该结果进一步验证了物理信息约束在处理真实含噪数据时具备较强的鲁棒性。

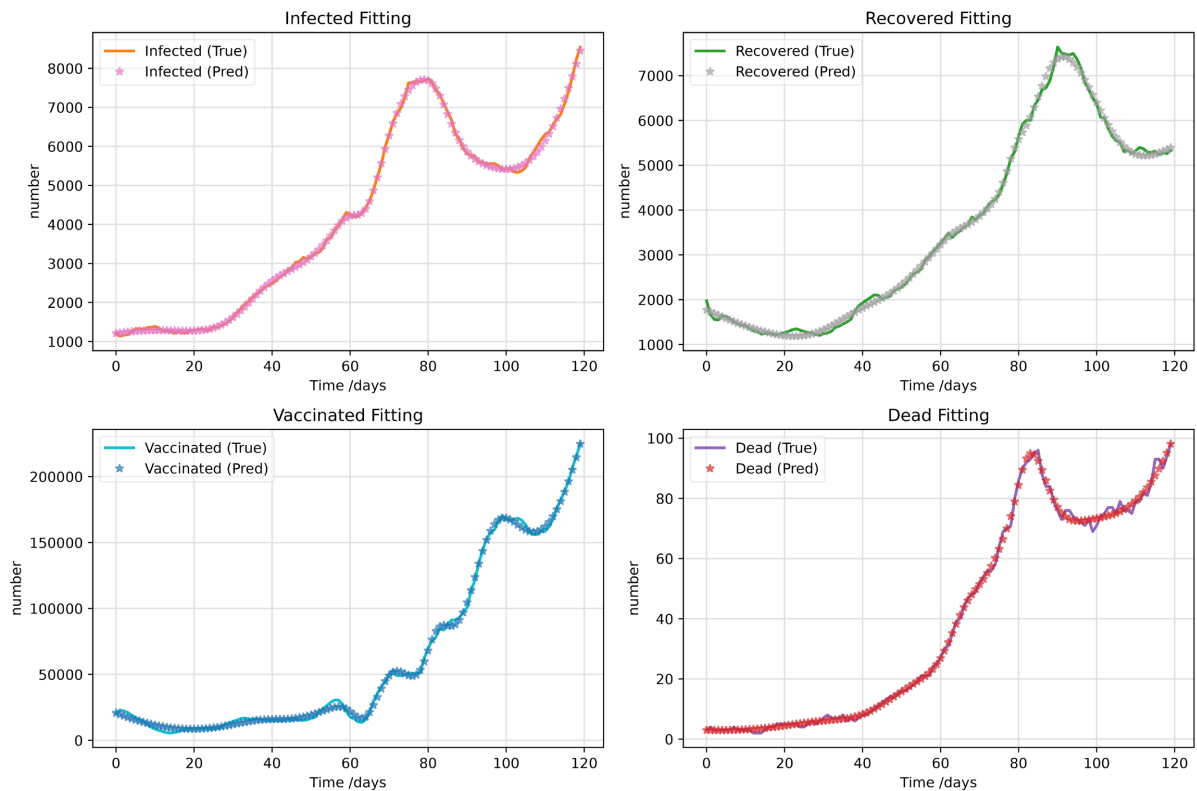


Figure 4. Fitting comparison of various variables based on real data
图 4. 真实数据下各变量拟合对比图

Table 2. Evaluation of the fitting performance of PINNs on Malaysian epidemic data
表 2. PINNs 对马来西亚相关事件数据的拟合性能评估

状态变量	均方误差(MSE)	决定系数(R^2)
现存确诊(I)	4.4122×10^3	0.9992
康复(R)	8.4932×10^3	0.9980
疫苗接种(V)	5.7758×10^6	0.9986
死亡(D)	1.9245	0.9983

在时变参数的反演方面，图 5 中的粉色虚线表示网络学习到的有效传染率 $\beta(t)$ 的动态演化轨迹。与理想环境下的常数假设不同，真实传染率呈现出时变波动特征。观察其变化规律发现， $\beta(t)$ 的波动在时间上领先于确诊病例数 I 的增减。例如，在第 60 至 70 天期间， $\beta(t)$ 出现上升，直接导致随后第 80 天前后的确诊病例到达峰值；而在确诊激增后， $\beta(t)$ 的迅速回落则可能对应了现实中 NPIs 措施(如社交隔离，区域封锁)的紧急响应与实施。这种参数轨迹还原了病毒内在传播规律与外部干预措施相互博弈的过程。

