

ГЕНОМ-ЦЕНТРИРОВАННАЯ ИНТЕЛЛЕКТУАЛЬНАЯ СИСТЕМО-КИБЕРНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРИРОВАННАЯ МОДЕЛЬ В ЗАДАЧАХ ОПТИМАЛЬНОГО СИНТЕЗА РАЦИОНОВ ЧЕЛОВЕКА

Шлихт А.Г., Краморенко Н.В.

Дальневосточный федеральный университет
ул. Суханова, 8, г. Владивосток, 690091, РФ; e-mail: schliht@mail.ru
Поступила в редакцию: 08.07.2020

Аннотация. В работе рассматривается задача анализа и оптимального синтеза рационов на основе методов математического программирования и технологий искусственного интеллекта. Разработанные алгоритмы, программы, базы данных, базы знаний позволяют перекрыть все многообразие существующих диет и рационов, обеспечивая при этом требуемый сбалансированный химический состав рациона при многочисленных ограничениях на нутриенты по нормам питания, химическому составу сырья и готовых блюд; балансу кальция, магния, фосфора; насыщенных, моновенасыщенных, полиненасыщенных жирных кислот; незаменимых аминокислот (аминокислотный скор); калорийность; растительные и животные нутриенты и др., потерь тепловой обработки, различных фенотипических факторов, ограничений, связанных с заболеваниями. Рассмотренные вопросы, связанные с генетикой, геномикой, протеомикой, нутригеномикой, биохимией, позволили существенно расширить наши знания и возможности по технологиям, качеству и безопасности питания. Учет этого многообразия факторов реализован в созданной системе путем привлечения системно-кибернетической структурированной модели, построенной на основе математических моделей и информационных технологий, оперирующих сотнями нутриентов и продуктов питания.

Ключевые слова: питание, оптимальный синтез рационов, геномика, нутригеномика, искусственный интеллект, базы данных, базы знаний

Как говорил академик Сергей Капица: «Наука о питании - это наука 21 века». Современные достижения в области генетики, биохимии, информационных технологий позволили существенно расширить наши знания и возможности по технологиям, качеству и безопасности питания. В настоящее время наработаны многочисленные рекомендации в сфере питания: по нормам питания, химическому составу сырья и готовых блюд, потерь тепловой обработки, различных фенотипических факторов (возраст, рост, вес, характер физической нагрузки, генетические особенности индивида), ограничений, связанных с заболеваниями (фенилкетонурия, целиакия, галактоземия и др.). Учет этого многообразия факторов требует привлечения системно-кибернетических моделей и информационных технологий. Решающее значение в анализе и синтезе рационов имеют количественные сбалансированные оценки химического состава рациона (кальций, магний, фосфор; насыщенные, моновенасыщенные, полиненасыщенные жирные кислоты; баланс незаменимых аминокислот (аминокислотный скор); калорийность; растительные и животные нутриенты и др.), учесть это многообразие довольно сложно, учитывая сотни нутриентов и продуктов питания. В сущности, необходимо каждый раз решать задачу персонализированного питания. Но, как же достигнуть этого в условиях многочисленного контингента.

Системно-кибернетическая структурированная модель.

Целью работы является создание интеллектуальной информационной системы анализа и оптимального синтеза рациона человека [1-6]. В основу синтеза рациона положен фундаментальный системно-кибернетический подход с прямой цепью связи управления, производящей анализ произвольного рациона и цепи обратной связи, в которой осуществляется оптимальная коррекция произвольного рациона. В состав предлагаемой системно-кибернетической структурированной модели (СКСМ) на базе модели пространства состояний входят подсистемы: норм питания; анализа рациона; оценки рациона и сравнение его со стандартным по категориям; оптимальный регулятор в цепи обратной связи (рис. 1).

