# Отчёт о проделанной работе

Лазар В. И.

12.11.2024

# 1 Проведённые исследования

## 1.1 Модель

Программно реализована однопиковая модель **PBFTPK** с возможностью обучения на данных и генерации сэмплов с параметрами, подобранными при обучении.

Сама модель устроена следующим образом:

$$C(t) = \begin{cases} \frac{FDk_a}{V_d(k_a - k_{el})} (e^{-k_{el}t} - e^{-k_at}), t \le \tau \\ C(\tau)e^{-k_el(t-\tau)}, t > \tau \end{cases}$$

C(t) — концентрация декарства в крови

D>0 — объём дозы лекарства

F > 0 — биодоступная доля дозы

 $V_d > 0$  — объём распределения лекарства

 $k_a$  — параметр всасывания вещества

 $k_e l$  — параметр выведения вещества

 $\tau>0$  — время абсорбции,  $C(\tau)=\sup_{t\geq 0}C(t)$ 

## 1.2 Метрика

В качестве метрики для оценки моделей большинство уже реализованных алгоритмов используют метрику

$$\frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} (f(t_i) - X(t_i))^2$$

, которая мало подходит в задачах биоэквивалентности в силу слабой интерпретируемости. Был реализован аналог алгоритма подбора параметров модели для метрики

$$\frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} |f(t_i) - X(t_i)|$$

, что дало большее качество при обучени модели.

## 1.3 Исследование моментных характеристик остатков

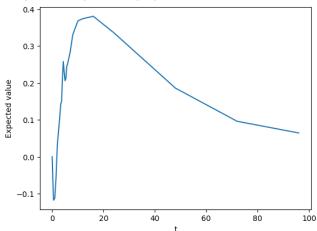
Здесь и далее будем действовать в предположении о том, что величина

$$X(t) - f(t)$$

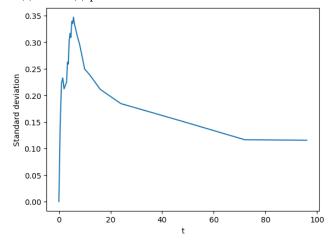
, где X(t) - исходный случайный процесс, а f(t) - тректория предсказанная моделью, является процессом Леви

Для получения более точного вида процесса было решено исследовать матожидание и стандартное отклонение проекций процесса остатков

Получен следующий график поведения для матожидания



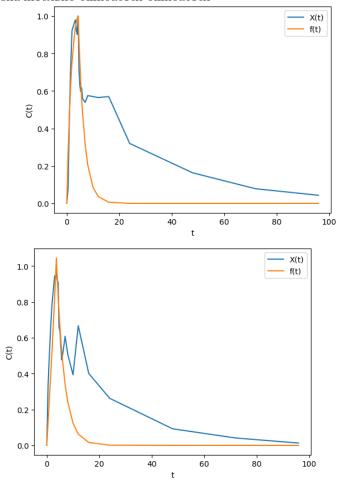
И для стандартного отклонения

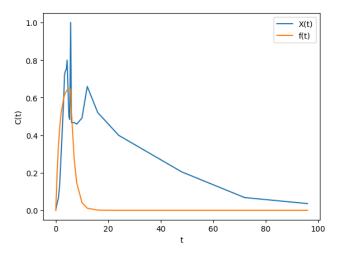


Заметно, что в среднем наша модель сильнее всего ошибается в окрестности 20-и. Запомним это и рассмотрим несколько графиков процессов

## 1.4 Исследование поведения исходного процесса

Здесь показаны одни из типовых случаев процессов, на которых моделт значительно ошибается ошибается





Заметим, что второй пик здесь находится в окрестности 20, что согласуется с полученными выше результатами. Поскольку подобных процессов в датасете достаточно много, логично предположить, что однопиковой модели **PBFTPK** будет недостаточно для предсказания поведения процесса. Более того, учитывая, что однопиковых процессов в датасете также много, возможно логично будет предположение о небиоэквивалентности реферрентного и тестового препаратов

## 2 Гипотезы и планы

### 2.1 Разметка датасета

Поскольку была обнаружена особенность сильно влияющая на работу модели, появилась идея вручную разметить датасет и для каждого процесса указать возможное количество максимумов (от 1 до 3). Возможно, имеет смысл создать алгоритм (или обучить отдельную модель) для поиска количества пиков процесса и оценки вероятности того, что количество пиков найдено верно

### 2.2 Модель

По этой же причине было принято решение усовершенствовать модель для учёта возможных многопиковых случаев. Возможно также имеет смысл изменить функцию потерь на следующую:

$$L(f,\alpha) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{i_0 - 1} |f(t_i) - X(t_i)| + \frac{1}{n} \sum_{i=i_0}^{n} \alpha |f(t_i) - X(t_i)|$$
  
 $\alpha \ge 0$   
 $X(t_i) = \tau$ 

Коэффициент  $\alpha$  отвечает за то, насколько сильно на общую ошибку влияет отклонение после времени абсорбции  $\tau$ . Это может быть полезным, так как сильнее всего модель ошибается после достижения пика.