为了进一步验证算法在不同局部空间约束和人口异质性条件下的普适性，本节在马来西亚的总数据之外，选取了 Selangor, Sabah, Kelantan 与 Johor 四个州属进行平行验证实验，各州属的联合拟合及参

数演化图如图 6 所示。上述四个州的选取具有一定的现实意义：根据马来西亚 COVID-19 空间分布与危机管控的量化研究，这四个州属被划归为截然不同的感染动态特征组。具体而言：Selangor 作为人口密度高，工业化程度高的核心高风险疫区，在相关事件防控阶段，医疗系统承受了极大压力(COVID 指数(SCI)得分 > 0.75) [19]；Sabah 因地理位置相对孤立，地形条件制约了医疗基础设施的分布，部分区域医疗设备配置落后；Kelantan 是东海岸农业州，虽人口密度较低，但本土扩散风险突出；Johor 作为南部重要城市，其相关事件数据既体现了城市内部传播特征，又叠加了区域间人员流动的影响，在时间序列预测中呈现出传染率难快速回落的“高陡峭”特征[20]。这四个州覆盖了从局部大规模流行到低密度传播的不同阶段，为测试算法的空间泛化能力提供较为真实的场景支撑。

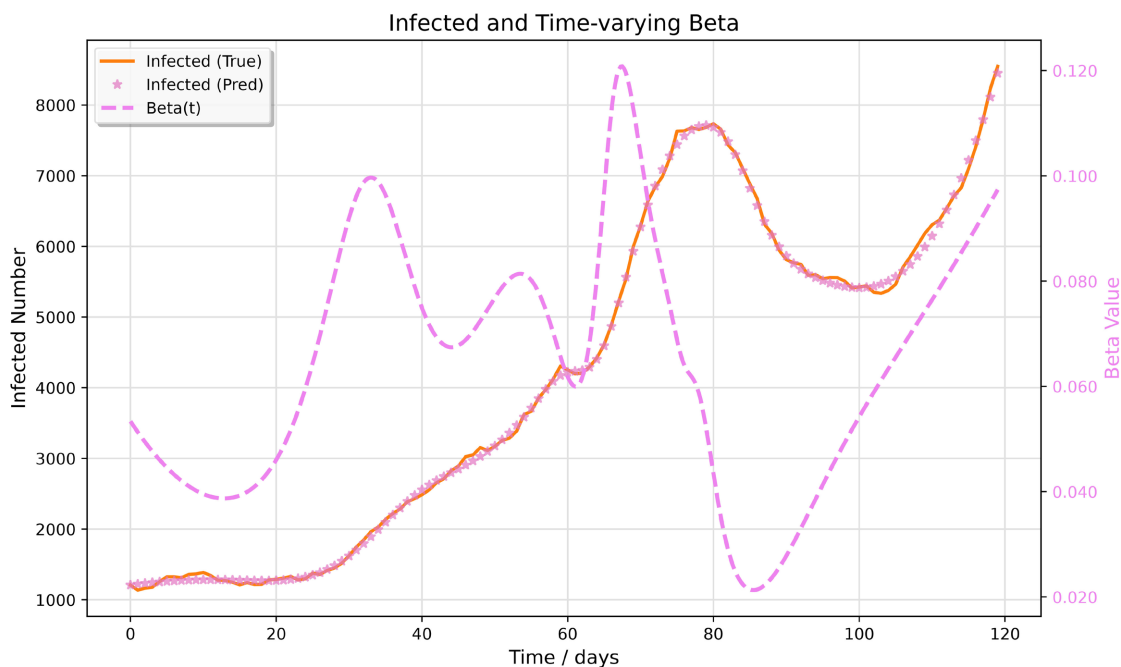


Figure 5. Fitting of daily infected numbers and dynamic inversion trajectory of time-varying transmission rate
图 5. 每日确诊人数拟合与时变传染率动态反演轨迹

