RS-2022-IP322001

수리통계 모델을 활용한 감염병 유입 확산 예측 기술 개발 2023 최종보고서

농림식품기술기획평가원

농림축산식품부

보안 과제( ), 일반 과제( O ) / 공개( O ), 비공개( )발간등록번호( O )

가축질병대응기술고도화지원사업 2023년도 최종보고서


| 발간등록번호 |
| --- |
| 11-1543000-004652-01 |


# 수리통계 모델을 활용한 감염병 유입 확산 예측 기술 개발

2024년 6월 18일


주관연구기관 / 대구대학교 산학협력단

공동연구기관 / 케이웨어(주)



농 림 축 산 식 품 부

(전문기관)농림식품기술기획평가원

**제출문**

# 제 출 문

농림축산식품부 장관 귀하

본 보고서를 “수리통계 모델을 활요한 감염병 유입 확산 예측 기술 개발”(개발기간 : 2022. 4. ~ 2023. 12.)과제의 최종보고서로 제출합니다.

2024. 06. 18.

주관연구기관명 : 대구대학교 산학협력단 (대표자) 원 희 철 (인)
공동연구기관명 : 케이웨어(주) (대표자) 남 준 (인)

주관연구책임자 : 김 으 뜸
공동연구책임자 : 정 진 호

국가연구개발사업의 관리 등에 관한 규정 제18조에 따라 보고서 열람에 동의 합니다.

# 〈 목 차 〉

1. 연구개발과제의 개요……4

2. 연구개발과제의 수행 과정 및 수행내용……10

3. 연구개발과제의 수행 결과 및 목표 달성 정도……35

4. 목표 미달 시 원인분석(해당 시 작성)……103

5. 연구개발성과 및 관련 분야에 대한 기여 정도……104

6. 연구개발성과의 관리 및 활용 계획……104

별첨 자료 (참고 문헌 등)

# 1. 연구개발과제의 개요

## □ 연구개발의 필요성

### 가. 가축전염병 발생에 따른 경제적 피해 증가

○ 2020년 기준 우리나라 농림업 총생산액은 52조154억 원이며, 이 중 축산업 생산액은 20조 340억 원으로 총 생산액의 39%를 차지하고 있음. 세계동물보건기구에 따르면 구제역(Foot and mouth disease, FMD), 고병원성 조류인플루엔자(Highly pathogenic avian influenza, HPAI), 아프리카돼지열병(African swine fever, ASF) 등과 같은 재난형 가축전염병 발생 시 축산물 생산액의 20%까지 피해가 발생할 수 있는 것으로 추정

○ 2000년 이후 국내에서는 구제역 및 고병원성 조류인플루엔자 등이 거의 매년 발생하고 있으며, 아프리카돼지열병의 경우 2019년에 발생하여 2022년 현재까지도 야생멧돼지에서 병원체가 검출되고 있는 상태임

○ 구제역 및 고병원성 조류인플루엔자 발생으로 인한 경제적 피해 누적금액은 구제역의 경우 3조 원, 고병원성 조류인플루엔자의 경우 1조 원을 상회하는 것으로 추정하고 있음

<2003-2020 구제역, 고병원성 조류인플루엔자 및 아프리카돼지열병 발생사례별 재정지출액>

| | 2010.1 | 2010.4 | 2010 -2011 | 2014 | 2015 | 2016 | 2017 | 2018 | 2019 | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| FMD (억 원) | 272 | 1,040 | 27,383 | 17 | 638 | 59 | 91 | 추정중 | 추정중 | |
| | 2003 -2004 | 2006-20 07 | 2008 | 2010 -2011 | 2014 -2016.4 | 2016.11 -2017 | 2017 -2018 | 2019 -2020 | 2020 -2021 | 2021 -2022 |
| HPAI (억 원) | 874 | 339 | 1,817 | 807 | 2,386 | 2,291 | 추정중 | 추정중 | 추정중 | 추정중 |
| | | | | | | | | | 2019-2023 | |
| ASF | | | | | | | | | 발생중 | |

출처: 농림축산검역본부, 2022

○ 상기 피해액은 방역목적으로 지출한 직접비용만 고려한 것으로 연관 산업의 직/간접 피해를 감안할 경우 피해규모는 증가할 것으로 추정되고 있음

### 나. 가축전염병 발생 위험 상존

○ 우리나라는 사회, 경제 및 지정학적인 특성으로 구제역, 고병원성 조류인플루엔자 및 아프리카돼지열병과 같은 재난형 가축전염병의 국내 유입 가능성이 상존하고 있음

○ 다양한 가축전염병이 다발하고 있는 중국은 세계 최대 가축 사육 및 축산물 소비국가로써 FTA 체결 등으로 인적/물적 교류가 증가하고 있어 이를 통한 병원체 유입 위험 가능성 존재함

○ 우리나라는 포괄·점진적 환태평양경제동반자협정(CPTPP)과 역내포괄적경제동반자협정(RCEP)에 가입 예정으로, 축산물 교역에 따른 가축전염병 유입 위험 증가할 것으로 추정됨

○ 지정학적으로 우리나라는 철새의 주요 이동경로에 위치하고 있어 중국과 몽골 등 고병원성 조류인플루엔자 상재국에서 도래하는 철새에 의한 병원체 유입 가능성 존재함

**다. 재난형 가축전염병 근절 필요성**

○ 정부에서는 가축전염병 발생에 선제적으로 대응하고자 다양한 방역정책을 수립 및 이행하고 있으나 확산 예방에 어려움

○ 정부는 구제역 및 고병원성 조류인플루엔자와 같은 재난형 가축전염병 발생 이후 다음과 같은 방역정책들을 수립 및 이행하였으나 해당 정책의 효율성을 검토 및 분석할 수 있는 시스템은 현재 개발되어 있지 않음

- 권역별 위험관리(전국을 지역단위로 세분화하는 zoning 및 비상대응체계 강화 등)
- 방역기관 간 역할분담 명확화(검역본부 기능 강화 및 지자체 방역 평가 등)
- 농가 자율성 강화(계열화 사업자 관리 및 신고 포상금 제도 마련 등)
- 사전예찰 강화(검사증명서 휴대의무제 및 밀집 사육지역 관리 등)
- 초기 신속대응체계 구축(일시 이동중지 및 긴급백신접종 등)
- 사후관리 강화(발생농장 집중관리 및 축산시설 소독 강화 등)
- 국민친화적 축산업 육성(축산업 허가제 및 동물복지 인증 확대 등)

○ 과학적인 방역정책을 수립 및 이행하여 가축전염병 근절할 경우 축산물 수출재개와 방역비용을 절감할 수 있음

**라. 과학적인 방역정책 의사결정 지원시스템의 필요성**

○ 질병 발생 단계별(국내유입, 농장발생, 지역 내 확산, 광역 확산) 위험요인 선별 및 가중치 개발을 통한 방역정책 의사결정 지원시스템 필요

○ 질병 발생 시 단계별 방역조치에 따른 확산시뮬레이션과 비용효과분석에 따른 방역정책 의사결정 지원시스템 필요

○ 현행 재난형 가축전염병 표준행동요령의 경우 질병 발생 이후 대응에 중점을 두어 설계되어 질병 예방을 위한 사전 방역조치 미흡한 상황임

○ 구제역, 고병원성 조류인플루엔자, 아프리카돼지열병 등과 같은 재난형 가축전염병 전파모형 구축을 통해 질병 전파 위험요인을 파악하여 이를 사전에 예방하는 방역정책 의사결정 지원시스템 필요

**마. 질병전파 모형 활용을 위한 통합 데이터베이스 구축 필요성**

○ 축산분야 스마트팜 보급사업을 통하여 IoT 장비로부터 가축사육농가의 환경, 사육, 성적 정보 등 다양한 정보가 수집되고 있으나 국가 또는 지자체, 계열사 등으로 연계되지 않아 방역정책 의사결정 지원에 활용되고 있지 않음

○ 재난형 가축전염병 전파모형 구축 시 축산 관련 정보 이외에도 기상정보, 공간정보 및 농가별 차단방역수준 등과 같은 다양한 정보가 필요하나, 현재 해당 정보들은 각 관련기관에 분산되어 있어 방역정책 연구를 위해 활용하기 어려운 상태임

○ 재난형 가축전염병 전파모형 활용을 위해 필요한 정보를 통합하여 방역정책 수립에 활용할 수 있는 데이터베이스 구축 필요

**☞ 따라서, 재난형 가축전염병 유입 확산에 대한 수리통계 및 기계학습 모형 구축을 통해 질병 발생 위험요인을 파악하고 이를 사전에 관리하여 질병 발생 위험을 경감시키는 선제적 방역 정책을 위한 의사결정 지원시스템 필요**

□ 연구개발의 개요

○ 본 연구개발은

1) 질병전파모형 구축에 필요한 축산/공간/환경정보 수집 및 시공간 데이터베이스 구축
2) 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 질병전파 파라미터 정의 및 질병전파모형 구축
3) 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 질병전파모형 유효성 확인 및 평가
4) 질병전파모형을 활용한 방역정책 의사결정 지원시스템 구축

을 통해 재난형 가축전염병 위험요인을 추정하고, 이를 관리할 수 있는 방역정책을 제시함으로써 질병발생 위험을 경감시켜 질병으로 인한 사회·경제적 피해를 경감시키고자 함

| 해결방안 1 | 질병전파모형 구축에 필요한 축산/공간/환경정보 수집 및 데이터베이스 구축 |
|---|---|

○ 본 질병전파모형 구축에 필요한 축산/공간/환경정보 수집 및 데이터베이스 구축 연구에서는

1) 질병전파모형 구축에 필요한 축산(과거 질병발생정보, 차단방역수준 등), 공간(축산/가금농가 지리적 위치, 철새도래지 등), 환경(기온, 국립공원 등)정보 등을 수집하여 데이터베이스 구축

2) 사용자 인터페이스(UI) 기술을 활용하여 수집된 정보 조회 및 추출

3) 지리정보시스템(GIS) 기술을 활용하여 수집된 정보 시각화

를 수행하고자 함

| 해결방안 2 | 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 질병 전파 파라미터 정의 및 질병전파모형 구축 |
|---|---|

○ 본 재난형 가축전염병 질병전파모형 구축 연구에서는

1) 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 전파 파라미터 정의 및 모수 추정

2) 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 유입 및 전파 시나리오 설계

3) 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 수리통계 및 기계학습 모델 구조 도식화 및 전파모형 구축

을 수행하고자 함

| 해결방안 3 | 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 질병전파모형 유효성 확인 및 평가 |
|---|---|

○ 본 재난형 가축전염병 질병전파모형 유효성 확인 및 평가 연구에서는

1) 질병 유입 및 전파 시나리오에 따른 질병전파모형 유효성 확인

2) 과거 해당 질병발생양상과 모형을 통한 결과 비교분석을 통한 실용성 평가

3) 질병전파모형 내 파라미터 조합을 통한 모형 간 비교분석

4) 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 최적의 수리통계 및 기계학습 모델 확립

을 수행하고자 함

| 해결방안 4 | 질병전파모형을 활용한 방역정책 의사결정 지원시스템 구축 |
|---|---|

○ 본 질병전파모형을 활용한 방역정책 의사결정 지원시스템 구축 연구에서는

1) 질병전파모형을 활용한 질병 발생 위험요인 추정 및 관리방안 실효성 평가

2) 질병전파모형 결과 신뢰도 증대를 위해 추가적으로 필요한 정보 확인

3) 질병전파모형 기반 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 맞춤형 방역정책 설계

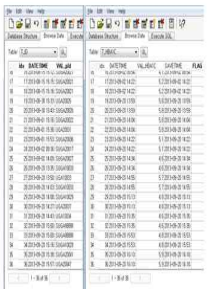
를 수행하고자 함

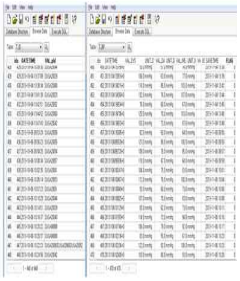
○ 본 연구에서 활용하는 기술의 개념을 살펴보면 다음과 같음

1) 데이터베이스 구축 기술

- 질병전파모형 구축을 위해 필요한 데이터 정제, 분류, 처리 등의 데이터 전처리 과정 수행
- 사용자 인터페이스를 적용하여 수집된 정보에 대해 조회 및 추출 가능토록 설계
- 기술통계량 추정을 기본으로 하며 주어진 문제에 대한 변수 구성 및 데이터 형태에 따라 지리정보시스템

기술을 이용한 시각화 실시



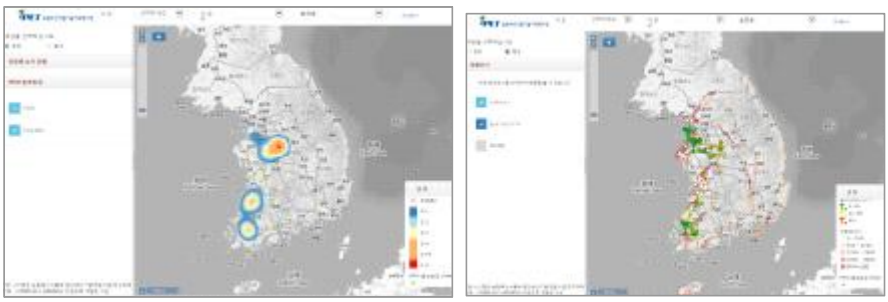


| No. | Normal | | Moderate | | Abnormal | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | Measured | % Error | Measured | % Error | Measured | % Error |
| 1 | 196 | 6.4% | 228 | -13% | 361 | 6% |
| 2 | 203 | 10.5% | 232 | -12% | 361 | 6% |
| 3 | 179 | -2.7% | 253 | -4% | 322 | -6% |
| 4 | 200 | 8.7% | 244 | -7% | 338 | -1% |
| 5 | 194 | 5.3% | 257 | -2% | 311 | -9% |
| 6 | 201 | 9.2% | 266 | 1% | 332 | -3% |
| 7 | 197 | 7.0% | 283 | 8% | 369 | 8% |
| 8 | 199 | 8.1% | 286 | 9% | 318 | -7% |
| 9 | 165 | -10.5% | 230 | -12% | 356 | 4% |
| 10 | 205 | 11.6% | 273 | 4% | 338 | -1% |
| 11 | 208 | 13.2% | 297 | 13% | 359 | 5% |
| 12 | 200 | 8.8% | 239 | -9% | 363 | 6% |
| 13 | 200 | 8.7% | 268 | 2% | 318 | -7% |
| 14 | 186 | 1.3% | 260 | -1% | 311 | -9% |
| 15 | 188 | 2.0% | 261 | -1% | 370 | 8% |
| Mean | 194.7553 | 0.058453 | 258.5387 | -0.016963 | 341.6953 | -0.000891 |
| SD | 11.29639 | | 21.08439 | | 21.95968 | |
| CV(%) | 5.8% | | 8.2% | | 6.4% | |

<데이터베이스 구축 과정 예시 >

2) 지리정보시스템(Geographical Information System, GIS)

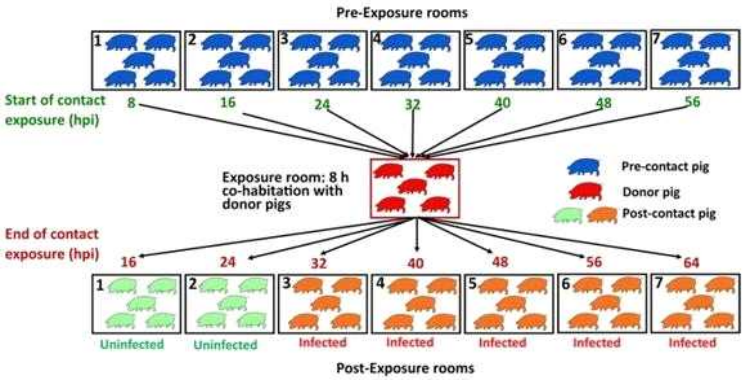
- 지상과 지하의 각종 시설물과 자연 현상에 대한 정보를 컴퓨터 데이터로 변환하여 현황파악과 공간분석에 이용하는 종합적인 시스템
- GIS 활용분야는 토지정보시스템,지도정보시스템,환경정보시스템, 재해정보시스템 등 다양함



<GIS 분석 예시>

3) 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 병원체 특성 분석 기술

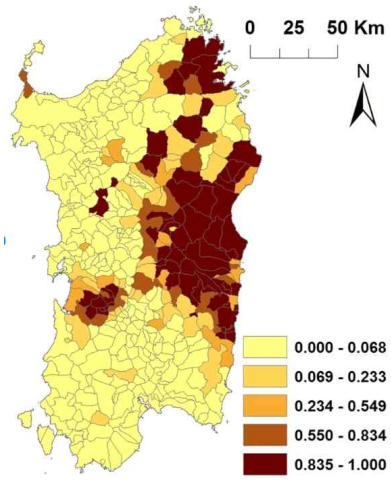
- 국내 질병발생정보, 문헌 고찰 등을 통한 병원체 특성(잠복기 및 재생산지수) 추정
- 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 관련 기존 정보 및 국내 발생정보를 바탕으로 확률분포와 베이지안기법을 이용하여 병원체 특성 추정