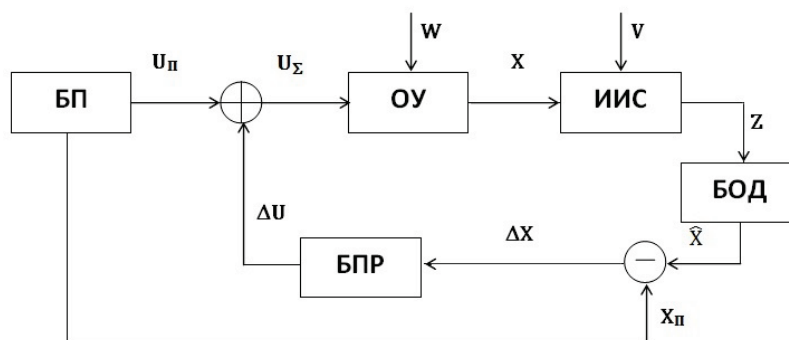


Рисунок 1. Системно-кибернетическая структурированная модель

СКСМ строится по технологии экспертных систем на основе технологии баз данных (БД) и баз знаний (БЗ) с дополнительной оптимизацией на базе методов математического программирования (реализация задачи о диете). Оптимальный регулятор в цепи обратной связи определяет дефицитные нутриенты и дает рекомендации по качественному и количественному составу дополнительных продуктов.

В СКСМ в явном виде выделяется:

БП – блок планирования формирующий нормативные требования к управляемым объектам и процессам (U_p, X_p);

ОУ – объект или процесс управления с векторами управления, состояния и возмущения (U_z, X, W);

ИИС – информационно-измерительная система с векторами измерения и ошибок измерения (Z, V);

БОД – блок оценивания и диагностирования с вектором оценки состояния (\hat{X});

БС – блок сравнения оценки текущего состояния и плана ($\Delta X = \hat{X} - X_p$);

БПР – регулятор в цепи обратной связи – блок принятия дополнительных решений (ΔU).

При синтезе отдельных блоков СКСМ могут применяться различные методы формализации (алгебраические и дифференциальные уравнения, БД и БЗ, экспертные системы, и др.).

Анализ традиционных рационов.

Применительно к задаче анализа и оптимального синтеза рациона в данном случае не учитываются возмущения (отклонения химического состава продуктов), а также ошибки измерений, возникающие в процессе взвешивания и анализа химического состава продуктов. Это существенно упрощает задачу и позволяет перейти от стохастических моделей к детерминированным.

Анализ химического состава традиционного рациона производится на базе системы алгебраических уравнений:

$$X = A \cdot U, \quad (1)$$

где U – вектор потребленных продуктов в рационе; X – вектор нутриентов; $A = (a_{ij})$ – матрица $m \times n$, где a_{ij} – элементы матрицы, характеризующие количество i -го нутриента в j -ом продукте, m – количество анализируемых нутриентов, n – количество продуктов.

Оптимальный синтез корректирующих рационов.

Далее проводится сравнение с требуемым нормированным значением и определяется дефицит необходимых нутриентов $\Delta X = X - X_p$, т.е. вместо \hat{X} в СКСМ используем просто X .

После этого решаем задачу оптимального синтеза покрытия дефицитных нутриентов, как уже говорилось, на базе линейного программирования [4].

Минимизировать функцию:

$$K = C^T \cdot \Delta U, \quad (2)$$

где $\Delta U \geq 0$,

$$A \cdot \Delta U \geq \Delta X,$$

$C^T = (c_1, c_2, \dots, c_n)$ – вектор-строка $1 \times n$, характеризующая стоимость соответствующих продуктов.

Для решения задач анализа и оптимального сбалансированного синтеза рациона были созданы соответствующие базы данных (БД) и базы знаний (БЗ): норм питания, сырья, рецептов блюд, химического состава сырья и конкретных блюд, норм и ограничений в питании, суточных рационов, введены формулы питания (по А.А. Покровскому). Разработанные БД и БЗ интегрированы с алгоритмами и программами реализации симплекс метода. Для учета многочисленных вышеуказанных ограничений были разработаны соответствующие запросы, которые вошли в состав дополнительных ограничений задачи линейного программирования. В качестве критерия оптимизации могут быть использованы различные критерии не только стоимости, минимизации калорий, веса, ограничений не только на нутриенты, но и на потребляемые продукты.

Задачу оптимального синтеза можно было бы решать, однократно, без обратной связи, но в этом случае получаются далекие от реальности рационы с преобладанием какого либо продукта (например, минимальной цены).

Все операции в интеллектуальной системе максимально автоматизированы.

Генотип–Фенотип.