图 6 所示的四个州属的拟合图表与全国总体演化趋势的对比，能够清晰揭示空间异质性对传染病传播动力学的实际影响。从总体规律来看，四州确诊病例与反演得出的传染率均在第 60 至 80 天期间(受 Delta 毒株冲击)出现非线性激增，并在 6 月 1 日全国全面行动管制令(FMCO)实施后同步显著回落[21]，这证实物理干预在不同区域均具备可靠的防控效果。然而，在局部动力学特征上，各地因人口基数与社会接触网络的不同呈现出显著分化：Selangor 作为全国经济中心其确诊曲线的爬坡斜率及演化趋势与马来西亚总图高度重合；Sabah 因具备跨海地理隔离的物理属性，其确诊病例曲线的爬坡走势相对迟缓；Kelantan 虽人口密度偏低，却因节假日跨州返乡引发了早期聚集性感染，导致峰值明显前置；Johor 作为工业与区域往来枢纽，持续承压于外部输入病例，迫使模型参数以剧烈宽泛的震荡来吸收外部扰动带来的物理残差。

3.3. 真实数据预测结果分析

在本小节中，评估所提出的 PINNs 算法在预测相关事件未来发展趋势方面的性能。在预测中引入了 $\pm 5\%$ 、 $\pm 10\%$ 和 $\pm 15\%$ 的不确定性边界，以量化未来各种潜在控制措施或行为变化对时变参数的影响，并随

后将此不确定性传播到预测组件中。利用这些设定参数，对未来 15 天的现存确诊人数进行了外推预测，结果如图 7 所示。

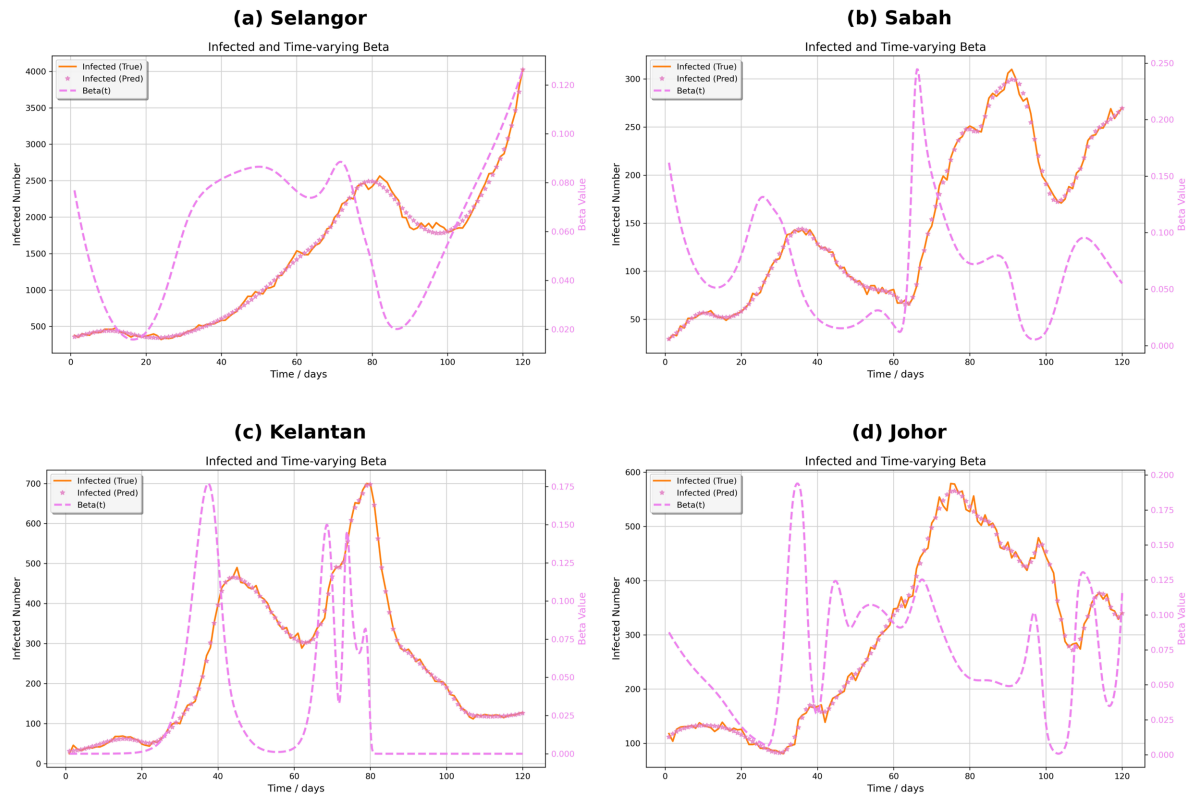


Figure 6. Fitting of confirmed case data and dynamic trajectory of time-varying transmission rate
图 6. 确诊病例数据拟合与时变传染率动态演化轨迹