<병원체 특성 추정과정 예시 >

4) 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 질병전파모형 구축 기술

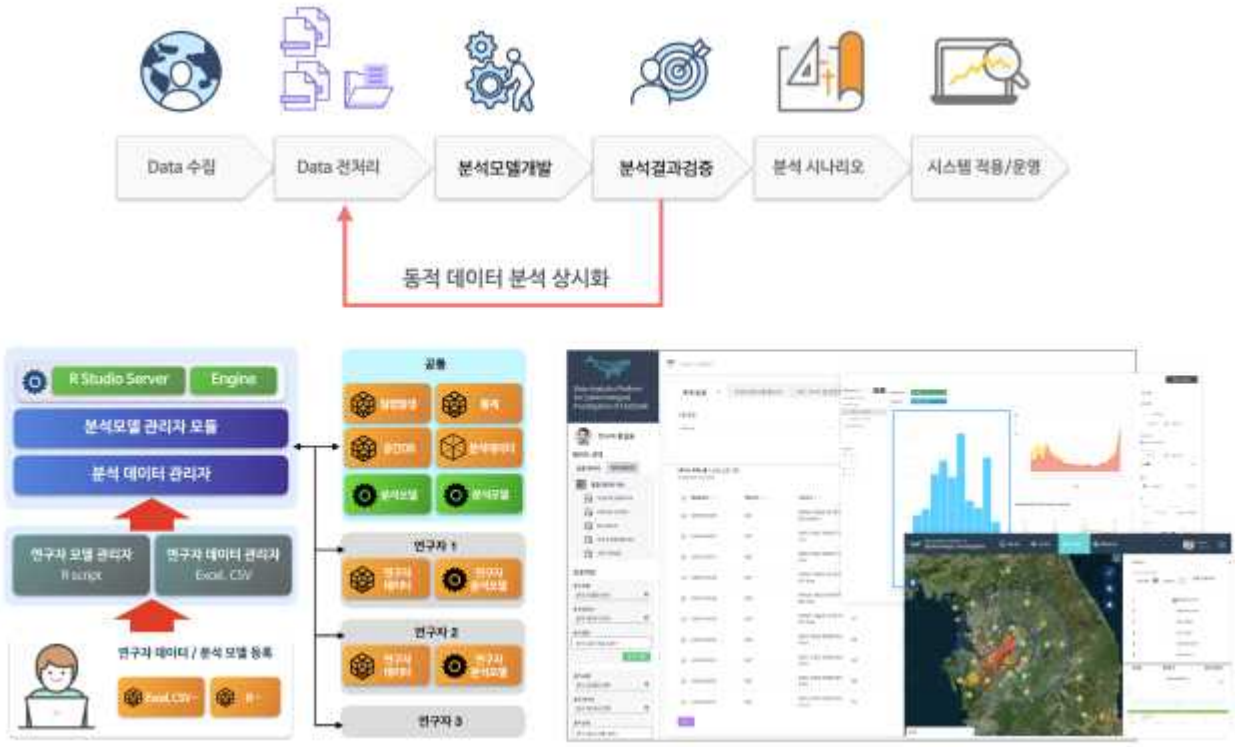
- 감수성 시기, 잠복기, 임상증상 발현기, 회복기 등의 질병 발생 단계 고려한 수리통계 및 기계학습 모형 구축
- 구축한 수리통계 및 기계학습 질병전파모형을 이용하여 질병별 발생 시나리오 구축
- 구축한 수리통계 및 기계학습 질병전파모형에 공간개념을 추가한 공간모형 구축




<질병전파모형을 이용한 이탈리아 내 아프리카돼지열병 확산 결과 추정 예시>

5) 방역정책 의사결정 지원시스템 구축 기술

- 축산(과거 질병발생정보, 차단방역수준 등), 공간(축산/가금농가 지리적 위치, 철새도래지 등), 환경(기온, 국립공원 등)정보 등 다양한 이종 데이터의 관계형 데이터베이스 구축
- 다양한 수리통계 분석모델의 동적 분석환경 구성을 위한 '분석모델 Docker 관리 시스템' 구축
- 분석모델 기반의 시뮬레이션 시스템 구축
- 동적 데이터 분석 상시화와 시각화를 지원하는 웹 기반의 대화형 분석 시스템 구축




<분석모델 기반 방역정책 의사결정 지원시스템 구축 예시>

## 2. 연구개발과제의 수행 과정 및 수행 내용

### 1) 연구개발과제의 최종 목표

#### 가. 최종목표

○ **질병전파모형을 활용한 재난형 가축전염병 방역정책 의사결정 지원시스템 개발**

○ 본 과제의 기술 개발 목표를 중심으로 다음 **세 가지** 핵심 기술 개발을 진행함

(1) 질병전파모형 구축을 위한 축산/공간/환경정보 **수집 및 시각화기술** 개발

(2) 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 축종별 **질병전파모형** 개발

(3) 질병전파모형을 활용한 **가축전염병 방역정책 의사결정 지원시스템** 개발

<가축전염병 방역정책 의사결정 지원시스템 개념도>

○ End Product

| End Product | 담당기관 |
|---|---|
| – 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 전파양상 시나리오<br>– 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 질병전파 주요 요인별 모수와 확률분포<br>– 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 축종별 질병전파 수리통계 및 기계학습 모형<br>– 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 질병전파 선제적 관리방안 | 강원대학교 |
| – 질병전파모형 구축을 위한 축산/공간/환경정보 데이터베이스<br>– 지리정보시스템 기반 질병전파 시뮬레이션 결과 시각화 시스템<br>– 질병전파모형을 활용한 가축전염병 방역정책 의사결정 지원시스템<br>– 클라우드 기반 OLAP(온라인 분석 처리) 시스템 | 케이웨어(주) |

## 나. 세부목표

| 기관별 세부목표 | 담당기관 |
|---|---|
| (1) 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 전파양상 시나리오 설계<br>– 과거 질병발생 현황 및 문헌고찰 메타분석을 통해 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 전파양상 시나리오 작성 | 강원대학교 |

| | |
|---|---|
| (2) 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 질병전파 주요 요인 모수와 확률분포 추정<br>- 과거 질병발생 현황 및 문헌고찰을 통해 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 전파 주요 요인 파악 및 각 요인별 모수 및 확률분포 추정<br>(3) 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 축종별 질병전파모형 구축<br>- 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 축종별 질병전파 수리통계 및 기계학습 모형 구축<br>- 질병전파모형을 (1)에서 작성한 전파양상 시나리오와 비교하여 유효성 확인<br>- 과거 질병발생 현황과 질병전파모형 결과를 비교하여 모형의 실용성 평가<br>- 질병전파모형 내 파라미터 조합 및 반복 시행을 통해 모형 평가<br>(4) 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 선제적 관리방안 제시<br>- 질병전파모형을 이용하여 질병별 위험요인 추정 및 선제적 관리방안 제시<br>- 질병전파모형을 이용하여 방역정책 및 조치(살처분, 이동제한, 긴급백신 등)를 반영하여 방역조치 효과성 평가 | |
| (1) 질병전파모형 구축을 위한 축산/공간/환경정보 데이터베이스 구축<br>- 빅데이터 패브릭 기술을 이용하여 축산/공간/환경정보 자동 수집 및 데이터베이스 구축<br>(2) 지리정보시스템 기반 질병전파 시뮬레이션 결과 시각화 시스템 구축<br>- 지리정보시스템을 이용하여 수집된 축산/공간/환경정보 및 질병전파모형 시뮬레이션 결과 시각화 시스템 구축<br>(3) 질병전파모형을 활용한 가축전염병 방역정책 의사결정 지원시스템 구축<br>- OLAP(온라인 분석 처리) 기술을 이용하여 질병전파모형을 활용한 가축전염병 방역정책 의사결정 지원시스템 구축 | 케이웨어(주) |

## 2) 연구개발과제의 단계별 목표(해당사항 없음)

### 3) 연구개발과제의 내용

**<1차 년도>**

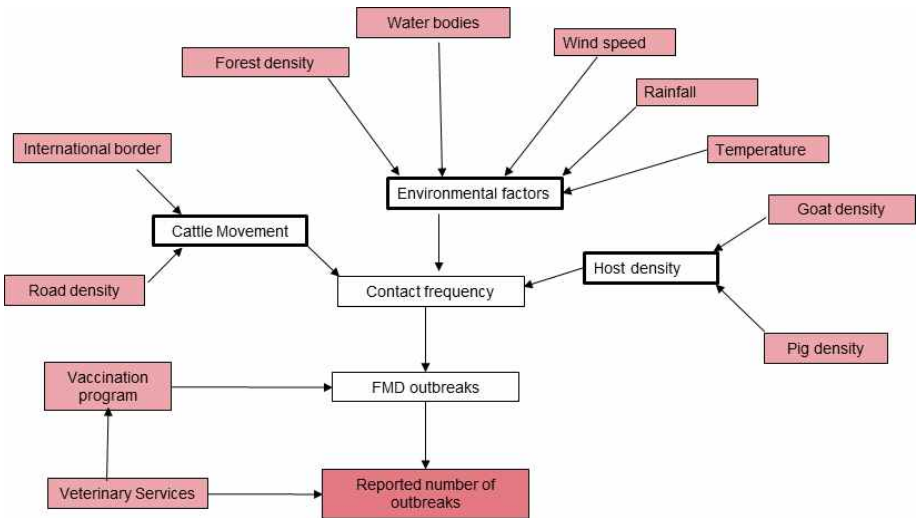
○ 연구개발 목표

| 기관별 개발목표 | | 주요결과물 |
|---|---|---|
| (주관)<br>강원대학교 | 1) 과제 총괄<br>2) 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 전파양상 시나리오 설계<br>3) 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 질병전파 주요 요인 선정 및 모수/확률분포 추정<br>4) 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 질병전파모형 설계 | 1) 재난형 가축전염병 전파양상 시나리오<br>2) 재난형 가축전염병 질병전파 주요 요인 목록 및 요인별 모수/확률분포<br>3) 재난형 가축전염병 질병전파 모형 설계(안) |
| (공동)<br>케이웨어(주) | 1) 질병전파모형 구축을 위한 축산/공간/환경정보 데이터베이스 구축<br>2) 지리정보시스템 기반 질병전파 시뮬레이션 결과 시각화 시스템 설계<br>3) 질병전파모형을 활용한 가축전염병 방역정책 의사결정 지원 시스템 설계 | 1) 가축/가금/야생멧돼지 축산정보, 공간정보 및 환경정보 데이터베이스 및 지도<br>2) 질병전파 시뮬레이션 결과 시각화 시스템 설계도<br>3) 가축전염병 방역정책 의사결정 지원시스템 설계도 |

**- 주관연구기관(강원대학교):**

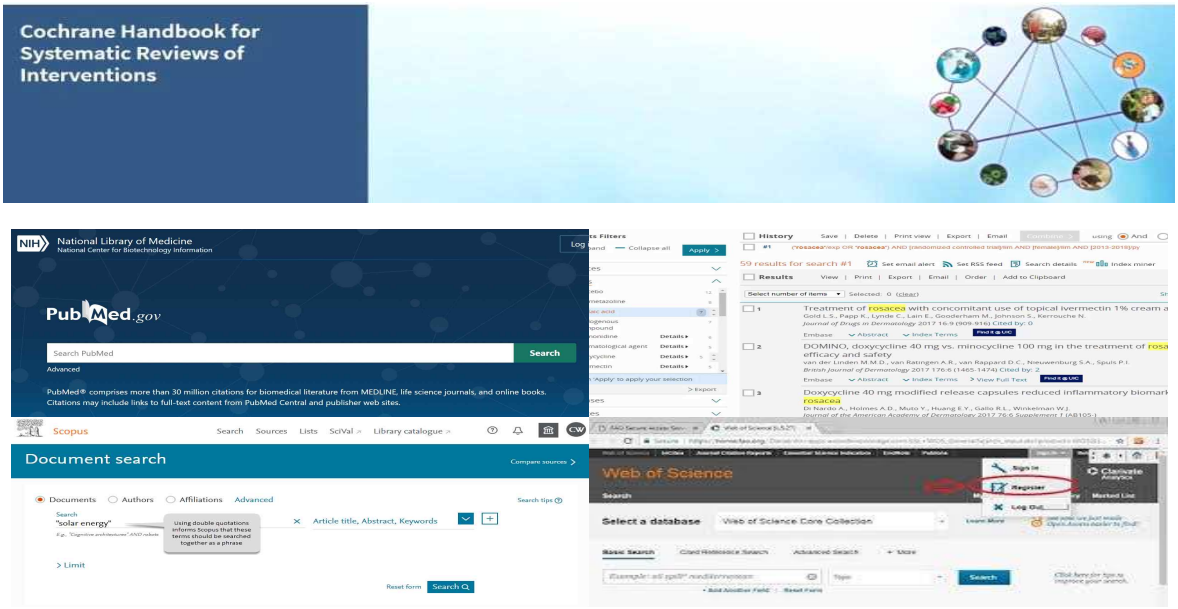
**1) 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 전파양상 시나리오 설계**

- 해외 FMD, HPAI, ASF 선행연구, 과거 질병발생현황, 각종 보고서 등을 바탕으로 질병 전파양상 시나리오 설계



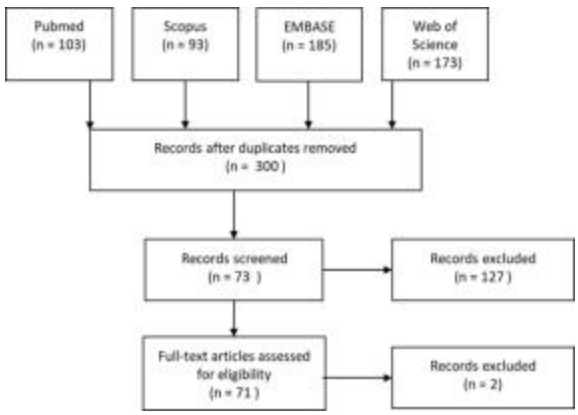

<가축전염병(FMD) 질병전파 시나리오 설계 예시>

- 코크란 연합 (Cochrane)의 체계적 문헌고찰 가이드라인에 따라 Pubemd, Embase, Scoups, Web of Science 등의 웹 기반 학술 전자데이터베이스를 활용하여 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 발생 및 확산 관련 위험요인에 대한 문헌고찰 실시




<아프리카돼지열병 발생 위험요인 메타분석을 위한 체계적 문헌고찰 예시>

- 체계적인 문헌고찰 후 메타분석을 통한 재난형 가축전염병 전파양상 시나리오 설계




| | Cabs Abstracts | Pubmed | Scopus | Web of Science | Total |
|---|---|---|---|---|---|
| Primary Search results | 205 | 927 | 1367 | 942 | 3441 |
| Published before 1970; full article not written in English, Italian, or Spanish; not related to the European Union scenario; abstract not available or conference proceedings | 135 | 223 | 394 | 242 | 994 |
| Deemed not related to the theme of the review | 49 | 575 | 761 | 578 | 1963 |
| Remaining records | | | 484 | | |
| Duplicates | | | 199 | | |
| Not original data or study; in vitro study; not containing information on risk factors for farms; cell-level study; reviews | | | 233 | | |
| Remaining records | | | 50 | | |
| Final records included in this review | | | 52 | | |

| 번호 | 저자명 | 년도 | 제목 | 학술지 |
|---|---|---|---|---|
| 1 | R. A. Taylor, et al. | 2020 | The Risk of Infection by African Swine Fever Virus in European Swine Through Boar Movement and Legal Trade of Pigs and Pig Meat | Frontiers in Veterinary Science |
| 2 | J. D. Wormington, et al. | 2019 | Risk of African Swine Fever Virus Sylvatic Establishment and Spillover to Domestic Swine in the United States | Vector-Borne and Zoonotic Diseases |
| 3 | J. Vicente, et al. | 2019 | Science-based wildlife disease response | Science |
| 4 | J. H. Sur | 2019 | How far can African swine fever spread? | Journal of Veterinary Science |
| 5 | K. Schulz, et al. | 2019 | Analysis of Estonian surveillance in wild boar suggests a decline in the incidence of African swine fever | Scientific Reports |
| ... | | | | |
| 70 | F. Jori and A. D. Bastos | 2009 | Role of wild suids in the epidemiology of African swine fever | Ecohealth |
| 71 | F. Ruiz-Fons, et al. | 2008 | A review of viral diseases of the European wild boar: Effects of population dynamics and reservoir rôle | Veterinary Journal |

<아프리카돼지열병 발생 위험요인 메타분석을 위한 문헌선택 예시>

## 2) 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 질병전파 주요 요인별 모수와 확률분포

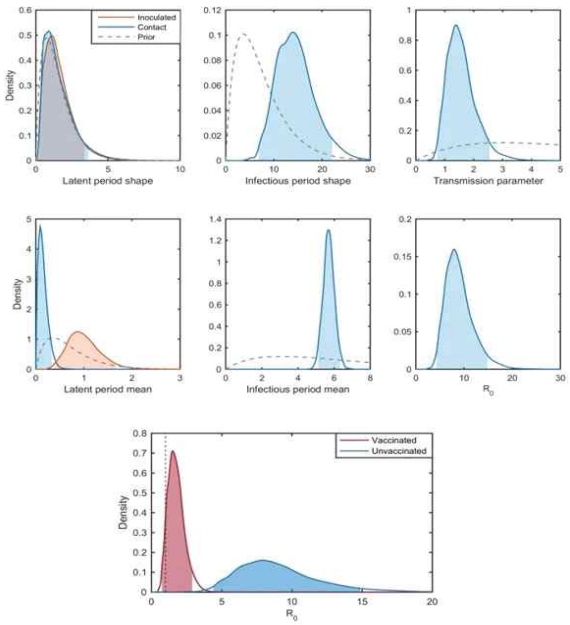
- 체계적인 문헌고찰을 통해 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 질병 발생 요인 선정 및 요인별 질병 발생 기여도 추정

| Variable | Estimated coefficient | Standard error | z-value | p-value | AIC |
|---|---|---|---|---|---|
| Lake distance | -0.000 | 0.000 | -0.190 | 0.849 | 403.22 |
| Groundwater distance | -0.000 | 0.000 | -0.930 | 0.352 | 402.38 |
| Migratory bird habitat distance | -0.000 | 0.000 | -2.800 | 0.005 | 394.92 |
| Marsh distance | -0.000 | 0.000 | -2.049 | 0.040 | 398.98 |
| Forest distance | 0.000 | 0.000 | 0.511 | 0.609 | 402.99 |
| Motorway distance | 0.000 | 0.001 | 0.465 | 0.642 | 403.03 |
| Grade one eco-natural area distance | 0.000 | 0.000 | 2.670 | 0.007 | 395.65 |
| Grade two eco-natural area distance | 0.000 | 0.000 | 0.774 | 0.439 | 402.65 |
| Grade three eco-natural area distance | -0.000 | 0.000 | -0.287 | 0.774 | 403.17 |
| Non-graded eco-natural area distance | -0.000 | 0.000 | -4.771 | 0.000 | 374.54 |
| Farmland distance | -0.000 | 0.000 | -1.014 | 0.311 | 400.42 |
| Residential area distance | -0.000 | 0.000 | -1.014 | 0.311 | 400.42 |
| Altitude | -0.005 | 0.001 | -3.278 | 0.001 | 389.81 |
| Slope | -0.040 | 0.028 | -1.404 | 0.160 | 401.23 |

* AIC: Akaike information criterion

<고병원성 조류인플루엔자 발생 위험요인 분석 예시>

- 확률분포 및 베이지안 기법을 이용한 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 병원체 특성(잠복기 및 재생산지수) 추정