Другой важной особенностью современной теории и практики питания является учет геномного статуса индивида [3]. Синтез рациона необходимо строить исходя из генетических особенностей (мутаций) в геноме человека. Мутации в кодируемых генах дают мутации в соответствующих белках. Если этот белок фермент, то происходит нарушение биохимических реакций, в которых участвует фермент, далее нарушение работы метаболических путей и физиологических процессов, в частности, происходит избыточное накопление метаболитов, которые являются причиной заболевания. Здесь важно учесть последствие генетических отклонений и создать, если они связаны с питанием, соответствующие рационы. Для этих целей были созданы БД (на основе слабоструктурированных данных международных порталов, в созданной системе эти данные прошли высокую степень структуризации и помещены в локализованные БД и БЗ): БД генома, транскриптома, протеома, мутаций для определения геномного статуса индивида, БД реакций, метаболических путей, орфанных заболеваний, а также многочисленные ассоциации между ними. Важны первичные данные, они берутся из

справочников или экспресс анализа. Создана оболочка экспертной системы с глубокими знаниями [5], интегрирующая как математические модели, так и технологию БД и БЗ. Для удобства работы с разработанными системами (базами данных и знаний) специалистам, не владеющим информационными технологиями, разработан специальный визуальный диалоговый интерфейс. В основу интерфейса положены простые графические конструктивы визуального программирования. Локализация БД позволила отойти от интерактивного общения с международными порталами и обеспечила высокий уровень локальной автоматизации при работе с данными и знаниями, обеспечивая при этом сквозное прохождение информации между всеми подсистемами. Созданные БД и БЗ позволяют проводить комплексный анализ и синтез рационов в системе ГЕНОТИП – ФЕНОТИП, а также решать задачи, связанные с нутригенетикой, нутригеномикой, токсикогеномикой, фармакогеномикой, орфанными заболеваниями. Разработанная интегрированная система является логическим продолжением системы ГЕНОТИП – СРЕДА ОБИТАНИЯ – ФЕНОТИП [7,8]. Многочисленные разработанные подсистемы функционируют в Центре гигиены и эпидемиологии Приморского края, санаториях Приморского края и других организациях.

Заключение.

Созданная система позволяет эффективно проанализировать и реализовать любую существующую диету, для этого необходимо только ввести данные из созданных БД, ограничения на первичные продукты. В случае, если не удастся синтезировать рацион на базе традиционных продуктов (превышение массы, калорий, ограничения в продуктах и нутриентах), то можно добавлять в модель соответствующие витамины. Система сама определит, что и в каком количестве подходит для синтеза рациона.

Достоинством разработанной системы является то, что она не ограничивает индивида строгими рамками рациона, который получается на базе оптимальной задачи о диете, а позволяет питаться по традиционной схеме питания, но с дополнительными нутриентами, получаемыми в цепи обратной связи для коррекции рациона. Как правило, это составляет значительно меньшую долю общих затрат на питание, но требует более строгого подбора сырья и готовых продуктов, а также дисциплины питания.

Список литературы / References:

