

基于大数据分析的宠物源人畜共患病流行特征与智慧检疫监管体系创新

张智铭 黄石雄 黄佳丽 杜慧妍
东莞市万江农业技术服务中心 广东 东莞 523000

摘要: 宠物养殖规模不断扩充, 加大了人畜共患疾病的风险, 这对公共卫生安全形成了严峻考验, 我国现在在这个方面还存在不足状况, 主要表现在数据散乱, 很难把各种信息整合起来, 传统的检疫方法难以应对日益更新的形势, 我们用大数据分析, 对宠物源人畜共患病的流传特点展开全面探究, 努力创建起新型的智能化检疫监管体系, 首先是经过回顾文献和解读政策来决定研究框架; 然后整合多种数据类型, 从而制定出一套科学而又严谨的数据处理步骤; 用描述性统计以及空间计量经济学模型对这些疾病流传的主要驱动因素和其在时空上的分布规律予以深入分析; 最后依靠像物联网, 人工智能, 区块链之类的最新科学技术, 来设计出具有及时监测, 动态警示并且精确干预这样一些功能的综合性智慧检疫方案, 以完善宠物疫病的防控机制并维持公众的健康安全。

关键词: 大数据分析; 宠物源人畜共患病; 流行特征; 智慧检疫监管体系

1 研究背景与问题提出

人畜共患病就是能在人类和脊椎动物之间自然流传的病症, 这种疾病表现出突发, 蔓延快, 防范困难等特点, 其中最具代表性的品种包含猴痘, 慢性耗费性疾病(CWD), 艾滋病(HIV)等等。先就猴痘而言, 虽说主要流行区位于非洲中西部, 但到了2022年5月以后, 这种疾病在欧洲, 美洲以及大洋洲等非典型疫区多处爆发, 这就显示出跨大陆散播的风险明显加大^[1]。我国目前在针对宠物源人畜共患类疾病的科研和防控方面面临着许多难题, 各种数据比较分散, 而且不同资料之间数据格式不统一, 所以很难形成一个完整的分析框架, 传统的检疫监督手段大多依靠人工汇报和定点检查, 这些方式时效性不强, 也不够智能, 很难符合宠物四处乱窜, 疫情蔓延迅速的实际情况^[2]。要解决这些问题, 必须依靠大数据技术来整合公共卫生, 动物防疫, 社区管理等诸多方面的信息, 然后建立起一种跨部门协同操作的智能化检疫监督系统, 这样就可以明显改善人畜共患类疾病的早期预警性能, 持续监控效率和整体综合水平。在这样的背景下, 我们着重分析宠物源人畜共患病的流行特征, 并构建起智慧检疫体系, 梳理国内外传染病传播模型以及数据驱动决策领域的最新研究成果, 融合物联网、人工智能、区块链等前沿技术来创建合适的动态监测并实施智能预警的方案^[3]。

2 文献综述与理论基础

就流行病学方面来说, 已有研究证明, 这类传染病的突然爆发和流传表现出明显的空间-时间差异特征, 它

的传播状况会受到动物迁徙行动, 生存环境条件以及社会经济情况等诸多因素的综合作用影响^[4], 针对猴痘这种传染病而言, 欧美地区近些年频繁发生的群体性疫情显示, 它或许借助新的流传途径来跨越地域界限传给更多的人, 而且还潜藏着死灰复燃的风险^[5]。研究饮食方式与慢病联系的过程中, 学者们借助大规模人群数据来找出特定饮食模式带来的影响机理, 并以此给国家营养方案的设计给予了真实例证^[6]; 这种方法同样可用于宠物传染病的研究当中, 把过去发生的疫情状况, 小动物的行为路线和社会互动信息融合起来做预测分析, 从中找到高危迹象并设置起早期警报系统, 在这几年里混合建模技术更新带来的变化明显加强了针对复杂病发过程解析和防治改进的能力提高情况。这种分层建模策略有助于更真实地还原宠物疫病在城市化区域内的扩散过程, 并支持政策制定者进行情景推演与资源调配优化。知识建构理论也为理解疫病防控系统的演化提供了哲学基础。Knorr-Cetina等人的研究强调科学知识并非静态存在, 而是在具体的社会情境中不断被“制造”出来的。