<베이지안 기법을 이용한 병원체 특성(잠복기 및 재생산지수) 추정 결과 예시>

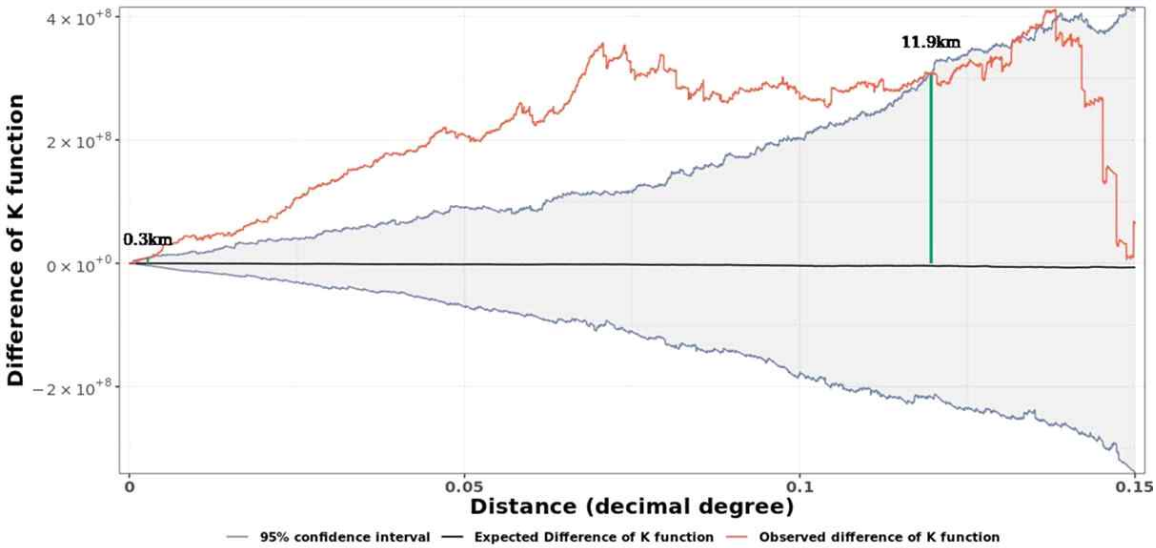
- 문헌고찰 및 통계기법을 이용한 재난형 가축전염병 질병전파 주요 요인 모수 추정

| Parameter definitions | Value | References |
|---|---|---|
| *Demographic* | | |
| Gestation period (weeks) | 17 | Henry (1968) |
| Litter size (weeks) | $N(5, 1^2)$ | Calibrated based on Gethöffer et al. (2007) |
| Natural mortality rate (% per week) | | |
| Piglet | 0.84 ( = 35% per year) | Calibrated based on Focardi et al. (1996); Lange and Thulke (2017) |
| Non-piglet | 1.47 ( = 40% per year) | Calibrated based on Focardi et al. (1996); Lange & Thulke (2017) |
| Hunting/capturing rate (% per week) | | |
| inside the fence | 1.77 | Calibrated based on Kim (2019) |
| outside the fence | 0.53 | Calibrated based on Kim (2019) |
| Duration of WB carcass decomposition (week) | Between 7 and 52 | Estimated based on Probst et al. (2020) |
| *ASF-related* | | |
| ASF case fatality rate (% per week) | 99.0 | Gabriel et al. (2011); Gallardo et al. (2017) |
| Latent period (week) | 1 | Guinat et al. (2016, 2018) |
| Infectious period (week) | 1 | Guinat et al. (2016, 2018) |
| Duration of passive immunity via maternal antibody (week) | 12 | Lange and Thulke (2017) |
| Impaired reproduction of ASF-infected breeding sows (%) | 62.5 | Lange and Thulke (2017) |
| Duration of an infectious WB carcass losing its infectivity (week) | Between 1 and 52 | Estimated based on Fischer et al. (2020) |

Key: $N(\cdot,\cdot)$, normal distribution(mean, variance).

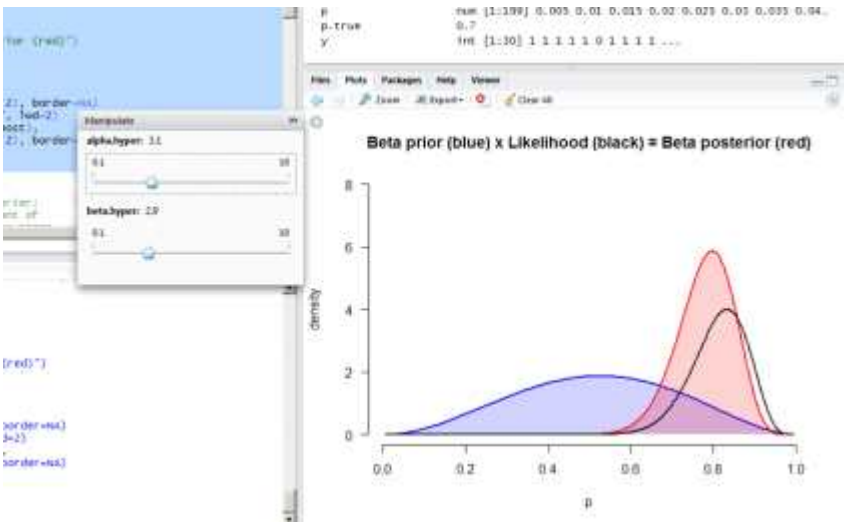
<아프리카돼지열병 질병전파 주요 요인 모수 추정 예시>

- 과거 질병 발생정보(2014/15 FMD, 2014/15 HPAI, 2020/2021 ASF)를 이용한 국내 발생 병원체 특성 추정




<고병원성 조류인플루엔자 병원체 특성 분석 예시>

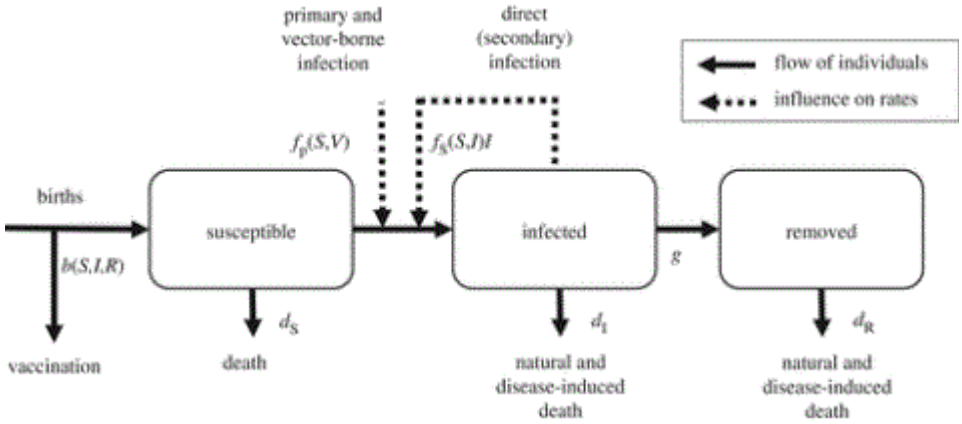
- 통계분석 소프트웨어 R과 베이지안 분석 패키지를 활용하여 질병전파 주요 요인별 모수와 확률분포 추정




<통계분석 소프트웨어 R을 이용한 베이지안 분석 예시>

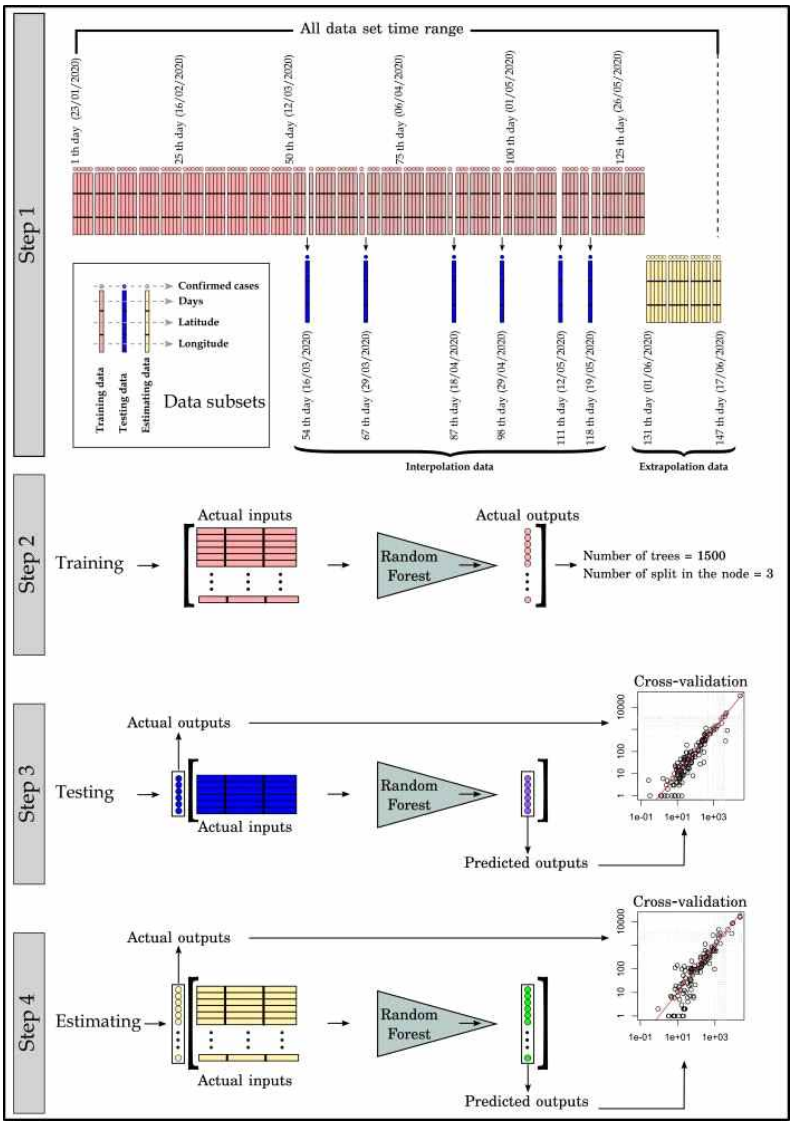
### 3) 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 질병전파모형 설계

- 질병 발생 단계 감수성(susceptible), 감염(infectious), 회복 혹은 제거(recovery or removed)를 고려한 수리통계 질병전파모형 설계



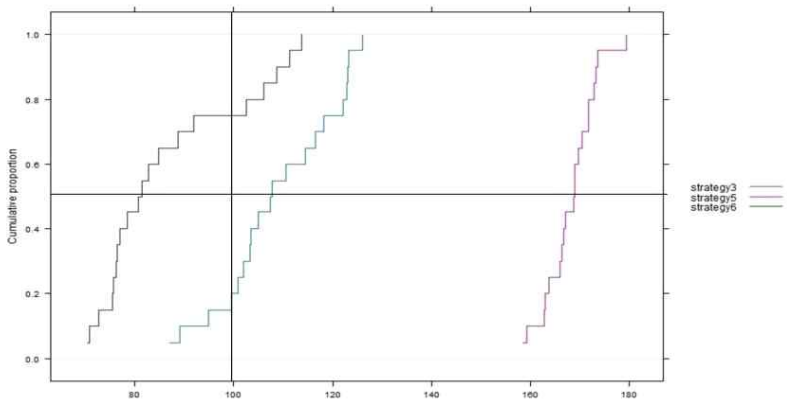

<질병 발생 단계를 고려한 질병전파모형 설계 예시>

- 전국 시군별 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 발생건수, 축산 및 가금농가수, 사육두(수)수, 가금사육밀도, 목장용지 필지면적, 야생조류 HPAI 양성건수, 야생멧돼지 ASF 양성건수, 철새도래지 개수(HPAI), 최근린 평균거리, 우제류 도축장 개수, 가금류 도압장 개수, 도압장 개수, 부화장 개수, 배합사료공장 개수, 사료공장 개수, 비료제조업체 개수, 2013/2014 가축분뇨 발생량, 개별/위탁 가축분뇨처리시설 개수, 가축분뇨처리장 개수, 축협소속 가축시장 개수, 기타 가축시장 개수, 전통시장 개수, 밀집사육단지 개수, 2015 차량이동빈도수 등의 요인을 활용한 기계학습모형 설계




<기계학습모형 중 Random forest를 이용한 질병전파모형 설계 예시>

- 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 축종별 질병전파모형 설계 후 전파양상 시나리오와의 비교를 통해 설계된 모형의 실용성 평가




<재난형 가축전염병(FMD) 질병전파모형과 전파양상 시나리오 간 비교 예시>

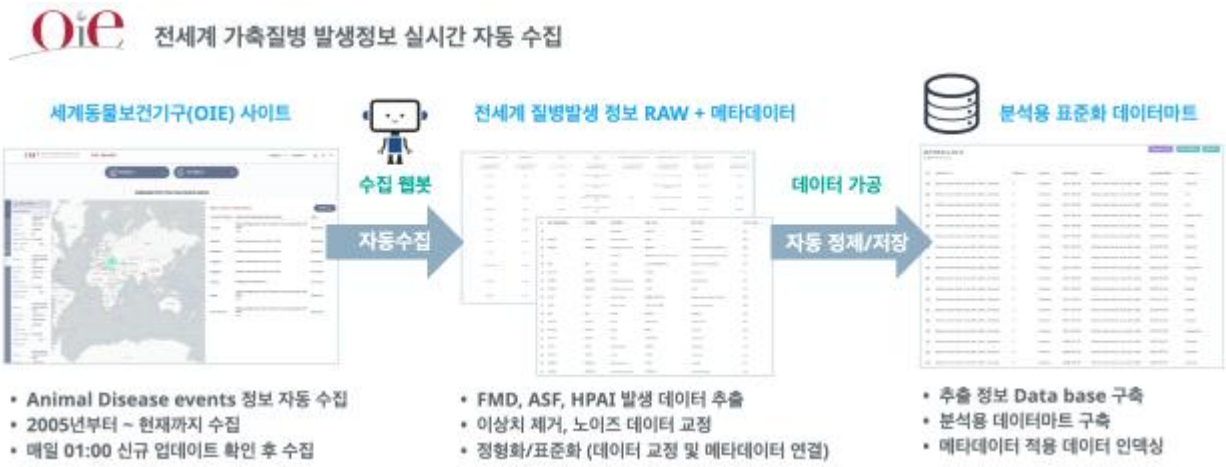
- 공동연구기관(케이웨어(주))

### 1) 질병전파모형 구축을 위한 축산/공간/환경정보 데이터베이스 구축

- 데이터 자동수집 기술(웹봇, API, RSS, 수집 인터페이스 등)과 데이터 자동정제 기술을 적용한 국내외 가축질병 발생 관련 축산/공간/환경 빅데이터 플랫폼 구축

<축산/공간/환경정보 수집·정제·저장 빅데이터 플랫폼 예시>

- 전세계 가축질병 발생 정보 자동 수집/전처리/마이닝/데이터베이스 구축 처리 기능 개발




<전세계 가축질병 발생정보 자동 수집/가공/저장 기술 예시>

| 테이블명 | hpai_m_oie | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| 테이블 설명 | OIE 자료 MG-temp | | | | |
| 1 | filename | varchar(100) | NO | | FileName |
| 2 | diseaseShortNm | varchar(20) | YES | NULL | 질병명약명 |
| 3 | reportNm | varchar(200) | YES | NULL | Report name |
| 4 | disease | varchar(100) | YES | NULL | Disease |
| 5 | country | varchar(100) | NO | | Country |
| 6 | serotype | varchar(20) | YES | NULL | serotype |
| 7 | seqNo | smallint(5) | NO | | SeqNo |
| 8 | followDt | varchar(10) | YES | NULL | Follow-up Report date |
| 9 | startDate | varchar(100) | YES | NULL | StartDate |
| 10 | endDate | varchar(100) | YES | NULL | EndDate |
| 11 | unitType | varchar(100) | YES | NULL | UnitType |
| 12 | province | varchar(100) | NO | | Province |
| 13 | location | varchar(256) | YES | NULL | Location |
| 14 | longitude | decimal(10,5) | YES | NULL | Longitude |
| 15 | latitude | decimal(10,5) | YES | NULL | Latitude |

<고병원성조류인플루엔자 발생정보 데이터베이스 구축을 위한 테이블명세서 예시>

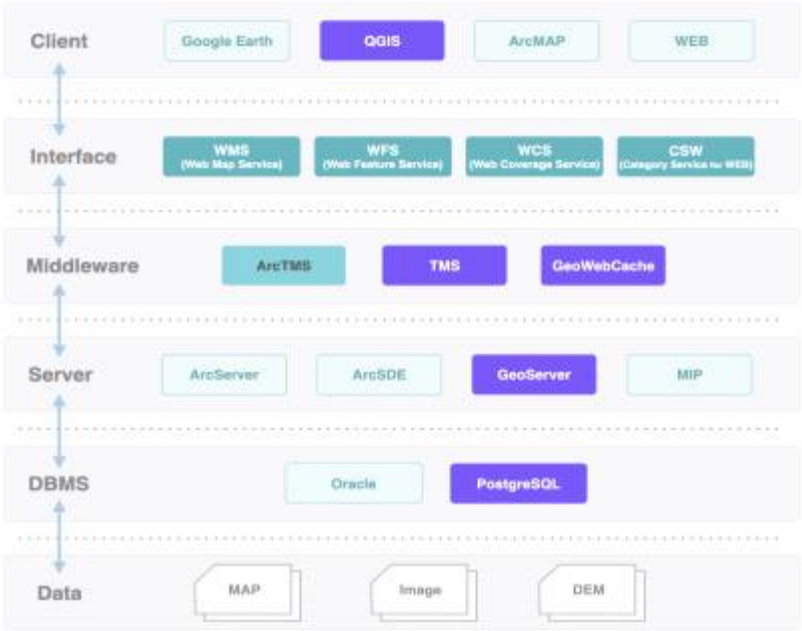
- 웹크롤링 기술을 이용하여 축산질병 관련 국가별 연도별 축산물 수입 통계량 데이터베이스 구축
- 축산물 수출입 무역 통계량 정보를 수집/저장 처리용 인터페이스 설계 및 개발
- 현재 가장 대중적으로 사용되는 라이브러리인 Jsoup, HtmlUnit, Selenium java 중 축산물 수입 통계량 제공 사이트에 적합한 형태의 라이브러리 사용