1. Шлихт А.Г. Интегрированная экспертная система анализа и оптимального синтеза рационов. Материалы XIII Всероссийского конгресса диетологов и нутрициологов с международным участием «Персонифицированная диетология: настоящее и будущее», Москва, 5-7 декабря 2011. *Вопросы диетологии*, 2011, т. 1, № 2, с. 100. [Shliht A.G. Integririvannaya ekspertnaya sistema analiza i optimal'nogo sinteza racionov. Materialy XIII Vserossijskogo kongressa dietologov i nutriciologov s mezhdunarodnym uchastiem «Personificirovannaya dietologiya: nastoyashchee i budushchee», Moskva, 5-7 dekabrya 2011. *Voprosy dietologii*, 2011, vol. 1, no. 2, p. 100. (In Russ.)]
2. Шлихт А.Г. Интегрированная биомедицинская информационная система постгеномного мониторинга среды обитания и здоровья человека. Материалы XIV Всероссийского Конгресса диетологов и нутрициологов с международным участием «Алиментарно-зависимая патология: предиктивный подход», М.: 3-5 декабря, 2012, т. 2, прил. № 1, с. 95-96. [Shliht A.G. Integririvannaya biomedicinskaya informacionnaya sistema postgenomnogo monitoringa sredy obitaniya i zdorov'ya cheloveka. Materialy XIV Vserossijskogo Kongressa dietologov i nutriciologov s mezhdunarodnym uchastiem «Alimentarno-zavisimaya patologiya: prediktivnyj podhod», M.: 3-5 dekabrya, 2012, vol. 2, supl. № 1, pp. 95-96. (In Russ.)]
3. Шлихт А.Г. Геномика, протеомика, метаболомика, нутригеномика и оптимальный синтез рационов. Материалы VIII Российского форума «Здоровое питание с рождения. Медицина, образование, пищевые технологии. Санкт-Петербург, 2013», с. 60-61. [Shliht A.G. Genomika, proteomika, metabolomika, nutrigenomika i optimal'nyj sintez racionov. Materialy VIII Rossijskogo foruma «Zdorovoe pitanie s rozhdeniya. Medicina, obrazovanie, pishchevye tekhnologii. Sankt-Peterburg, 2013», pp. 60-61. (In Russ.)]
4. Банди Б. *Основы линейного программирования*: Пер с англ. М.: Радио и связь, 1989, 176 с. [Bandi B. *Osnovy linejnogo programmirovaniya*: Per s angl. M.: Radio i svyaz', 1989, 176 p. (In Russ.)]
5. Shlikht A.G., Kramorenko N.V. "Deep bioinformatics expert system of analysis, modeling and interpretation of omics BigData of the human genome", The 3rd International Symposium "Mathematical Modeling and High-Performance Computing in Bioinformatics, Biomedicine and Biotechnology (MM-HPC-BBB-2018)". Novosibirsk, 2018, p. 66.
6. Shlikht A.G., Kramorenko N.V. "Artificial intelligence in the problems of analysis and interpretation of omics human data", The 11th International Conference "Bioinformatics of Genome Regulation and Structure (Systems Biology (BGRS/SB-2018)". Novosibirsk, 2018, p. 78.
7. Шлихт А.Г., Краморенко Н.В. *Автоматизация процессов мониторинга и управления состоянием окружающей среды и здоровья человека*. Владивосток: Издательство ТГЭУ, 2007, 324 с. [Shliht A.G., Kramorenko N.V. *Avtomatizatsiya processov monitoringa i upravleniya sostoyaniem okruzhayushchej sredy i zdorov'ya cheloveka*. Vladivostok: Izdatel'stvo TGEU, 2007, 324 p. (In Russ.)]
8. Шлихт А.Г., Краморенко Н.В. *Цифровизация геном-центрированных метаболических процессов живых организмов*. Матер. всеросс. конф. с междунар. участ. «Биотехнология – медицине будущего», 2017, с. 114. [Shliht A.G., Kramorenko N.V. *Cifrovizatsiya genom-centrirovannyh metabolicheskikh processov zhivykh organizmov*. Mater. vseross. konf. s mezhdunar. uchast. «Biotekhnologiya – medicine budushchego», 2017, p. 114. (In Russ.)]

GENOME-CENTERED INTELLIGENT SYSTEM-CYBERNETIC STRUCTURED MODEL FOR OPTIMAL SYNTHESIS OF HUMAN DIETS**Shlikht A.G., Kramorenko N.V.**

Far Eastern Federal University,

Sukhanova str., 8, Vladivostok, 690091, Russia; e-mail: schliht@mail.ru

Abstract. The problem of analysis and optimal synthesis of diets based on mathematical programming methods and artificial intelligence technologies is considered. The developed algorithms, programs, databases, knowledge bases allow you to cover all the variety of existing diets, while providing the required balanced chemical composition of the diet with numerous restrictions on nutrients according to nutrition standards, the chemical composition of raw materials and ready meals; the balance of calcium, magnesium, phosphorus; saturated, monounsaturated, polyunsaturated fatty acids; essential amino acids (amino acid score); caloric content; plant and animal nutrients, etc., heat treatment losses, various phenotypic factors, restrictions related to with diseases. The discussed issues related to genetics, genomics, proteomics, nutrigenomics, biochemistry, allowed us to significantly expand our knowledge and capabilities in technology, quality and food safety. Consideration of this variety of factors is implemented in the created system by using a system-cybernetic structured model built on the basis of mathematical models and information technologies that operate with hundreds of nutrients and food products.

Key words: *nutrition, optimal synthesis of diets, genomics, nutrigenomics, artificial intelligence, databases, knowledge bases.*