3 数据来源、方法与分析模型

在大数据分析应用于宠物源人畜共患病的研究中, 数据来源的多样性和方法体系的科学性是确保研究结果可靠性的关键因素。传统的疫病监测数据往往存在碎片化、滞后性强等问题, 难以满足动态风险评估与精准防控的需求^[7]。为克服这一局限, 本文综合整合了多源异构数据, 包括官方发布的动物疫病报告、宠物流动轨迹信息以及部分开放数据平台提供的相关统计资料。在数据

采集方面,研究借鉴了面向发展中国家的开源数据收集系统设计理念,采用基于移动终端和云平台的数据录入工具,提高了数据获取的效率和准确性^[8]。针对流行病学研究中对文本数据(如新闻报道、社交媒体讨论等)的依赖,本文也参考了从媒体资料中提取社会历史数据的方法,强化了非结构化数据在疫情趋势研判中的作用^[9]。在分析模型构建方面,本研究采用了多种统计与计算模型,以揭示疾病传播的潜在规律。其中,描述性统计方法用于初步识别疫病的发生频率、区域分布特征及时间变化趋势;基于空间计量经济学的时空建模技术则被用来刻画不同地理单元之间的疫病扩散路径,并评估环境与社会因素的影响强度^[10]。同时,考虑到生物数据分析中常见的计数型数据特性,研究引入edgeR等基于负二项分布的差异表达分析方法,以识别高风险区域或时间段内的异常信号^[11]。

4 宠物源人畜共患病的流行特征分析

宠物源人畜共患病的流行特征受多种因素影响。近年来,随着我国宠物饲养数量的快速增加,犬、猫等宠物作为人畜共患病的潜在宿主,其引发的疾病传播风险日益受到关注。例如,布鲁氏菌病(布病)作为一种典型的人畜共患病,在畜牧地区广泛流行,且近年来在部分城市区域也出现散发病例,提示宠物可能在疾病传播中扮演新角色^[12]。虽然布病主要通过家畜传播,但随着城市宠物与农村养殖动物的流动性增强,宠物可能成为新的传播媒介之一。流行病学研究发现,人与宠物的密切接触,特别是在家庭、宠物医院和流浪动物收容场所等环境中,增加了病原体跨物种传播的可能性。在城市中,由于养宠人群密集,加之部分宠物未按规定接种疫苗,导致某些人畜共患疾病在特定人群中呈现上升趋势。同时,宠物流动性的增强,例如跨省交易、线上领养等行为,也进一步加剧了病原体的扩散风险。另一方面,大数据和流行病建模技术的应用为宠物源人畜共患病的流行特征分析提供了新视角。通过整合疫病报告、宠物移动轨迹、社会经济数据和环境变量,研究人员能够更准确地识别疾病传播的时空特征与风险因素。在气候与环境因素方面,气温、湿度、土地利用变化等也对宠物源疾病的流行产生影响。温暖潮湿的环境有利于某些病原体的存活与传播,如寄生虫卵和真菌类病原体。城市化进程中绿地减少、野生动物栖息地改变等因素,也可能促进病原体在宠物与野生动物之间的循环传播。