표. 2016-2020 삼겹살(HS코드: 0203191000) 국가별 및 연도별 수입통계량 예시

| 기간 | 국가명 | 수출중량 (톤) | 수입중량 (톤) | 수출금액 (USD1,000) | 수입금액 (USD1,000) | 무역수지 (USD1,000) |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 총계 | | 6.1 | 69,510.9 | 96 | 373,955 | -373,859 |
| 2016 | 홍콩 | 1.9 | 0.0 | 36 | 0 | 36 |
| 2016 | 캐나다 | 0.0 | 3,387.6 | 0 | 18,315 | -18,315 |
| 2016 | 핀란드 | 0.0 | 0.0 | 0 | 0 | 0 |
| 2016 | 스페인 | 0.0 | 110.0 | 0 | 503 | -503 |
| 2016 | 칠레 | 0.0 | 1,477.4 | 0 | 7,940 | -7,940 |
| 2016 | 벨기에 | 0.0 | 69.5 | 0 | 435 | -435 |
| 2016 | 네덜란드 | 0.0 | 198.2 | 0 | 1,139 | -1,139 |
| 2016 | 멕시코 | 0.0 | 5,619.9 | 0 | 27,084 | -27,084 |
| 2016 | 미국 | 0.0 | 1,977.8 | 0 | 12,255 | -12,255 |
| 2017 | 프랑스 | 0.0 | 0.0 | 0 | 0 | 0 |
| 2017 | 네덜란드 | 0.0 | 162.4 | 0 | 1,035 | -1,035 |
| 2017 | 멕시코 | 0.0 | 6,592.1 | 0 | 32,630 | -32,630 |
| 2017 | 아일랜드 | 0.0 | 0.1 | 0 | 1 | -1 |
| 2017 | 벨기에 | 0.0 | 79.6 | 0 | 529 | -529 |
| 2017 | 캐나다 | 0.0 | 4,185.2 | 0 | 24,517 | -24,517 |
| 2017 | 미국 | 0.0 | 1,444.9 | 0 | 9,475 | -9,475 |
| 2017 | 스페인 | 0.0 | 2.3 | 0 | 26 | -26 |
| 2017 | 칠레 | 0.0 | 2,266.9 | 0 | 13,209 | -13,209 |
| 2017 | 홍콩 | 1.5 | 0.0 | 26 | 0 | 26 |
| 2017 | 독일 | 0.0 | 0.1 | 0 | 0 | 0 |
| 2018 | 칠레 | 0.0 | 2,125.0 | 0 | 11,355 | -11,355 |
| 2018 | 멕시코 | 0.0 | 6,244.1 | 0 | 29,711 | -29,711 |
| 2018 | 네덜란드 | 0.0 | 50.9 | 0 | 324 | -324 |
| 2018 | 캐나다 | 0.0 | 5,818.2 | 0 | 32,171 | -32,171 |
| 2018 | 미국 | 0.0 | 1,667.2 | 0 | 9,946 | -9,946 |
| 2018 | 스페인 | 0.0 | 23.1 | 0 | 101 | -101 |

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 2018 | 홍콩 | 0.7 | 0.0 | 9 | 0 | 9 |
| 2019 | 캐나다 | 0.0 | 5,444.9 | 0 | 30,836 | -30,836 |
| 2019 | 칠레 | 0.0 | 1,281.8 | 0 | 6,288 | -6,288 |
| 2019 | 라오스 | 1.2 | 0.0 | 12 | 0 | 12 |
| 2019 | 홍콩 | 0.8 | 0.0 | 11 | 0 | 11 |
| 2019 | 미국 | 0.0 | 1,949.3 | 0 | 11,255 | -11,255 |
| 2019 | 네덜란드 | 0.0 | 43.3 | 0 | 205 | -205 |
| 2019 | 멕시코 | 0.0 | 5,309.4 | 0 | 25,615 | -25,615 |
| 2020 | 네덜란드 | 0.0 | 0.6 | 0 | 4 | -4 |
| 2020 | 멕시코 | 0.0 | 3,127.3 | 0 | 15,670 | -15,670 |
| 2020 | 미국 | 0.0 | 2,053.6 | 0 | 12,305 | -12,305 |
| 2020 | 홍콩 | 0.1 | 0.0 | 1 | 0 | 1 |
| 2020 | 캐나다 | 0.0 | 6,165.6 | 0 | 35,599 | -35,599 |
| 2020 | 칠레 | 0.0 | 632.6 | 0 | 3,476 | -3,476 |

- 공간정보 수집/저장/변환/융합을 위한 GIS 분석 플랫폼 구축

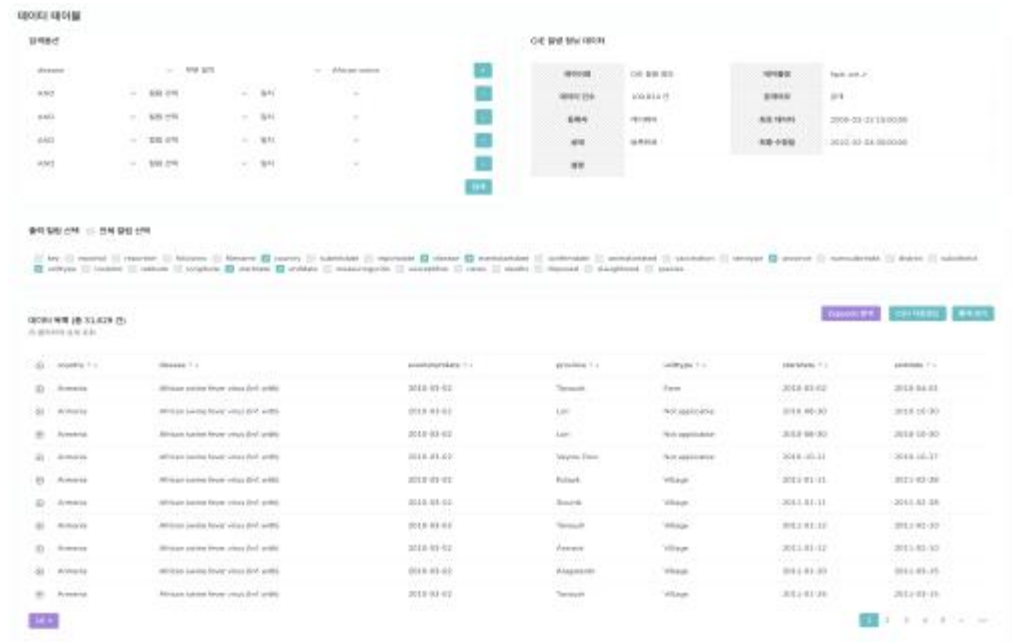



<공간분석 소프트웨어 구조 예시>

| 테이블명 | hpai_man_kr_livestock_facility | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| 테이블 설명 | 국내 가축 시설 | | | | |
| 1 idx | int(11) | PRI | NO | | 인덱스 |
| 2 facility_code | varchar(30) | | YES | NULL | 시설코드 |
| 3 category | varchar(20) | | YES | NULL | 카테고리 |
| 4 facility_name | varchar(60) | | YES | NULL | 시설명 |
| 5 facility_owner | varchar(60) | | YES | NULL | 시설소유자 |
| 6 livestock_code | varchar(30) | | YES | NULL | 가축코드 |
| 7 livestock_name | varchar(100) | | YES | NULL | 가축명 |
| 8 livestock_mng_code | varchar(20) | | YES | NULL | 가축관리코드 |
| 9 livestock_mng_name | varchar(50) | | YES | NULL | 가축관리코드명 |
| 10 livestock_type | varchar(20) | | YES | NULL | 가축유형 |
| 11 livestock_sub_name | varchar(20) | | YES | NULL | 가축상세구분명 |
| 12 lat | decimal(20,15) | | YES | NULL | 위도 |
| 13 lon | decimal(20,15) | | YES | NULL | 경도 |
| 14 adm_cd | varchar(20) | | YES | NULL | 행정동코드 |
| 15 facility_addr | varchar(256) | | YES | NULL | 시설주소 |
| 16 other_livestock_name | varchar(256) | | YES | NULL | 기타가축명 |

<국내 축산시설 정보 데이터베이스 구축을 위한 테이블명세서 예시>

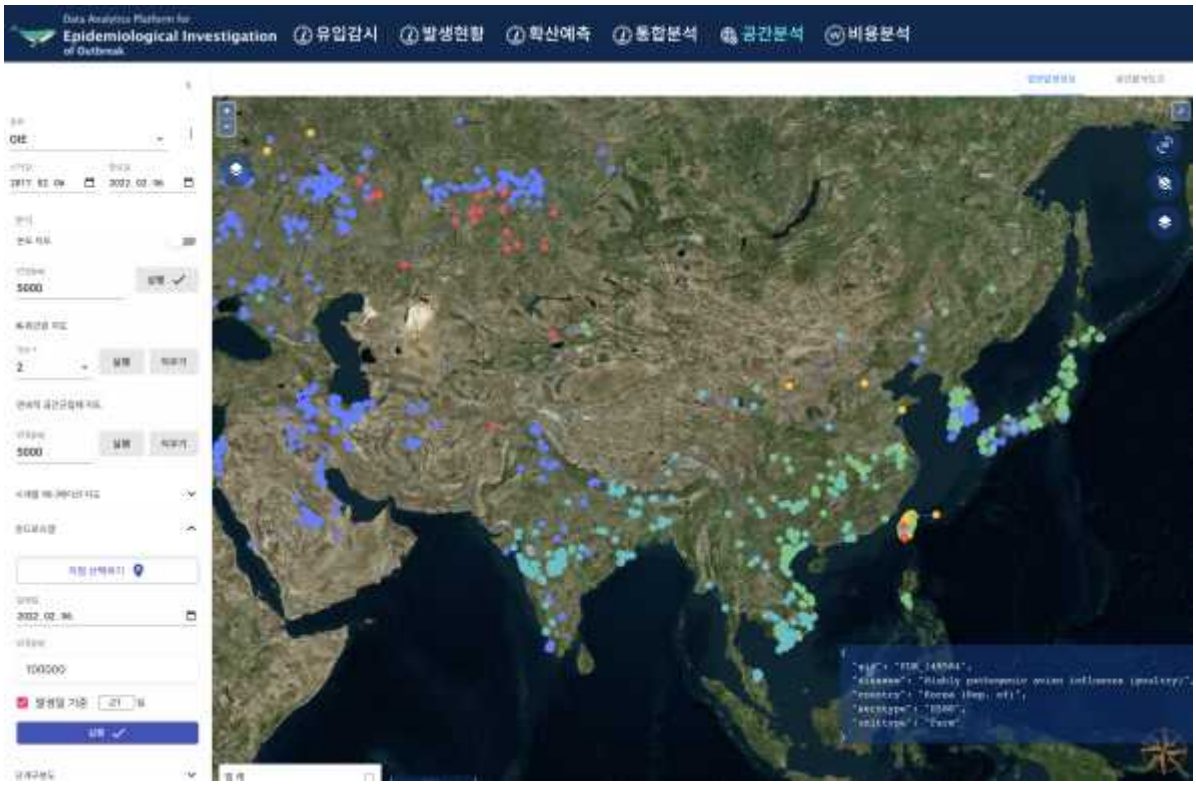
- 전세계 가축질병 발생정보 데이터베이스 관리 기능 개발



<전세계 가축질병 발생 정보 데이터베이스 관리 화면 예시>

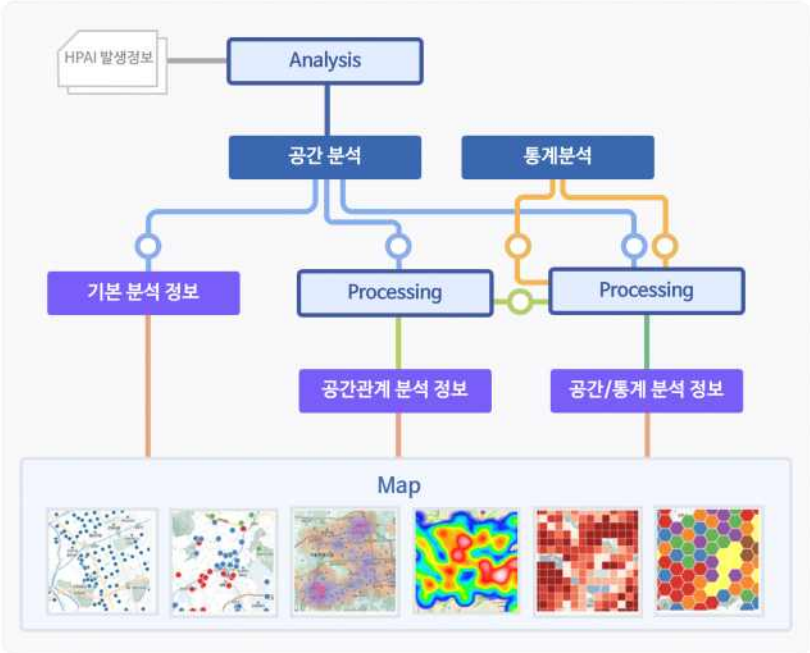
## 2) 지리정보시스템 기반 질병전파 시뮬레이션 결과 시각화 시스템 설계

- 지리정보시스템을 활용한 전세계 가축질병 발생 정보 시각화




<전세계 가축질병 발생 현황 시각화 예시>

- 공간분석 기반 시뮬레이션 분석정보 시각화를 위한 공통모듈 개발



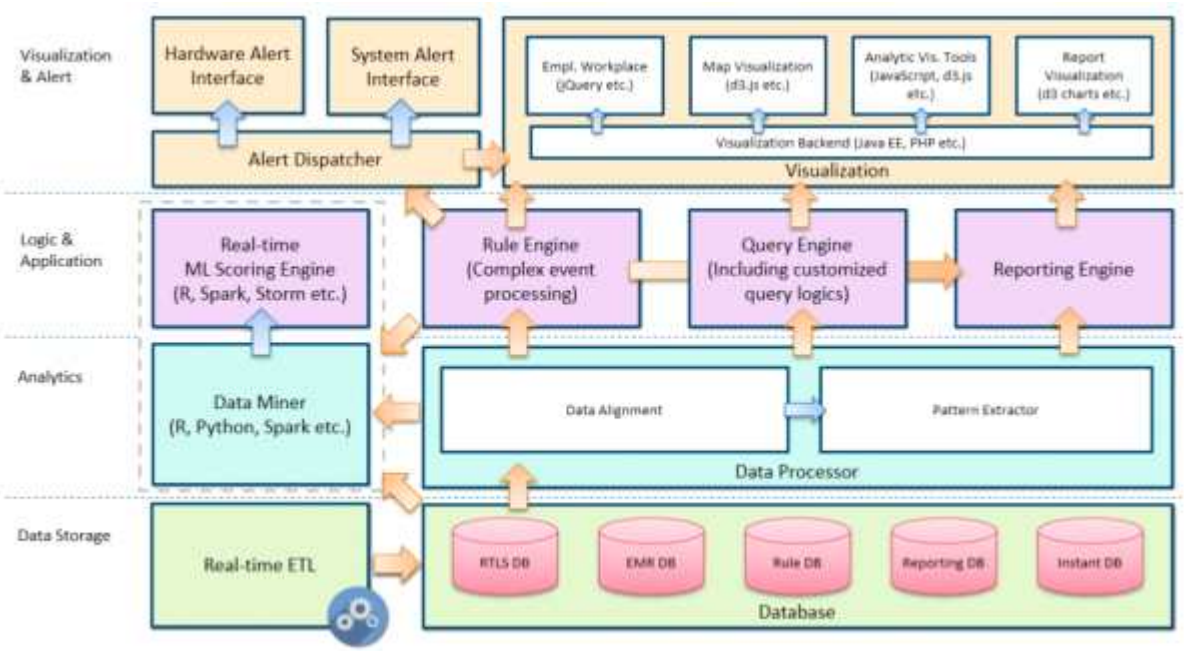

<공간정보 + 분석결과 시각화 프로세스 예시>

### 3) 질병전파모형을 활용한 가축전염병 방역정책 의사결정 지원시스템 설계

- OLAP(온라인 분석 처리) 기반 대규모 가축질병 관련 축산/공간/환경 데이터의 분석을 지원하기 위한

이종데이터 통합관리 아키텍처 설계

- 다양한 환경에서 수집된 서로 다른 시계열 데이터를 통합하여 분석에 활용하기 위해 추가로 생성할 시계열 데이터의 메타 정보 정의 및 통합데이터 생성 방법 설계
- 데이터 패브릭 적용 개별 메타 데이터 기반의 데이터 통합관리 아키텍처 설계




<의사결정지원 시스템 데이터 처리 아키텍처 예시>

- 서로 다른 이질적인 데이터를 새로운 시계열 데이터로 통합하기 위한 데이터 융합 방법 개발

표. 데이터 융합을 위한 정의 범주

| | |
|---|---|
| **데이터 통합 범위** | 시계열 데이터의 시작/종료 시점 중 기준점 점위 설정 |
| **개별 데이터 특성** | 각각의 파편적 데이터의 독립적인 컬럼에 추가정보 정의<br>– 데이터 타입 : Numeric/Category/String<br>– 측정된 시간 스탬프 간 데이터 의존성 : Yes/No<br>– 데이터 수집 주기 : (ex > 1min, 1houre, 주기 없음)<br>– 데이터 발생 시점 : (Continuous, Event) |
| **데이터 재가공 가능성** | 재가공 필요 데이터에 대한 재변환 및 보간 방법 정의 |
| **데이터 재가공 방법** | 데이터 수집과 가공 시간축 변화에 따른 결측치 방지 방법 정의 |
| **데이터 재가공 주기** | 시계열 데이터의 응용, 분석, 통합 관계를 고려한 주기 설정 |
| **통합 기준 메타정보 정의** | 통합을 위한 메타데이터 정의 및 생성 파라미터 설계 |

**<2차 년도>**

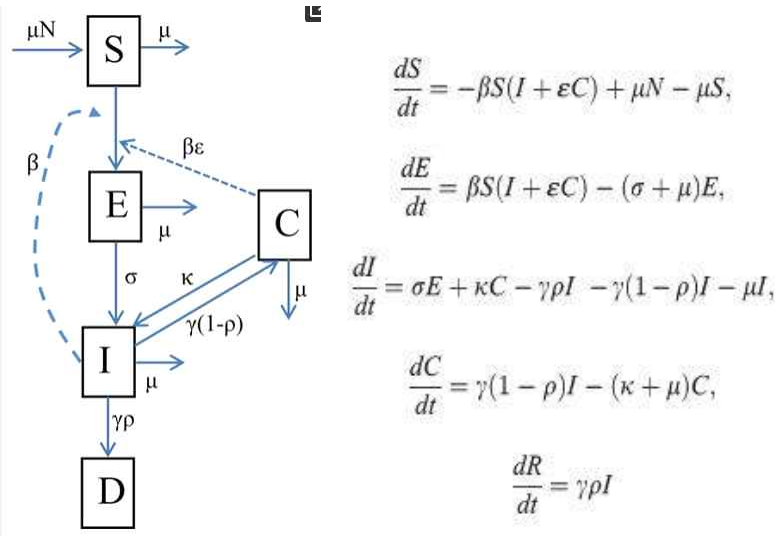
○ 연구개발 목표

| 기관별 개발목표 | | 주요결과물 |
|---|---|---|
| (주관)<br>강원대학교 | 1) 과제 총괄<br>2) 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 질병전파모형 구축<br>3) 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 방역조치 효율성 평가 | 1) 재난형 가축전염병 질병전파 모형<br>2) 재난형 가축전염병 방역정책 효율성 평가결과<br>3) 재난형 가축전염병 선제적 관리방안 |
| (공동)<br>케이웨어(주) | 1) 질병전파모형 구축을 위한 축산/공간/환경정보 관계형 빅데이터 패브릭 시스템 구축<br>2) 지리정보시스템 기반 질병전파 시뮬레이션 결과 시각화 시스템 구축<br>3) 질병전파모형을 활용한 가축전염병 방역정책 의사결정 지원 시스템 구축 | 1) 가축/가금/야생멧돼지 축산정보, 공간정보 및 환경정보 데이터베이스 및 지도<br>2) 질병전파 시뮬레이션 결과 시각화 시스템(매뉴얼 포함)<br>3) 가축전염병 방역정책 의사결정 지원시스템(매뉴얼 포함) |