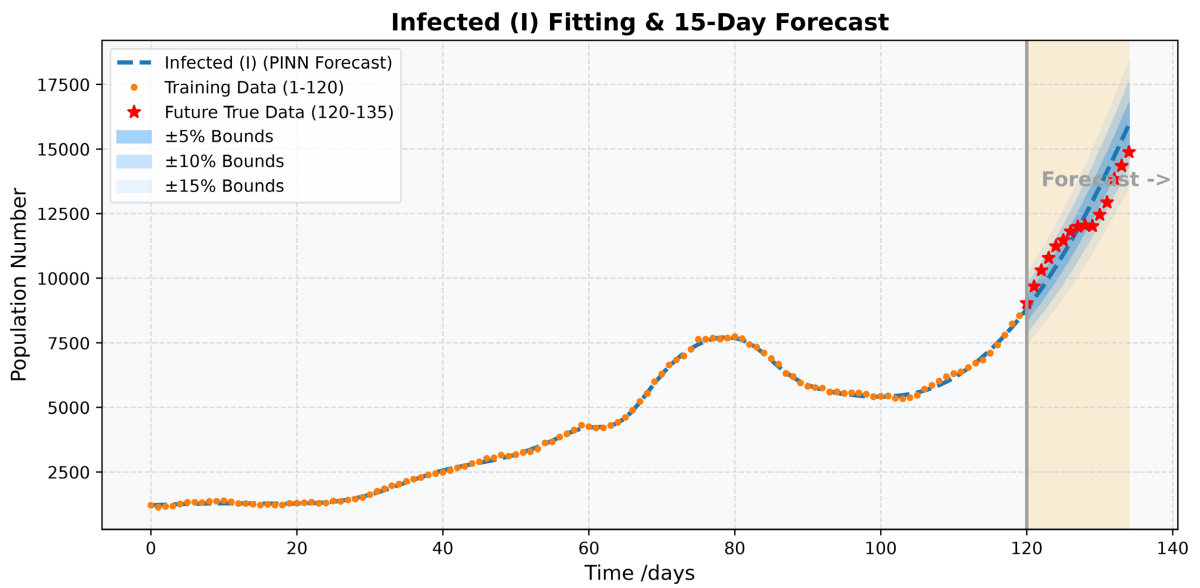


Figure 7. Short-term (15-day) prediction and uncertainty analysis plot
图 7. 短期预测(15 天)与不确定性分析图

通过将模型预测结果与未参与拟合的真实数据(图中红色星号所示)进行对比可以看出, 经 PINNs 算法校准的时变 SIRVD 模型能够较好地预测未来相关事件的发展趋势。大部分真实新增数据都落在了内层 $\pm 10\%$ 的预测不确定性区间内, 与预测曲线的偏差较小。这证实将物理机制与深度学习相结合的方法, 在短期流行病学预测中具有可靠的性能。

4. 总结

本研究以引入疫苗接种机制的 SIRVD 传染病模型为研究对象, 设计了基于 PINNs 的求解框架。该框架先通过合成数据验证了算法的适用性与收敛性, 继而应用于马来西亚全国及四个典型州属的真实数据, 有效捕捉了疾病传播的动态。此外, 对于染病者还进行了短期预测, 验证了该网络在复杂公共卫生事件预警与干预评估中的可靠性。

虽然基于深度学习的 SIRVD 框架在时变动态拟合方面具备较高的精度, 但从机理层面来看, 该系统仍存在难以规避的局限性。其一, 该模型的构建依赖于人群均匀混合这一假设, 未能充分考虑实际场景中的关键特征, 比如不同年龄群体的异质性和空间接触网络等。其二, 在损失函数的优化过程中, 模型将康复率 μ 与因病死亡率 ν 等预先设定为常数, 这一处理方式不可避免地带来了参数不可辨识的风险。在真实的公共卫生场景中, 医疗资源的调整, 都会导致实际参数出现时变波动。当动力学方程强行将这些变量固定为常数时, 神经网络在最小化全局残差的过程中, 只能依靠系统内唯一拥有自由度的非线性映射网络——即时变传染率 $\beta(t)$, 去吸收和补偿由常数假设所产生的数学截断误差。因此, 通过网络反演得到的 $\beta(t)$, 并非单纯反映病毒自身固有的生物学传染能力, 而是融合了 NPIs 以及参数固定误差的“综合性有效传染速率”。认识到这一局限性, 将为未来构建多维度时变参数联合反演的高维神经网络提供理论依据与优化方向。