5 智慧检疫监管体系设计与创新研究

在当前宠物源人畜共患病防控面临数据碎片化和监测体系不完善的背景下,构建一个基于大数据分析的智

慧检疫监管体系成为当务之急。这一新型体系不仅需要整合多源异构的数据资源,还应融合物联网、人工智能与区块链等新兴技术,以实现宠物疫病的实时监测、智能预警与精准干预。从数据整合的角度来看,智慧检疫监管体系应当充分利用现代信息技术的优势,将来自不同渠道的信息进行有效整合。这种跨领域的数据融合有助于形成全面而深入的理解关于宠物源人畜共患病的流行特征及其潜在风险因素。借助于先进的数据分析工具和技术,如机器学习算法和深度学习模型,可以从海量数据中挖掘出有价值的知识,从而支持更准确的风险评估和预测。在技术应用方面,物联网技术的应用能够极大地增强系统的感知能力。通过部署传感器网络,可以实时监控宠物的生活环境条件,并及时获取相关健康信息;同时,利用移动设备或穿戴式装置跟踪个体宠物的行为模式变化,有助于早期发现异常情况并采取相应措施。另一方面,人工智能技术则可以在数据分析过程中发挥重要作用,比如通过对历史病例的学习自动识别出可能导致疾病爆发的关键变量,或者开发出能够辅助诊断决策支持系统。区块链技术因其去中心化、不可篡改等特点也被视为保障信息安全的重要手段之一,在确保数据真实性的同时还能促进各方之间的信任建立。最后但同样重要的是,为了保证整个智慧检疫监管体系的有效运行,还需要建立健全相应的法律法规框架及标准规范体系。这包括明确各参与方的责任分工、制定严格的数据隐私保护政策以及设立合理的激励机制等措施。只有这样,才能确保所有参与者都能够积极地参与到这个生态系统中来,并且共同维护其健康发展。

参考文献

- [1]T. Álamo.D. G. Reina, Pablo Millán. 基于数据驱动的新冠肺炎疫情监测、建模、预测和控制方法:利用数据科学、流行病学和控制理论[J].arXiv(康奈尔大学).2020年1月1日.
- [2]Brent Race, Kimberly Meade-White, Anne Ward, Jean E. Jewell, Michael W. Miller, Elizabeth Williams, Bruce Chesebro, Richard Race.患有慢性消耗性疾病的鹿和麋鹿体内异常朊病毒蛋白水平[J].《新发传染病》第13卷: 824-829.2007年6月1日.
- [3]Trevor Pinch, Karin D. Knorr-Cetina. 知识的制造:论科学的建构主义和语境本质[J].Technology and Culture Vol. 25: 130-130.1984-01-01.
- [4]Richard Bradhurst. Sharon Roche, I.J. East, Paul Kwan, M.G. Garner. 一种模拟澳大利亚牲畜口蹄疫暴发的混合建模方法.[J]Frontiers in Environmental Science Vol. 3.

2015-03-19.

[5]Elizabeth M. Cespedes Feliciano, Frank B. Hu. 饮食模式：从营养流行病学分析到国家指南[J]. *American Journal of Clinical Nutrition* Vol. 101, page 899~900. 2015-04-02.

[6]Kenneth P. Burnham, David R. Anderson. 基于数据选择合适的生物模型：现代数据分析的关键.[M]Springer电子书. 1992-01-01.

[7]Yaw Anokwa. Carl Hartung. Waylon Brunette, Gaetano Borriello, Adam Lerer. 发展中国家的开源数据收集[J]. *Computer*. 第42卷：97~99. 2009年10月1日.

[8] Richard Mushlin. Aaron Kershenbaum, Steve Gallagher, Timothy R. Rebbeck. 一种用于流行病学研究中模式发现的图论方法[J]. *IBM Systems Journal*. 第46卷：135~149. 2007-01-01.

[9]Mark D. Robinson, Davis J. McCarthy, Gordon K. Smyth. edgeR：一个用于数字基因表达数据差异表达分析的Bioconductor软件包[J]. 《生物信息学》第26卷：139~140页. 2009-11-11

[10]Trevor Pinch, Karin D. Knorr-Cetina. 知识的制造：论科学的建构主义和语境本质[J]. 《技术与文化》第25卷：130~130. 1984年1月1日.

[11]Andreas Roetzer. Roland Diel. Thomas A. Kohl. Christian Rückert, Ulrich Nübel. Jochen Blom. Thierry Wirth. Sebastian Jaenicke. Sieglinde Schuback. Sabine Rüscher. Philip Supply. Jörn Kalinowski. Stefan Niemann. 用于结核分枝杆菌爆发调查的全基因组测序与传统基因分型：一项纵向分子流行病学研究[J]. *PLoS 医学*卷：10页 e1001387~e1001387. 2013-02-12.