**- 주관연구기관(강원대학교):**

**1) 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 질병전파모형 구축**

- 질병 발생 단계 감수성(susceptible), 감염(infectious), 회복 혹은 제거(recovery or removed)를 고려한 수리통계 질병전파모형 구축




$$\frac{dS}{dt} = -\beta S(I + \varepsilon C) + \mu N - \mu S,$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta S(I + \varepsilon C) - (\sigma + \mu)E,$$

$$\frac{dI}{dt} = \sigma E + \kappa C - \gamma\rho I \ -\gamma(1-\rho)I - \mu I,$$

$$\frac{dC}{dt} = \gamma(1-\rho)I - (\kappa + \mu)C,$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma\rho I$$

<가축전염병 수리통계 질병전파모형 구축 예시>

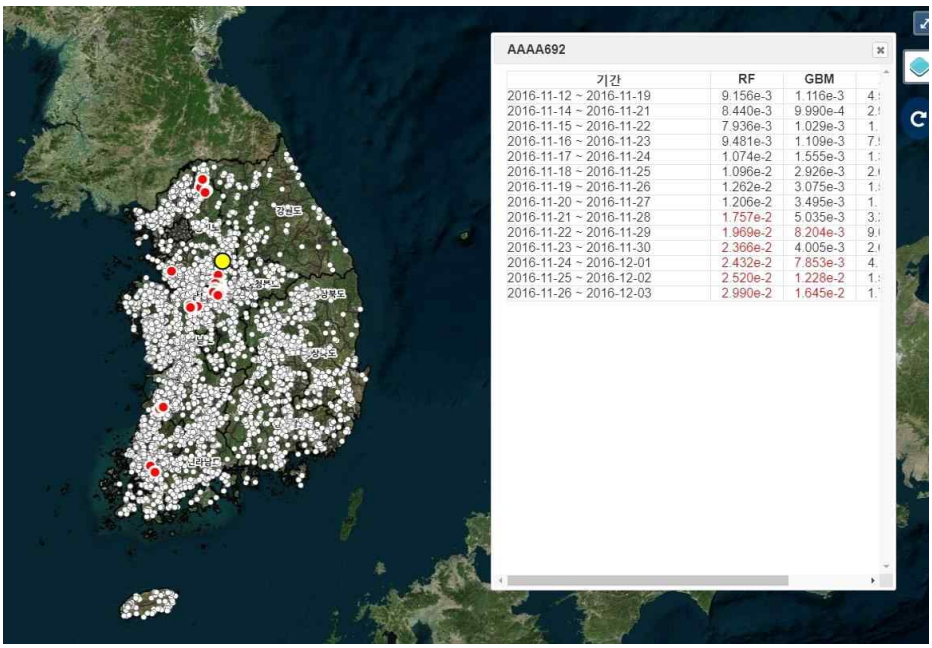
- 전국 시군별 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 발생건수, 축산 및 가금농가수, 사육두(수)수, 가금사육밀도, 목장용지 필지면적, 야생조류 HPAI 양성건수, 야생멧돼지 ASF 양성건수, 철새도래지

개수(HPAI), 최근린 평균거리, 우제류 도축장 개수, 가금류 도압장 개수, 도압장 개수, 부화장 개수, 배합사료공장 개수, 사료공장 개수, 비료제조업체 개수, 2013/2014 가축분뇨 발생량, 개별/위탁 가축분뇨처리시설 개수, 가축분뇨처리장 개수, 축협소속 가축시장 개수, 기타 가축시장 개수, 전통시장 개수, 밀집사육단지 개수, 2015 차량이동빈도수 등의 요인을 활용한 기계학습모형 구축

| # | 변수명 | 변수한글명 | relative_importance | scaled_importance | percentage |
|---|---|---|---|---|---|
| 1 | lstkap_cl | 농장의 현재 축종 | 10203.45056 | 1 | 28.78% |
| 2 | feed_convey_mean_0km | 사료 운반 차량의 방문 횟수 평균 | 6145.50568 | 0.602296806 | 17.33% |
| 3 | feed_convey_sum_0km | 사료 운반 차량의 방문 횟수 합계 | 4453.186543 | 0.436439273 | 12.56% |
| 4 | occur_dist | 현재 발생 농장 사이와의 거리 | 2962.303123 | 0.290323661 | 8.35% |
| 5 | region | 지역 | 1384.415776 | 0.135681137 | 3.90% |
| 6 | vaccinate_median_5km | 예방 접종 차량의 5KM이내 농장 방문 횟수 중간값 | 1021.087886 | 0.100072802 | 2.88% |
| 7 | t_3_mode_0km | T-3일 시점의 농장에 방문 차량 수의 최빈값 | 643.3379974 | 0.063051023 | 1.81% |
| 8 | past_occur_density_5km | 과거 발생 농장 밀집도 5KM | 543.2514658 | 0.053241936 | 1.53% |
| 9 | sampling_disinfect_mean_2km | 샘플 채취 방역 차량의 2KM이내 농장 방문 횟수 평균 | 436.0391215 | 0.044694598 | 1.29% |
| 10 | t_1_sum_1km | T-1일 시점의 농장 주변 1KM이내 방문 차량 수의 합계 | 410.5946341 | 0.040240763 | 1.16% |
| 11 | livestock_excrement_convey_mode_4km | 가축 분뇨 운반 차량의 4KM이내 농장 방문 횟수 최빈값 | 390.2542887 | 0.038247286 | 1.10% |
| 12 | repair_machine_mode_2km | 기계 수리 차량의 2KM이내 농장 방문 횟수 최빈값 | 348.6086273 | 0.034165758 | 0.98% |
| 13 | total_brd_had_co | 농장의 현재 사육 두수 | 272.7849813 | 0.026734582 | 0.77% |
| 14 | feed_convey_0km_3 | 사료 운반 차량의 3일 전 방문 횟수 | 206.0987396 | 0.020198926 | 0.58% |
| 15 | brd_had_co | 농장 대표 축종의 사육 두수 | 184.2417457 | 0.018056608 | 0.52% |
| 16 | past_occur_dist | 과거 발생 농장 사이와의 거리 | 173.8681099 | 0.017020527 | 0.49% |
| 17 | feed_convey_mode_1km | 사료 운반 차량의 1KM이내 농장 방문 횟수 최빈값 | 170.6274576 | 0.016722525 | 0.48% |
| 18 | feed_convey_mode_0km | 사료 운반 차량의 방문 횟수 최빈값 | 162.7786115 | 0.015953291 | 0.46% |
| 19 | t_4_mode_0km | T-4일 시점의 농장에 방문 차량 수의 최빈값 | 158.5670853 | 0.015540535 | 0.45% |
| 20 | feed_convey_mean_5km | 사료 운반 차량의 5KM이내 농장 방문 횟수 평균 | 139.9498962 | 0.013715938 | 0.39% |

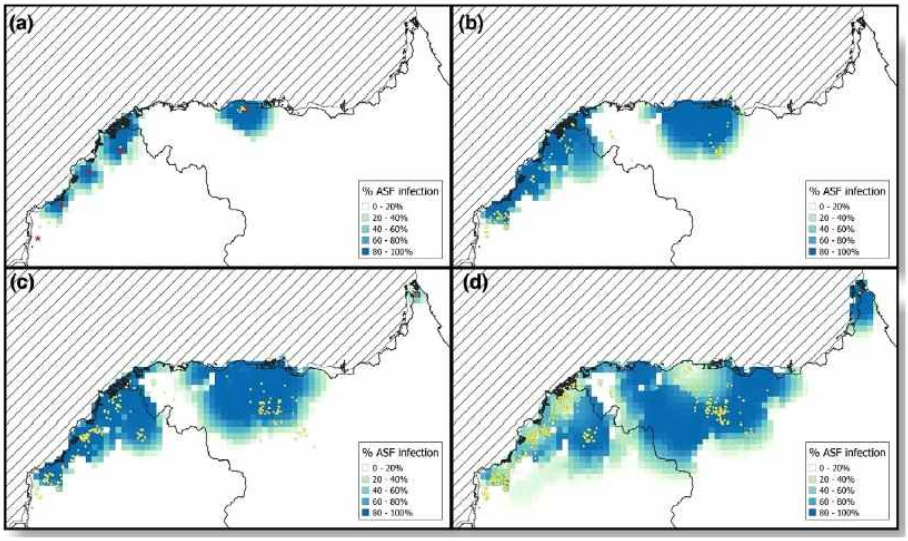
<기계학습을 이용한 질병전파 위험요인 추정 예시>

- 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 축종별 질병전파모형을 이용한 질병전파 시뮬레이션 실시 후 전파양상 시나리오와의 비교를 통해 구축된 모형의 실용성 평가



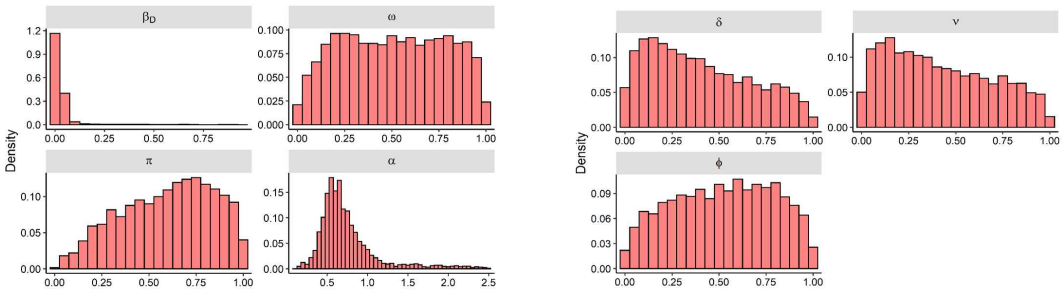

<고병원성 조류인플루엔자 질병전파 시뮬레이션 예시>

- 과거 질병발생현황과 질병전파 시뮬레이션 결과 간 비교를 통해 모형의 실용성 평가




<아프리카돼지열병 질병전파 시뮬레이션과 간 결과 비교 예시>

- 질병전파모형 내 주요 요인 모수 조합 및 반복시행을 통한 모형 간 비교




<아프리카돼지열병 주요 요인 모수 조합을 통한 반복시행 예시>

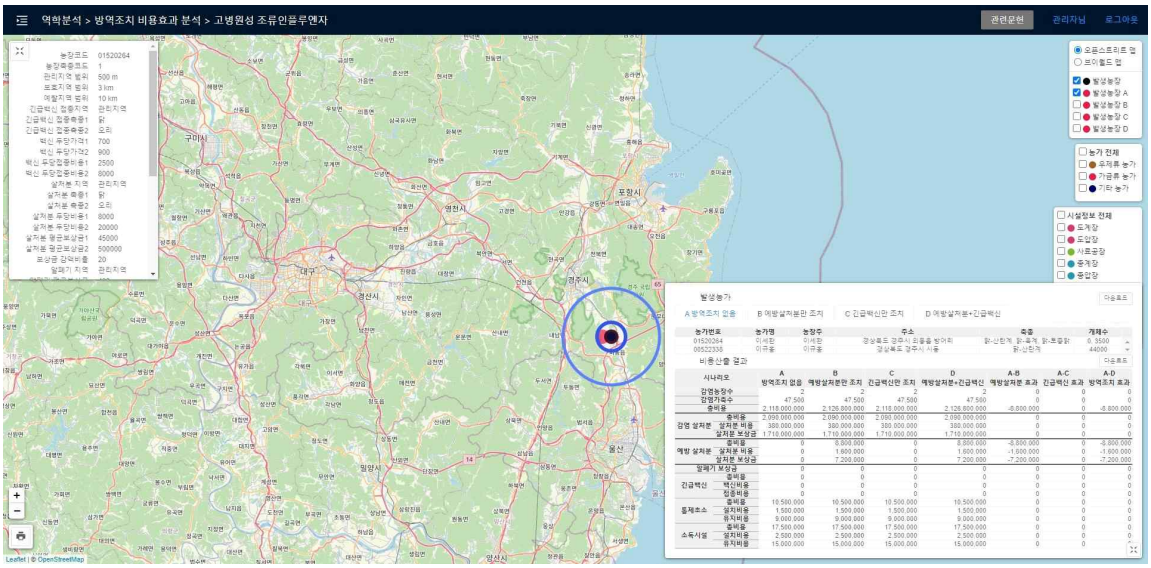
- 통계소프트웨어 R 및 질병전파 패키지를 활용한 질병전파모형 구축

```
# Gradient scale choropleth map of HPAI counts using ggplot:
windows(); ggplot(data = koadm2.df) +
  theme_bw() +
  geom_polygon(aes(x = long, y = lat, group = group, fill = nhpai)) +
  geom_path(aes(x = long, y = lat, group = group), colour = "grey", size = 0.25) +
  scale_fill_gradientn(limits = c(0, 45), colours = brewer.pal(n = 5, "Reds"),
      guide = "colourbar", name = "Number of HPAI\noutbreaks: 2014") +
  scale_x_continuous(name = "Easting (km)", labels = mformat()) +
  scale_y_continuous(name = "Northing (km)", labels = mformat()) +
  theme(legend.position = c(0.8, 0.15), legend.background = element_rect(colour = NA, fill = NA)) +
  coord_equal()


# ------------------------------------------------------------------------------------------------
# Within province movements:

summary(koadm2.shp$lwithin)

windows(); hist(koadm2.shp$lwithin)

## what gam stands for? -> geneal addictive model
## to check linear relationship? -> yes it is.
tmp.gam <- gam(nhpai ~ s(lwithin), data = koadm2.shp@data)
summary(tmp.gam)

## how can I interpret the following numbers? -> The numbers are on the shape of gam
## Parametric coefficients:
## Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)   1.0556     0.2442   4.322 2.24e-05 ***
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
## Approximate significance of smooth terms:
##             edf Ref.df     F  p-value
## s(lwithin) 3.644  4.494 7.774 2.62e-06 ***
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
## R-sq.(adj) =   0.12   Deviance explained = 13.3%
## GCV = 15.314  Scale est. = 15.032    n = 252
```

<R을 이용한 고병원성 조류인플루엔자 질병전파모형 구축 예시>

## 2) 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 방역조치 효율성 평가

- 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 질병전파모형 내 방역조치(살처분, 이동제한, 긴급백신 등) 수준을 변경하여 적용한 뒤 질병전파 시뮬레이션을 실시하여 각 조치별 효율성 비교




<고병원성 조류인플루엔자 방역조치 수준에 따른 효율성 비교 예시>

- 재난형 가축전염병(FMD, HPAI, ASF) 질병전파모형 대상 민감도분석을 실시하여 각 축종별 질병전파에 가장 연관성이 높은 요인 파악 및 이를 관리하기 위한 선제적 방역조치(안) 제시

Table S4. Median and 95% credible intervals of the posterior distributions of estimated parameters based on alternative scenarios of (A) ASF introduction (B) increased distance for dispersal of yearlings, and (C) decreased extent of local transmission. The posterior distributions based on the original introduction scenario is provided in (D) for comparison.

| Parameter definitions | (A) | (B) | (C) | (D) |
|---|---|---|---|---|
| Transmission rates for infectious live wild boars ($\beta_D$) | 0.012 (0.001, 0.063) | 0.016 (0.001 ,0.163) | 0.009 (0.002, 0.083) | 0.016 (0.002, 0.210) |
| Relative scale of $\beta_C$ compared to $\beta_D$ ($\omega$) | 0.527 (0.055, 0.961) | 0.530 (0.037, 0.966) | 0.561 (0.079, 0.964) | 0.510 (0.048, 0.961) |
| Reduction of transmission rates due to roads ($\delta$) | 0.359 (0.018, 0.933) | 0.318 (0.014, 0.941) | 0.308 (0.013, 0.927) | 0.362 (0.019, 0.932) |
| Reduction of transmission rates due to rivers ($\nu$) | 0.456 (0.027, 0.961) | 0.417 (0.023, 0.946) | 0.397 (0.029, 0.944) | 0.379 (0.021, 0.945) |
| Reduction of transmission rates due to fence-lines ($\varphi$) | 0.526 (0.043, 0.961) | 0.516 (0.049, 0.959) | 0.557 (0.051, 0.967) | 0.531 (0.045, 0.959) |
| Reduction of transmission rates due to different habitats ($\pi$) | 0.665 (0.103, 0.974) | 0.603 (0.089, 0.968) | 0.666 (0.122, 0.970) | 0.624 (0.126, 0.974) |
| Distance-based decay rate of infectious pressure ($\alpha$) | 0.633 (0.284, 1.779) | 0.640 (0.305, 1.918) | 0.452 (0.135, 1.712) | 0.650 (0.315, 2.000) |

Key: $\beta_C$, transmission rate for infectious wild boar carcasses.