参考文献

- [1] 马知恩, 周义仓, 王稳地, 等. 传染病动力学的数学建模与研究[M]. 北京: 科学出版社, 2004.
- [2] Tripp, J.H. (1983) Physical Concepts and Mathematical Models. In: Williamson, S.J., Romani, G.L., Kaufman, L. and Modena, I., Eds., *Biomagnetism*, Springer US, 101-139. https://doi.org/10.1007/978-1-4757-1785-3_6
- [3] Kermack, W.O. and McKendrick, A.G. (1927) A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character*, **115**, 700-721. <https://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118>
- [4] <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1477893920302210?via%3Dihub>, 2026-05-09.
- [5] <https://publichealth.jmir.org/2020/2/e19115/>, 2026-05-09.
- [6] <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2211379721006197?via%3Dihub>, 2026-05-09.
- [7] <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S096007792030518X?via%3Dihub>, 2026-05-09.
- [8] <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0262708>, 2026-05-09.
- [9] Cao, Q., Zheng, J., Liu, Y., Li, Z., Xu, J., Zhao, H., et al. (2026) Infectious Disease Prediction Model Based on Optimized Deep Learning Algorithm. *Frontiers in Public Health*, **13**, Article 1703506. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2025.1703506>
- [10] https://kns.cnki.net/kcms2/article/abstract?v=x5ZT7qxuO_qAgLckLynySK3xu3lfHZg_slj3aALw4LqN3CYPiWp5xMWsmbf8YGfbL_etcDn2Sj43CpYk-qOK5kKc1tUhHLDLHxwmolVDg-xuXMOPRkvawBniBniW5Qho5pBwDNLwDYHHYvMj8b4As7pm9Q-wQI-OzaUEuyg_IO4APm_qS120kPZA=&uniplatform=NZKPT, 2026-05-09.
- [11] Grimm, V., Heinlein, A., Klawonn, A., Lanser, M. and Weber, J. (2022) Estimating the Time-Dependent Contact Rate of SIR and SEIR Models in Mathematical Epidemiology Using Physics-Informed Neural Networks. *ETNA—Electronic Transactions on Numerical Analysis*, **56**, 1-27. https://doi.org/10.1553/etna_vol56s1
- [12] <https://www.mdpi.com/2673-3986/2/4/33>, 2026-05-09.
- [13] <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S001048252300896X?via%3Dihub>, 2026-05-09.
- [14] Bertaglia, G., Lu, C., Pareschi, L. and Zhu, X. (2022) Asymptotic-Preserving Neural Networks for Multiscale Hyperbolic

-
- Models of Epidemic Spread. *Mathematical Models and Methods in Applied Sciences*, **32**, 1949-1985.
<https://doi.org/10.1142/s0218202522500452>
- [15] Millevoi, C., Pasetto, D. and Ferronato, M. (2024) A Physics-Informed Neural Network Approach for Compartmental Epidemiological Models. *PLOS Computational Biology*, **20**, e1012387. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1012387>
- [16] Li, W., Chen, X., Liu, S., Zhang, C. and Liu, G. (2025) Using a Multi-Strain Infectious Disease Model with Physical Information Neural Networks to Study the Time Dependence of SARS-CoV-2 Variants of Concern. *PLOS Computational Biology*, **21**, e1012778. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1012778>
- [17] Qian, Y., Zhang, K., Marty, E., Basu, A., O’Dea, E.B., Wang, X., *et al.* (2025) Physics-Informed Deep Learning for Infectious Disease Forecasting. *Journal of The Royal Society Interface*, **22**, Article ID: 20250379. <https://doi.org/10.1098/rsif.2025.0379>
- [18] <https://github.com/MoH-Malaysia/covid19-public>, 2025-06-03.
- [19] <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0275754>, 2026-05-09.
- [20] <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8793970/>, 2026-05-09.
- [21] <https://www.nature.com/articles/s41598-022-26927-z>, 2026-05-09.