<아프리카돼지열병 질병전파모형 민감도 분석 예시>

- 공동연구기관(케이웨어(주))

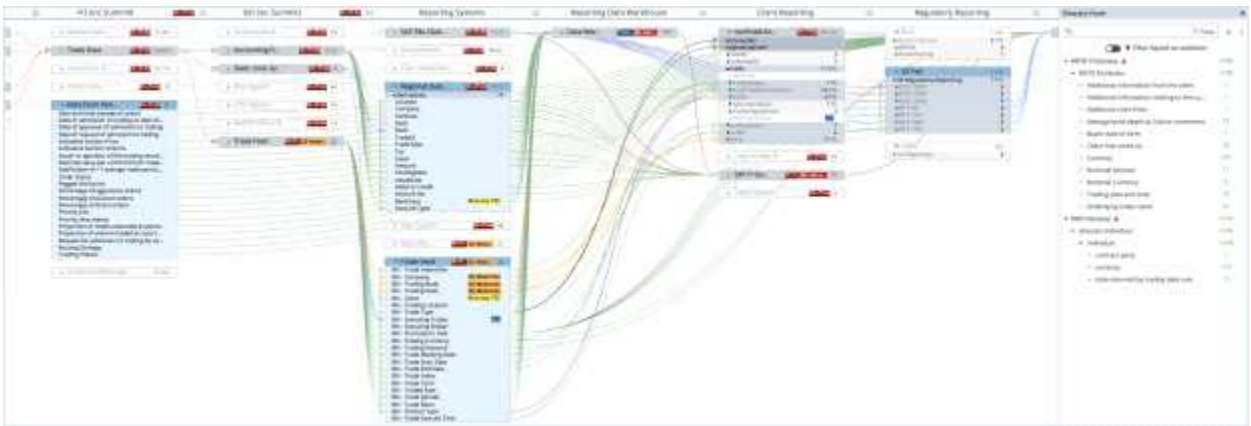
### 1) 질병전파모형 구축을 위한 축산/공간/환경정보 관계형 빅데이터 패브릭 시스템 구축

- 질병전파모형 분석 지원을 위한 실시간 연결, 셀프 서비스, 자동화 및 보편적 변환에 대한 새로운 분석 요구 사항을 충족할 수 있는 최신의 데이터 패브릭 구조의 시스템 개발
- 다양한 소스의 데이터를 통합, 처리, 선별 및 변환에 최적화된 데이터 가상화 패브릭 시스템 구축

<빅데이터 패브릭 시스템 아키텍처>

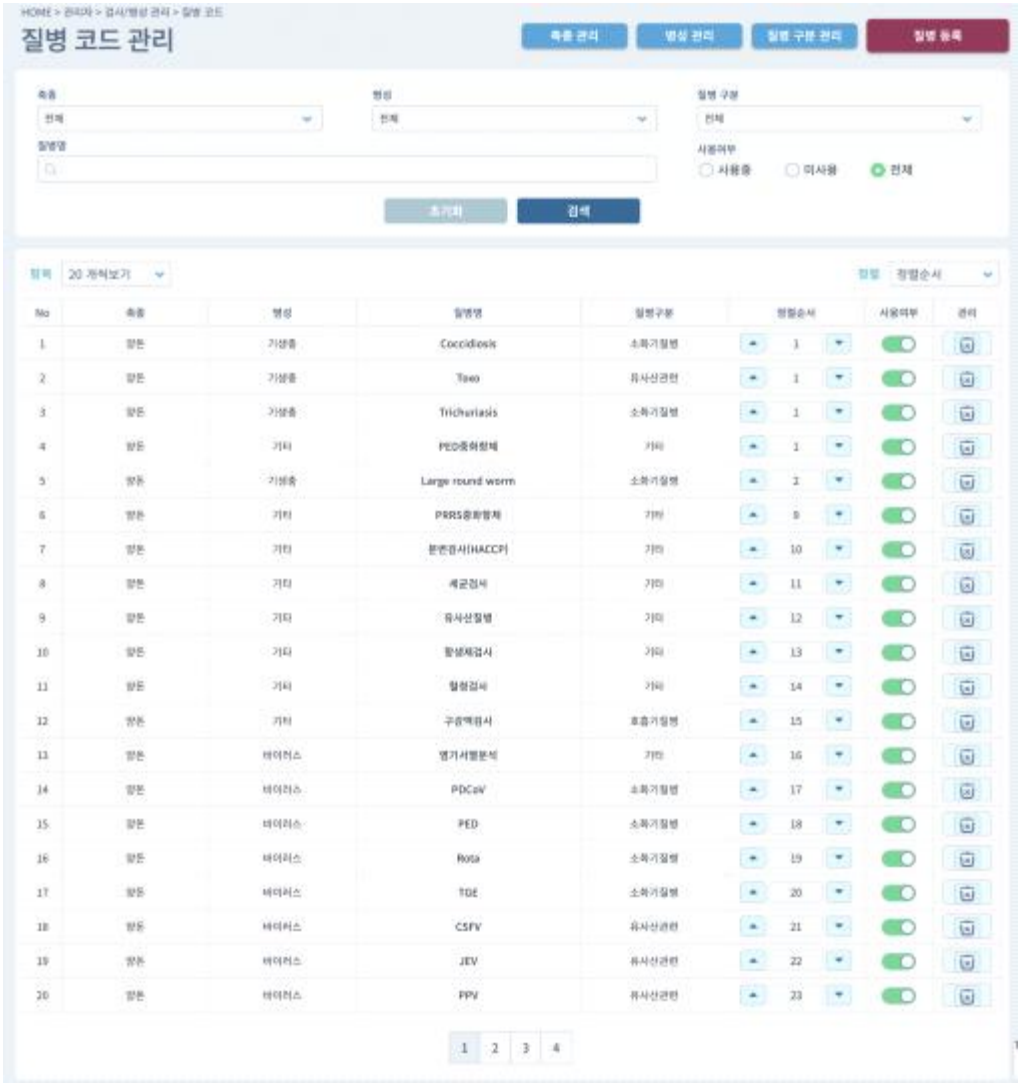
-

- 데이터 패브릭 기반 관계 데이터 카탈로그 개발



<관계형 빅데이터 패브릭 기반 데이터 카탈로그 기술 예시>

- 이종 데이터의 분석모형 적용 자동화 분석을 위한 용어통합 사전 개발, 표준 개발 적용시 데이터 파이프라인에 곧바로 적용될 수 있도록 구현



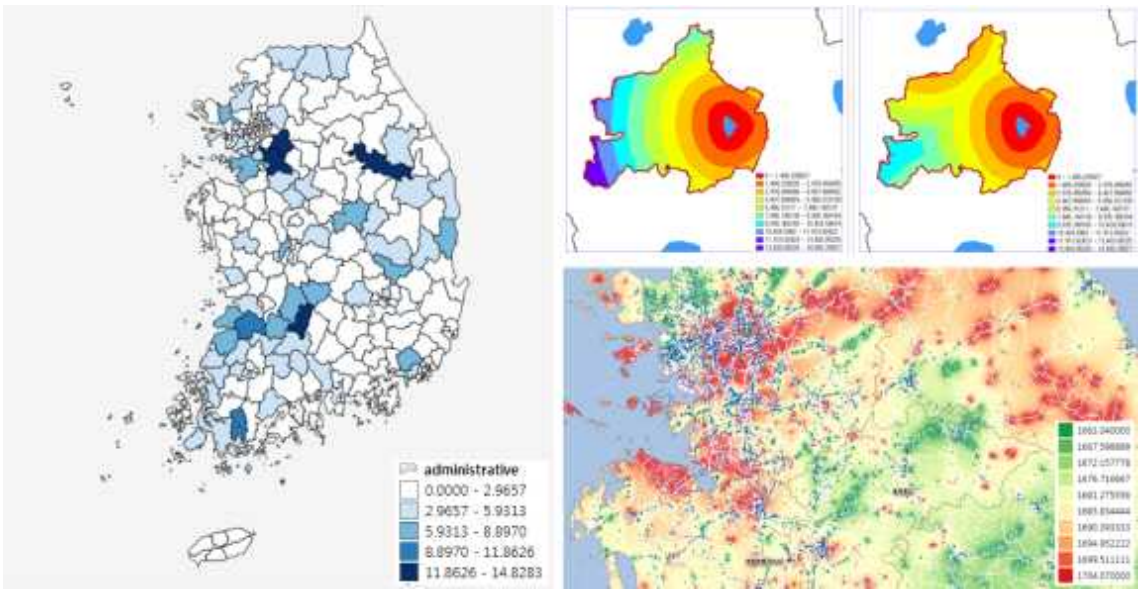

<이종 데이터 통합을 위한 용어통합 사전 관리시스템 예시>

### 2) 지리정보시스템 기반 질병전파 시뮬레이션 결과 시각화 시스템 구축

- GIS 기반 질병전파 시뮬레이션 결과 시각화 시스템 개발
- 전세계 질병발생 상황과 분석 데이터를 함께 시각화할 수 있도록 구현
- 국내(시군구, 읍면동 단위) 지리정보 기반 질병전파 결과를 시각화 할 수 있도록 구현
- 시뮬레이션 결과를 대응시나리오에 맞춰 표현할 수 있도록 다양한 공간기간 시각화 기법 구현

<지리정보시스템 기반 시뮬레이션 결과 시각화 예시>

- 인구밀도처럼 숫자필드의 값으로 급간을 구분하여 색상으로 시각화한 단계구분 구현

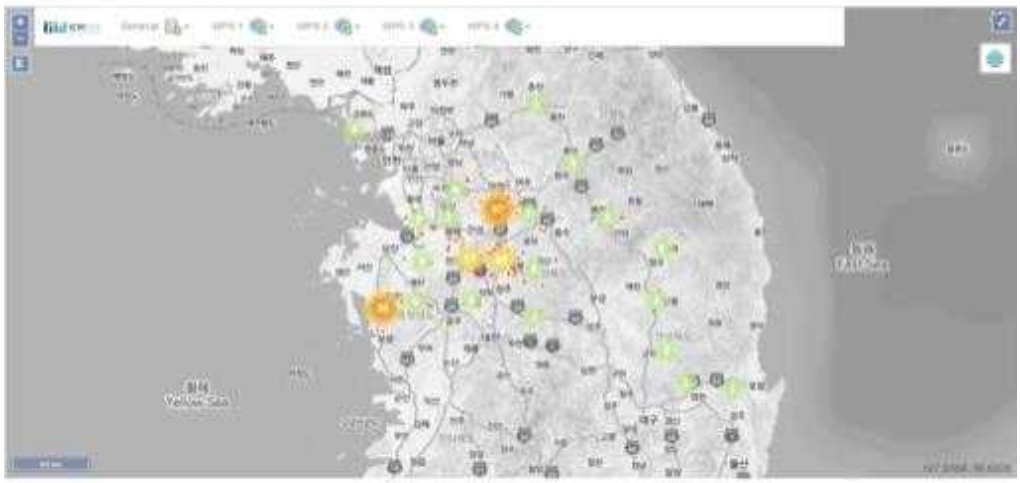



<지리정보시스템 기반 시뮬레이션 결과 시각화 예시2>

- 포인트 데이터의 밀도분석을 통한 시각화 구현

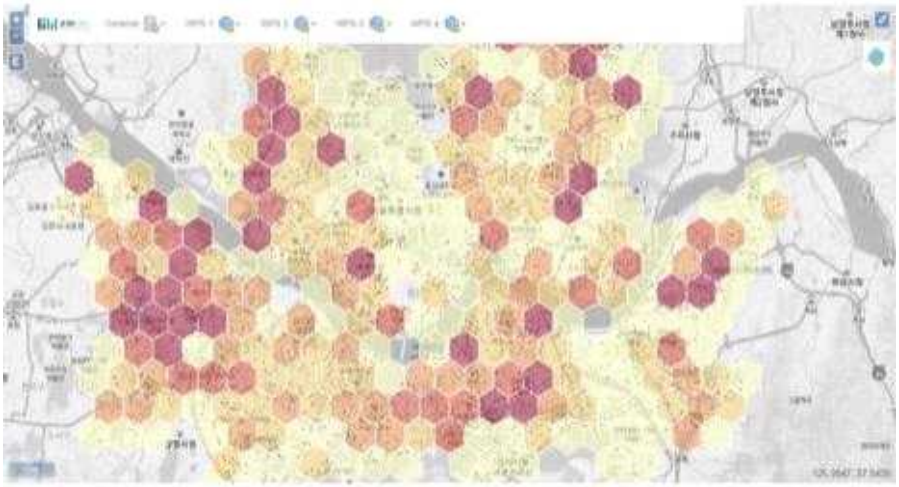
<지리정보시스템 기반 시뮬레이션 결과 시각화 예시3>

- 포인트의 군집도를 이용한 시각화 구현



<지리정보시스템 기반 시뮬레이션 결과 시각화 예시4>

- Hexagonal, Circular, Rectangular Binning 구현



<지리정보시스템 기반 시뮬레이션 결과 시각화 예시5>

- 포인트의 분포 패턴을 이용한 Wind Rose 시각화

<지리정보시스템 기반 시뮬레이션 결과 시각화 예시6>

### 3) 질병전파모형을 활용한 가축전염병 방역정책 의사결정 지원시스템 구축

- OLAP(온라인 분석 처리) 기반 다양한 질병전파모형을 활용한 가축전염병 방역청책 의사결정 지원시스템 개발
- 다양한 통계분석모델 분석을 민첩하게 수행하고 분석결과를 관리할 수 있는 클라우드 기반의 분석모델 및 환경관리 시스템 개발
- 사용자 접근권한 설정 및 데이터 관리 시스템 개발

<가축전염병 방역정책 의사결정 지원시스템 구성도>

## 3. 연구개발과제의 수행 결과 및 목표 달성 정도

### 1) 연구수행 결과

#### (1) 정성적 연구개발성과

#### 1) 재난형 가축전염병 질병전파 주요요인 모수 추정 및 시나리오 설계

#### 1-1) 아프리카돼지열병 전파모형

**시뮬레이션 상황 설정**

◦ 본 아프리카돼지열병 전파모형은 국내 서식 야생멧돼지 간 질병전파를 알아보고자 설계하였다. 2009년 환경부 발표에 따르면 국내 야생멧돼지 개체수는 약 370,000마리이고, 평균 밀도는 3.7마리/$km^2$로 나타났다. 그러나 2019년에 김 등이 발표한 연구에 따르면 야생멧돼지 밀도는 이보다 높은 수치인 5.4마리/$km^2$로 나타났다(H Kim et al., 2019). 본 연구에서는 아프리카돼지열병 초기 발생지역인 경기 및 강원지역의 경우 산악지형 비율이 타 지역에 비해 높은 점 등을 고려하여 해당 지역의 야생멧돼지 밀도는 약 8.2마리/$km^2$로 설정하였다.

◦ 본 아프리카돼지열병 전파모형은 격자기반(grid-based)으로 설계하여 우리나라 지형을 격자로 구분된 셀(cell)로 나눈 뒤 셀 간 야생멧돼지에 의한 질병전파를 시뮬레이션하였다. 공간단위인 셀은 크게 세 가지 형태 서식가능지역(habitable cell), 서식불가능지역(barrier cell), 접근가능지역(accessible cell)으로 구분하였다. 각 셀은 약 5$km^2$ 크기로 설정하였는데 이는 최 등이 제시한 야생멧돼지 home range 크기가 약 5.2$km^2$ 이기 때문이다. 이외에도 최 등이 실시한 연구에 따르면, 야생멧돼지 주요서식지(core habitat area) 비율은 그들의 home range 대비 약 23% 정도라고 알려져

있다. 따라서 본 연구에서는 셀이 25% 이상 산림으로 이루어져 있고, 25% 이하 도심지역 및 75% 이하 강 혹은 하천으로 구성되어 있으면 해당 셀은 야생멧돼지가 서식 가능하다고 가정하였다(서식가능지역). 만약, 한 셀이 25% 이상 도심지역으로 구성되어 있거나 75% 이상 강 혹은 하천으로 구성되어 있으면 해당 셀은 야생멧돼지 서식 불가능으로 구분하였다(서식불가능지역). 야생멧돼지 서식불가능지역일 경우 해당 셀을 통한 야생멧돼지 이동 또한 불가능하다고 가정하였다. 앞서 언급한 두 가지 형태 이외의 모든 셀은 야생멧돼지 접근가능지역으로 이러한 지역을 통해 야생멧돼지 이동은 가능하나 해당 셀 내에서 야생멧돼지 서식은 불가능한 것으로 가정하였다.

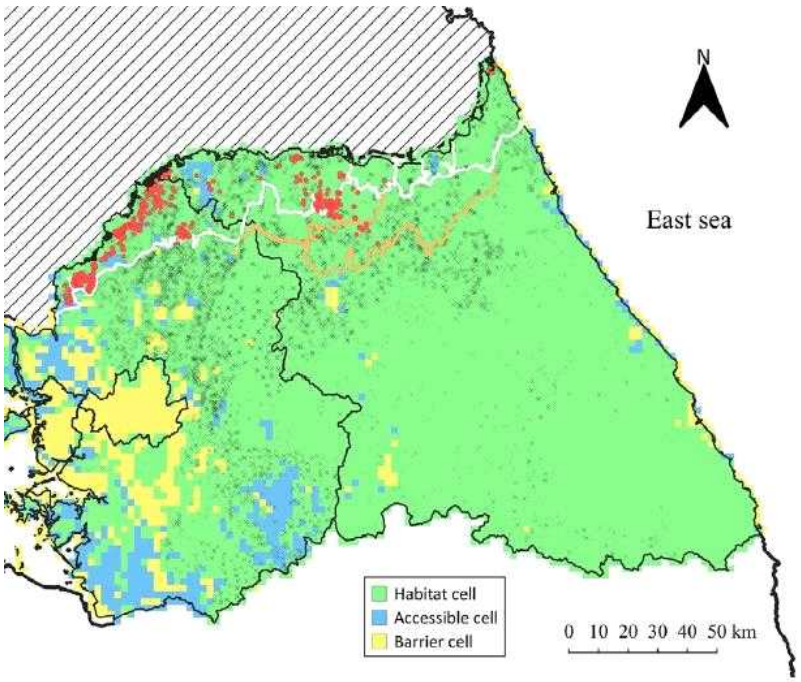



그림. 연구대상 지역 중 경기 및 강원지역 서식가능지역(habitat cell), 서식불가능지역(barrier cell), 접근가능지역(accessible cell) 예시

◦ 셀 간 야생멧돼지 이동은 암컷 새끼멧돼지가 16개월령이 지난 뒤 어느 시점에나 가능하다고 가정하였다. 야생멧돼지 그룹 분리는 암컷 야생멧돼지가 새로운 서식가능지역으로 이동하여 또 다른 그룹을 형성하는 것을 의미한다. 이 때 암컷 야생멧돼지는 자신이 속한 셀 주변에 존재하는 셀로 무작위로 이동할 수 있다고 가정하였다. 자신이 원래 속해있던 셀과 새로 이동하려는 셀 사이에 도로, 하천, 혹은 울타리가 존재할 경우 해당 셀로 이동할 가능성은 감소한다고 가정하였다. 또한 새로 이동하려는 셀 내에 기존 암컷 야생멧돼지가 존재하지 않을 경우 새로운 그룹을 형성할 수 있다고 가정하였다. 이러한 암컷 야생멧돼지 이동은 각 셀의 수용가능밀도(breeding capacity)를 고려하도록 설계하였다. 수컷 야생멧돼지 이동의 경우 각 셀의 야생멧돼지 밀도가 수용가능밀도를 초과하였을 때 이루어진다고 가정하였다.

**질병전파 모형**

◦ 2019년 10월부터 2020년 12월까지 PCR검사를 통해 아프리카돼지열병 감염이 확인된 개체 중 표본을 채취한 좌표가 있는 개체들을 바탕으로 모형을 설계하였다. 또한 아프리카돼지열병 확산 방지

를 위해 설치된 해당기간 설치된 울타리는 물론 도로(고속도로 및 지방도), 강 등과 같은 환경요인도 모형에 포함하였다.

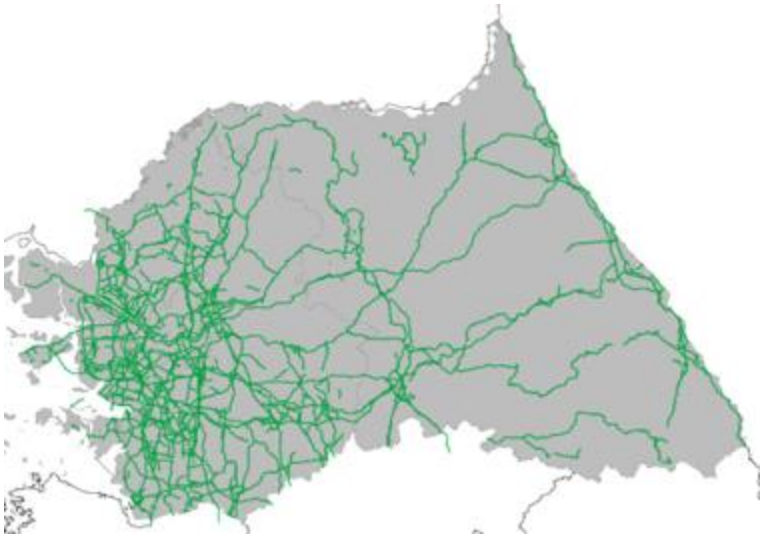


그림. 연구대상 지역 중 경기 및 강원지역 고속도로와 지방도 분포

그림. 연구대상 지역 중 경기 및 강원지역 강 분포

◦ 앞서 시뮬레이션 상황 설정에서 언급하였듯이, 본 아프리카돼지열병 질병전파모형의 전파공간은 셀이며, 각 셀은 야생멧돼지 서식가능지역, 서식불가능지역, 접근가능지역으로 구분하였다. 야생멧돼지 서식가능지역은 야생멧돼지 개체수변동(population dynamics)을 반영할 수 있도록 모형을 설계하였다. 야생멧돼지는 암컷어린개체(female piglet), 암컷신생개체(female yearling), 모돈(sow), 수컷어린개체(male piglet), 수컷신생개체(male yearling), 웅돈(male boar)로 구분하였다. 이러한 구분을 바탕으로 각 셀에서 매년 분만(breeding), 포유(farrowing), 이유(weaning) 그리고 이동(migration)

등의 사건이 주(week) 단위로 진행되도록 모형을 설계하였다. 번식기는 11월부터 다음 해 1월(45주차에서 다음 해 6주차)로 가정하였고(Jezek et al., 2011), 포유는 17주 동안 이루어진다고 설정하였다(Henry, 1968). 새로 태어난 개체(newborn piglet)는 8개월령이 되면 신생개체(yearling)가 된다고 설정하였다. 신생개체는 16개월령까지 어느 시점에서나 다른 셀로 이동이 가능하다고 가정하였으며, 이동형태는 암컷과 수컷이 각각 다르다고 가정하였다(시뮬레이션 상황 설정 참고). 각 셀은 수용가능한 야생멧돼지 개체수를 설정(수용가능밀도)하여 해당 수준에 다다르면 해당 셀내 야생멧돼지가 이동하여 다른 셀을 선택하도록 하였다. 야생멧돼지가 이동할 수 있는 최대거리는 암컷 신생개체의 경우 6km, 수컷 신생개체의 경우 50km로 가정하였다. 야생멧돼지가 이동하는 과정 중 울타리, 도로, 하천 등이 영향을 줄 수 있도록 모형을 설계하였다. 신생개체는 다른 셀로 이동하거나 혹은 20개월령이 되면 성체가 된다고 가정하였다. 야생멧돼지 새끼의 경우 약 60~65% 정도는 자연적으로 폐사하는 것으로 설정하였으며, 사냥 등에 의한 폐사도 모형에 반영하였다. 각 셀에서 이러한 야생멧돼지 개체수변동이 발생하는 과정에서 아프리카돼지열병에 감염된 개체가 존재할 경우 해당 개체에 의해 전파가 이루어지도록 설정하였다.

◦ 아프리카돼지열병 질병전파는 수학적 질병전파모형 중 SEIR모형(S: 감수성, E:노출, I:감염, R:회복 또는 제거)을 사용하였다. 모형에서 질병에 감염된 어미로부터 면역을 획득하는 모체이행항체개체 비율(약 1%) 및 자연감염 후 회복하는 개체 비율(1%)도 포함하였다. 모체이행항체는 12주 가량 지속된다고 가정하였으며, 자연감염 회복개체는 평생 면역력을 가진다고 가정하였다. 질병 잠재기 및 잠복기는 1주일로 설정하였고, 질병감염으로 인해 폐사한 사체로부터 감수성개체가 감염이 이루어질 수 있는 기간은 계절별로 상이하게 설계하였다. 아프리카돼지열병 감염 사체가 자연분해되는 정도는 온도 및 야생동물 접근 유무 등에 관련 있으며, 본 연구에서는 온도에 따른 분해정도를 질병전파모형에 반영하였다. 사체에 의한 감염력이 99% 이상 소멸하는 기간은 1년 내내 다양하게 설정될 수 있으며, 이를 Fischer 등이 제시한 온도함수를 이용하여 나타내면 다음과 같다.

$$\frac{-\ln(1-0.99)}{w_t},\ w_t = 25.5 \times cos(\pi \times \frac{t-2}{26}) + 26.5$$

이때, $w_t$는 $t$주차 평균기온에서 사체 감염력이 99% 이상 소멸하는데 걸리는 기간을 의미하며, $\pi$는 원주율 상수를 의미한다.

◦ 셀 간 아프리카돼지열병 전파는 국지적 전파(local transmission)나 감염 야생멧돼지의 이동에 의해 발생할 수 있다. 국지적 전파의 경우 감염된 개체나 사체에 의해 인접한 셀 내 감수성 개체에 전파를 일으키는 것을 의미한다. 이때 감염력(infectious pressure)은 셀 간 거리에 따라 달라지도록 설계하였다. 본 연구에서 인접한 셀은 두 셀 간 거리가 15km 이내일 경우로 설정하였는데 이는 예찰과정에서 양성개체로 판명된 개체들 간 거리를 조사한 결과 99% 이상 개체가 15km 이내서 발견되었기 때문이다.

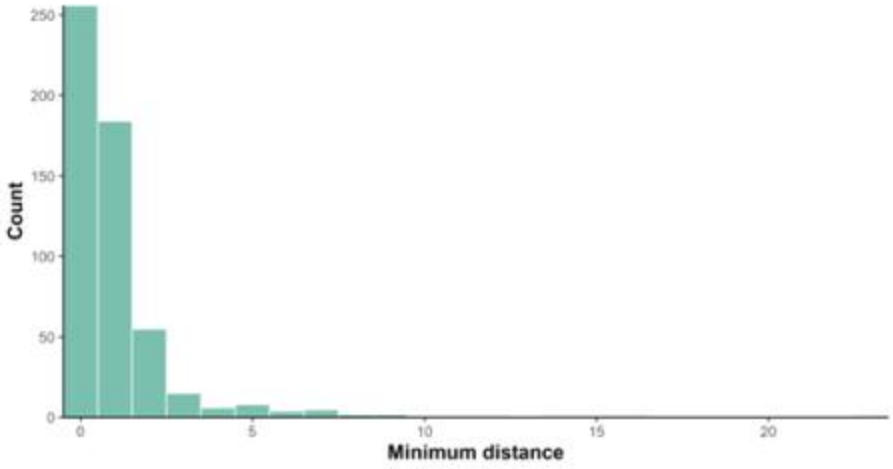



그림. 2019-2020년 아프리카돼지열병 예찰 결과 양성개체 발견지점 간 거리 분포

◦ 국지적 전파과정에서 셀 사이에 도로, 강, 하천 혹은 울타리 등이 존재할 경우 이러한 요인이 감염력에 영향을 준다고 가정하였다. 이러한 가정들을 바탕으로 셀 $i$에서 $t$번째 주에 아프리카돼지열병 질병전파가 이루어질 가능성은 다음과 같이 나타낼 수 있다.

$$P_i = 1 - e^{\lambda_i}$$

$$\lambda_i = \beta_{DI_i} + \beta_c C_i^I + \sum_{j \neq i}^{J} \delta_{ij} \nu_{ij} \phi_{ij} \pi (\beta_D I_j + \beta_C C_j^I) e^{-\alpha d_{ij}}$$

◦ 위 식에서 $\lambda$는 해당 셀이 아프리카돼지열병에 감염될 정도를 의미하고, $\beta_D$는 살아있는 아프리카돼지열병 감염개체에 의한 전파율, $\beta_C$는 아프리카돼지열병에 감염된 폐사체에 의한 전파율, $I_i$는 해당 셀 내 살아있는 야생멧돼지 개체수, $C_i$는 해당 셀 내 폐사체 수, $J$는 인접 셀 갯수, $d_{ij}$는 셀 $i$와 셀 $j$ 간 거리, $\delta_{ij}$는 도로에 의한 전파감소율, $\nu_{ij}$는 강 또는 하천에 의한 전파감소율, $\phi_{ij}$는 울타리에 의한 전파감소율을 의미한다. $\pi$는 각 서식가능지역 내 야생멧돼지 존재에 의한 전파감소율을 의미하고, $\alpha$의 경우 거리에 따른 감염력 감소를 나타낸다. 질병감염 폐사체에 의한 전파의 경우 신생개체가 해당 폐사체가 존재하는 셀로 이동했을 경우 질병전파가 발생할 수 있다고 가정하였으며, 해당 폐사체가 존재하는 셀을 단지 통과하기만 하는 경우는 전파가 발생하지 않는다고 설정하였다. 본 연구에서는 물렁진드기에 의한 야생멧돼지 간 질병전파는 고려하지 않았다.

◦ 본 아프리카돼지열병 전파모형에서 질병 전파에 영향을 줄 수 있는 요인은 질병에 감염된 살아있는 개체($\beta_D$), 사체($\beta_C$), 도로($\delta$), 강($\nu$), 울타리($\phi$) 등에 의한 전파감소율 및 서식가능지역 타 개체가 존재하여 해당 지역으로 감염개체가 이동하지 못해 발생하게 되는 전파감소율($\pi$), 거리에 따른 감염력 감소율($\alpha$) 등 총 일곱 가지이다. 아프리카돼지열병 질병전파 시뮬레이션 기간 동안 각 셀에서 멧돼지 생활사 및 사냥에 의한 개체수 감소 등이 독립적으로 시행된다고 가정하면 이는 이항분포로 다

음과 같이 나타낼 수 있다.

$$\binom{n}{k} p^k (1-p)^{n-k}$$

이 때, $n$, $k$는 아프리카돼지열병 예찰을 통한 총 표본수($n$)와 양성개체수($k$)이며, $p$는 본 모형에서 추정한 유병률이 된다. 이러한 이항분포 가정을 바탕으로 각 모수(요인)에 대한 값은 베이지안 기법을 사용하여 다음과 같이 추정하였다.

$$\prod_{t=1}^{T} \prod_{m=1}^{M} \prod_{h=1}^{2} \binom{n_h}{k_h} p_h^{k_h} q_h^{n_h - k_h}, \text{ if } n_h > 0$$

◦ 위 식에서 $h$는 야생멧돼지의 상태(살아있는 경우 1, 폐사체 2)를 의미하고 $p$는 $t$주차에 $m$셀에서 야생멧돼지의 상태에 따른 아프리카돼지열병 유병률 추정치이고, $k$는 예찰을 통해 $m$셀에서 보고된 아프리카돼지열병 검사양성개체수를 의미하며, $n$은 $m$셀에서 $t$주차에 검사한 모든 야생멧돼지 표본수를 의미한다. 베이지안 기법은 Markov Chain Monte Carlo 중 Metropolis-Hastings sampler 알고리즘을 이용하여 모수를 추정하였다. 사전분포에 대한 정보가 부족할 경우 균일분포(uniform distribution)를 이용하였다. 예를 들어, 질병에 감염된 살아있는 개체($\beta_D$) 모수값 추정과정은 다음과 같다. $t$시점의 $\beta_D$ 값은 1주일 전($t-1$) 값에 의해 영향을 받으므로 다음과 같다.

$$\beta_D^t \sim LogN(\beta_D^{t-1}, \sigma^2)$$

이 때, $LogN$은 로그정규분포를 의미하며 $\sigma$는 2로 설정하였다. 이를 기반으로 $t$주차에서 $\beta_D$가 새로운 값을 가지기 위한 조건은 다음과 같다

$$r = \min(1, \frac{L(x|\beta_D^t, \beta_c^{t-1}, \alpha^{t-1}, \pi^{t-1}, \delta^{t-1}, \nu^{t-1}, \phi^{t-1})}{L(x|\beta_D^{t-1}, \beta_c^{t-1}, \alpha^{t-1}, \pi^{t-1}, \delta^{t-1}, \nu^{t-1}, \phi^{t-1})} \div \frac{J(\beta_D^t|\beta_D^{t-1})}{J(\beta_D^{t-1}|\beta_D^{t-1})}$$

여기서 $L(x|)$는 아프리카돼지열병 예찰결과($x$)에 대한 모델 우도(likelihood)이며, $J(a|b)$는 평균 $b$와 표준편차 $\sigma$인 로그정규분포일 때 상대 우도 $a$를 의미한다.

◦ 위 계산과정을 거쳐 $r$값을 기준으로 $\beta_D^t$값을 생성하고 만약 $r$값에 변화가 없을 경우 $\beta_D^t = \beta_D^{t-1}$이라고 설정하였다. 동일한 과정을 전파모형 내 다른 요인인 사체($\beta_C$), 도로($\delta$), 강($\nu$), 울타리($\phi$) 등에 의한 전파감소율 및 서식가능지역 타 개체가 존재하여 해당 지역으로 감염개체가 이동하지 못해 발생하게 되는 전파감소율($\pi$), 거리에 따른 감염력 감소율($\alpha$)에 대해서도 적용하여 시뮬레이션을 수행하였다.

◦ 앞서 살펴본 계산식을 이용하여 아프리카돼지열병 전파모형 모수추정치는 다음과 같으며, 통계소프트웨어 R(버전 4.0.2. R Development Core Team, Vienna, Austria)을 이용하여 질병전파 시뮬레이션을 실시하였다.

표. 아프리카돼지열병 전파모형 구축을 위한 모수 추정 결과

| Parameter definitions | Median (95% credible interval) |
|---|---|
| Transmission rates for infectious live wild boars ($\beta_D$) | 0.069 (0.000, 0.730) |
| Transmission rates for infectious wild boar carcasses ($\beta_C$) | 0.004 (0.000, 0.530) |
| Reduction of transmission rates due to roads ($\delta$) | 0.056 (0.002, 0.684) |
| Reduction of transmission rates due to rivers ($\nu$) | 0.282 (0.011, 0.915) |
| Reduction of transmission rates due to fence-lines ($\phi$) | 0.248 (0.012, 0.863) |
| Reduction of transmission rates due to different habitats ($\pi$) | 0.263 (0.042, 0.794) |
| Distance-based decay rate of infectious pressure ($\alpha$) | 0.740 (0.245, 1.291) |

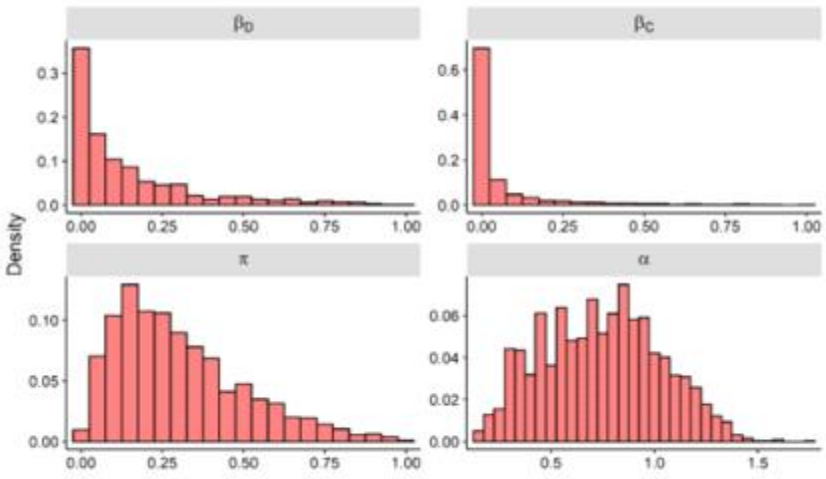



그림. 아프리카돼지열병 전파모형 구축을 위한 모수 추정 결과($\beta_D$: 아프리카돼지열병 감염 살아있는 개체, $\beta_C$: 아프리카돼지열병 감염 사체, $\pi$: 서식가능지역 타 개체가 존재하여 해당 지역으로 감염개체가 이동하지 못해 발생하게 되는 전파감소율, $\alpha$: 거리에 따른 감염력 감소율)

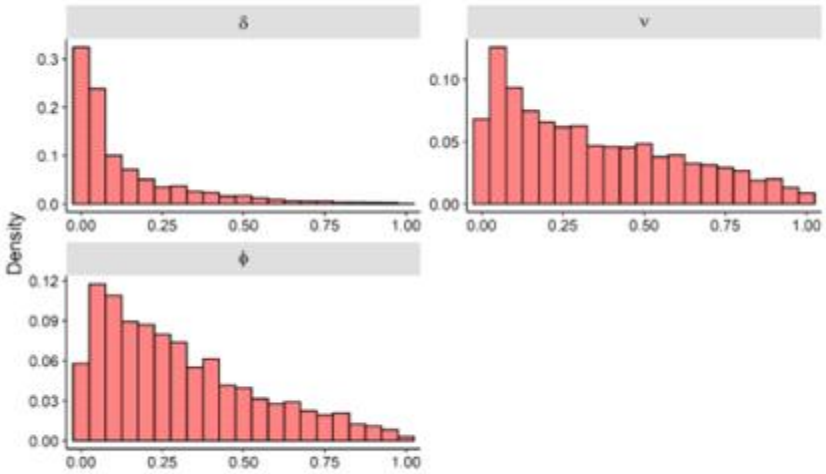



그림. 아프리카돼지열병 전파모형 구축을 위한 모수 추정 결과($\delta$: 도로, $\nu$: 강, $\phi$: 울타리)

## 1-2) FMD 전파모형

### 시뮬레이션 상황 설정

◦ 본 구제역 전파모형은 국내 우제류 농가에서 구제역이 전파되는 것을 시뮬레이션하기 위해 개발되었다. 즉, 국내 소, 돼지 농가들 사이에서 구제역이 전파되는 양상을 알아보고 이를 통제하기 위한 다양한 기법들의 효율을 살펴보고자 모형을 설계하였다. 모형의 설계를 위해 국내 우제류 농가들의 목록, 축종, 두수, 그리고 그 위치 정보를 카히스 데이터를 통해 취득하였으며, 해당 모델에서는 사육규모가 5두 이상인 소 농가 11만 2831호와 20마리 이상인 돼지농가 1만 1423호, 총 12만 4254호로 제한되었다.

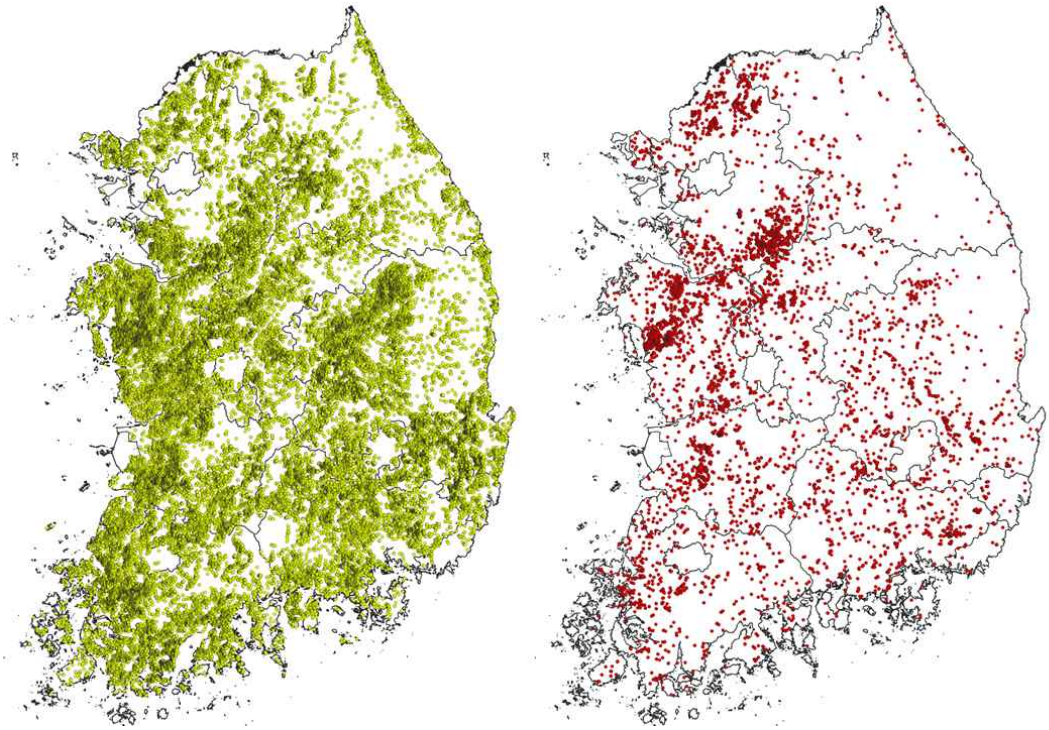


그림. 구제역 전파모형에서 시뮬레이션 된 소 (왼쪽 노랑색 점) 농가와 돼지 (오른쪽 빨강색 점) 농가의 위치.

◦ 본 구제역 전파모형은 농장수준에서의 감염을 시뮬레이션하였다. 다시 말해, 모형 안에서 농장 내 동물들 사이에서 구제역의 전파는 고려하지 않고, 질병이 발생한 농가로부터 다른 농가로의 전파만을 고려하였다. 모형 내에서 농장 간 구제역의 전파는 직, 간접적으로 일어난다고 설정하였는데, 여기서 직접전파란 감염농가로부터 감염축의 이동으로 인한 구제역 바이러스의 전파를 의미하고, 간접전파는 감염농가로부터 인근 농가로의 공기로 인한 전파와 사람/차량 등을 통한 국지적 전파를 각각 의미한다.

**질병전파 모형**

◦ 농장 간 구제역 전파는 수학적 질병전파모형 중 SEIR모형(S: 감수성, E:노출, I:감염, R:회복 또는 제거)을 사용하였다. 모형에서 S 단계에 있는, 즉 구제역에 감수성이 있는 농가가 구제역에 바이러스에 노출되면 질병상태가 E 단계로 전환되었다. 바이러스에 노출되어 E 단계로 전환된 농장은 잠재기 이후 I 단계로 전환되고, 이때부터 감염성을 띄어 다른 농가에 구제역 전파가 가능하다고 설정되었다. 잠재기는 정규분포를 따르되 축종에 따라 다르다고 설정하였다 (소 농가: 평균 및 표준편차가 각각 3.7일과 0.8일, 돼지 농가: 평균 및 표준편차가 각각 6.0일과 0.9일). 감염성을 띄는 기간, 혹은 감염된 농가가 I 상태에 머무르는 기간인 감염기 역시 축종별로 다른 정규분포를 갖는다고 가정하였다 (소 농가: 평균 및 표준편차가 각각 2.6일과 1.1일, 돼지 농가: 평균 및 표준편차가 각각 4.3일과 1.9일). 감염기가 지나면, 당국으로부터 발생농가로 인식이 되어 전두수 살처분이 진행되고, 이로인해 감염성을 잃게 된다고 가정하였다.

◦ 농장 간 구제역 직접전파는 감염농가로부터 다른 농가로 가축이동이 일어나 질병이 전염되는 것을

모형화 한 것이다. 감염농가로부터 가축이 이동한 농가는 구제역이 반드시 전파된다고 모형에서 가정하였다. 한 농가로부터 다른 농가로 가축이 이동하는 빈도는 푸아송 분포를 따른다고 설정하였으며, 그 빈도는 소농가와 돼지농가의 경우 일평균 각각 0.1회와 0.25회라 가정하였다.

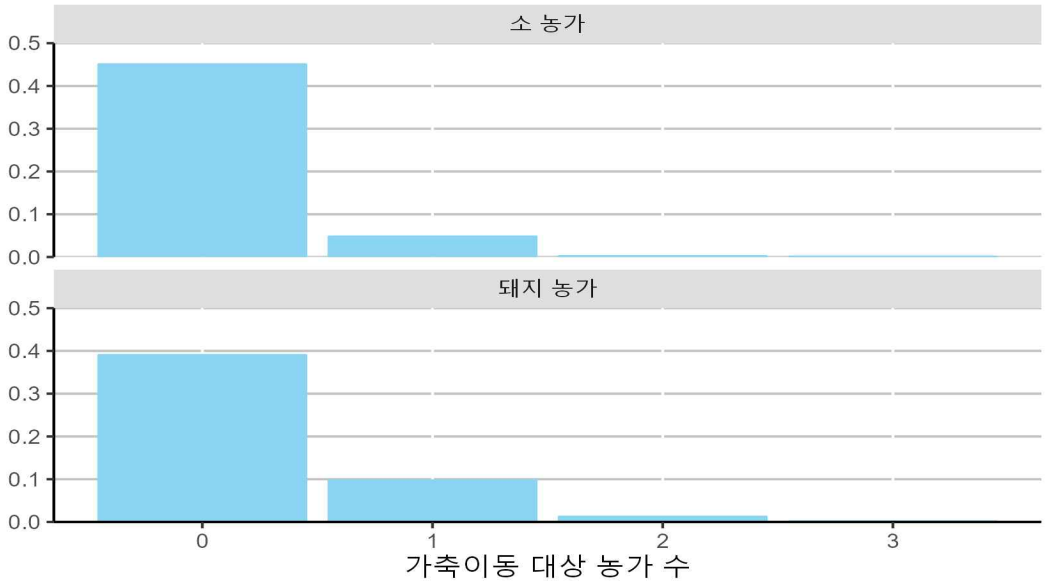



그림. 구제역 모형에서 한 농가로부터 다른 농가로 가축이동이 일어나는 일별 빈도를 모식화한 그림. 그림에 따르면 (축종에 관계없이) 약 40%의 경우에서 가축의 이동이 발생하지 않는다. 바꿔 말하면, 한 농가 기준 일년 중 약 150여일은 다른 농가로 가축을 보내지 않는다는 뜻이다.

◦ 한 농가의 가축이동 대상농가의 수는 매일 위 그림의 분포에 따라 정해졌으며, 그 수가 정해진 이후 가축이 이동하게 되는 대상농가는 그 농가로부터의 거리를 고려하여 확률적으로 선정하였다. 표에 따르면, 가축의 이동은 5~10km 떨어진 농가들 사이에 가장 빈번하게 이루어진다고 가정되었고, 30km 이상 떨어진 농가와는 가축의 이동이 없다고 설정하였다. 거리에 따른 대상농가 선정 확률은 축종에 관계없이 동일하다고 가정하였으나, 대상농가의 선정은 동일 축종 농가만이 가능하도록 설정되었다.

표. 구제역 전파모형에서 가정된 거리에 따른 가축이동 대상농가 선정 확률(확률은 축종에 상관없이 동일하다고 가정)

| 거리 | 가축이동 대상 농가로 선정될 확률 |
|---|---|
| 5km 이내 | 30% |
| 5~10km | 55% |
| 10~15km | 10% |
| 15~30km | 5% |
| 30km 이상 | 0% |

◦ 모형에서 농장 간 구제역 간접전파는 바이러스가 감염농가로부터 공기를 통하거나 (공기 전파), 사람/차량 등을 통해 (국지 전파) 최대 10km까지 일어난다고 설정되었다. 간접전파는 감염농가로부터

의 거리에 따라 확률적으로 발생한다고 가정하였는데, 공기 전파의 경우 거리가 멀어질수록 그 확률이 줄어든다고 가정한 반면 국지적 전파의 경우 1~3km 이내에 위치한 농가에서 전파확률이 가장 높다고 가정하였다, 간접전파 확률 중 공기 전파만이 축종에 따라 다르다고 가정하였으며, 그 확률 값은 다음 표에 나타나있다.

표. 구제역 전파모형에서 가정된 거리에 따른 간접전파 확률(국지적 전파의 경우 확률은 축종에 상관없이 동일하다고 가정)

| 거리 | 공기 전파 확률 (소) | 공기 전파 확률 (돼지) | 국지 전파 확률 |
|---|---|---|---|
| 1km 이내 | 0.0004% / 일 | 0.002% / 일 | 1% / 일 |
| 1~3km | 0.00008% / 일 | 0.0004% / 일 | 5% / 일 |
| 3~5km | 0.00004% / 일 | 0.0002% / 일 | 2% / 일 |
| 5~10km | 0.00001% / 일 | 0.0005% / 일 | 1% / 일 |
| 10km 이상 | 0% / 일 | 0% / 일 | 0% / 일 |

**질병통제**

◦ 농장 간 구제역 전파를 통제하기 위해 네 가지의 통제기법이 적용가능하도록 모형이 설계되었다. 이는, (1) 백신접종, (2) 능동예찰, (3) 예방적살처분, (4) 이동제한 으로, 사용자의 요구에 따라 관련 변수를 조정할 수 있도록 모델이 설계되었다. 사용자가 조정 가능한 통제기법별 관련 변수들은 다음 표에 나타나있다.

표. 구제역 모형에서 통제기법별 조정 가능한 관련 변수들

| 통제기법 | 조정가능 변수 |
|---|---|
| 백신접종 | • 전두수 백신접종 유무<br>• 백신 효능 |
| 능동예찰 | • 능동예찰 수행 유무<br>• 수동 및 능동예찰의 민감도<br>• 능동예찰 수행 기간 |
| 예방적살처분 | • 예방적살처분 수행 유무<br>• 예방적살처분 반경<br>• 예방적 살처분 지체기간<br>• 일별 예방적살처분 가능 총 농가 수 |
| 이동제한 | • 이동제한 수행 유무<br>• 이동제한 반경 |

◦ 백신접종의 경우 이미 국내 우제류 전체를 대상으로 한 구제역 백신 접종이 진행되고 있으므로, 다양한 변수를 고려하지 않았다. 다만, 백신의 효능을 사용자가 조절할 수 있어, 그 정도에 따라 구제역의 전파정도를 살펴볼 수 있도록 모델을 설계하였다. 모형에서는, 백신의 효능만큼 농가들이 구제역에 감염되는 확률이 줄어든다고 가정하였다. 예를 들어 백신 효능이 80%라고 가정한다면, 감염농가로부터 감염축이 이동한 경우 감염확률이 백신 전에는 100%이지만 백신 후에는 20%로 줄어든다고 설정하였다.

◦ 모형에서 예찰이라함은, 감염기에 있는 농가에서 구제역 감염이 확인되어 질병상태가 R 단계로 전환되는 것으로, 감염의 확인은 예찰 민감도에 따라 확률적으로 발생하도록 설정하였다. 여기서 예찰

민감도는 감염기에 있는 농가에서 매일 구제역 감염이 확인될 확률을 의미한다. 모형에서 능동예찰의 수행이 설정된 경우, 수동예찰을 통해 구제역 감염농가가 최초 확인되면 일정 기간동안 (혹은 능동예찰 수행 기간동안) 전 농가를 대상으로 능동예찰이 수행된다고 가정하였다.

◦ 모형에서 예방적살처분의 수행이 설정된 경우, 예찰을 통해 확인된 농가로부터 특정거리 내에 있는 농가들의 질병상태가 R 단계로 전환되었다. 이때, 확인된 시점으로부터 살처분이 수행될 때까지 지체기간과 하루에 수행할 수 있는 살처분 농가 수를 사용자가 설정할 수 있도록 모형이 설계되었다.

◦ 모형에서 이동제한의 수행이 설정된 경우, 감염농가 및 그로부터 일정 거리(이동제한 반경) 안에 있는 농가들은 가축의 유입이나 유출이 일정 기간(이동제한 기간) 동안 금지된다고 설정하였다.

**시뮬레이션 방법**

◦ 본 전파모형은 R 프로그램을 통해서 수행할 수 있도록 설계되었다. 본 예시는, 위 전파모형을 통해 국내에서 구제역의 예방적 살처분이 수행되는 경우와 수행되지 않는 경우 구제역으로 인해 영향을 받게 되는 농가 수를 비교하기 위함이다. 위 예시를 수행함에 앞서, 사용자의 컴퓨터에 R 프로그램과 R studio, 그리고 본 모형을 포함하고 있는 FMDsimSK 패키지가 설치되어있다고 가정한다.

◦ 우선 R Studio 프로그램에서 FMDsimSK 패키지를 로드한 뒤, 모형 구동을 위한 매개변수 설정값들을 입력한다. 본 예시에서는, 구제역 백신의 효율은 90%, 전국 능동예찰 기간은 3일, 수동 및 능동 예찰의 효율은 각각 50%와 95%라고 설정한다 (아래 그림).

```
FMDsimSK::control_vac(0.9)
FMDsimSK::control_surv(3, 0.5, 0.95)
```

◦ 예방적 살처분의 경우 특정 농가에서 감염이 확인된 지 3일 뒤에 그 농가로부터 반경 1km 이내에 있는 다른 우제류 농가를 대상으로 수행된다고 가정한다. 예방적 살처분은 하루 전국 최대 100농가까지 가능하다고 설정한다. 또한 이동제한의 경우, 감염이 확인된 농가로부터 반경 10km 이내의 농가에서 가축의 유입이나 유출이 없다고 설정한다 (아래 그림).

```
FMDsimSK::control_precull(1, 1.0, 3, 100)
FMDsimSK::control_movresl(1, 10.0)
```

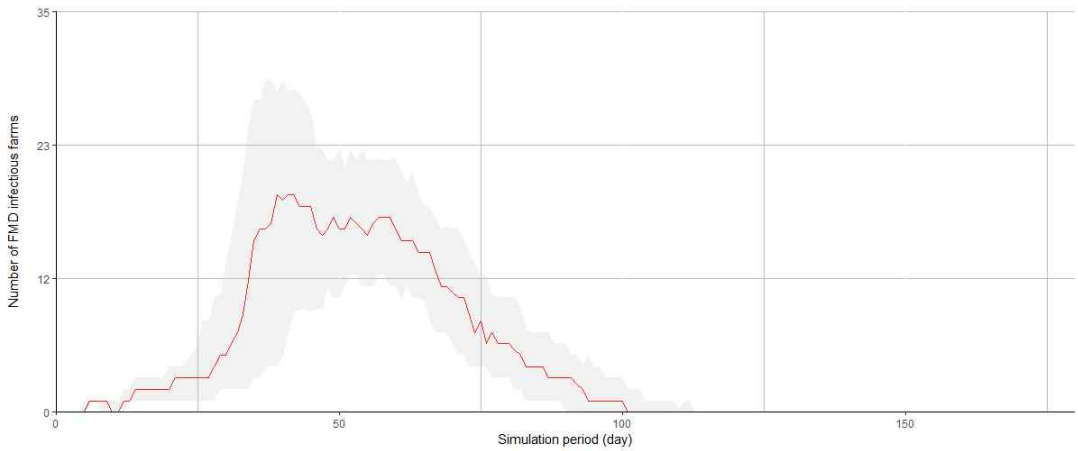
◦ 구제역 바이러스가 초기 유입될 위치도 설정한다. EPSG 5179 상 X축 904485, Y축 1959620인 곳에서 가장 가까운 농가에 바이러스가 최초로 유입된다고 가정한다.

```
FMDsimSK::FMD_introl(904485, 1959620)
```

◦ 마지막으로 모형을 반복 수행할 횟수와 모형 수행을 위해 사용할 컴퓨터의 CPU 코어 수, 그리고 시뮬레이션 기간을 설정한다. 편의상 모델은 200회를 반복하고, 이를 위해 2개의 코어를 사용하며 시뮬레이션은 구제역 바이러스 최초 유입으로부터 180일간을 수행한다고 설정한다. 이러한 설정으로 모델을 수행하면 아래의 그림과 같은 결과를 얻을 수 있다.

```
res1 <- FMDsimSK::FMD_simulationI(200, 2, 180)
Result_FMD(res1)

The median (interquartile range) epidemic period of FMD is 102 (90~113) days.
The median (interquartile range) of 841 (822~892) farms were pre-emptively culled.
The median (interquartile range) of 2026 (1911~2189) farms were restriced from animal movements.
```

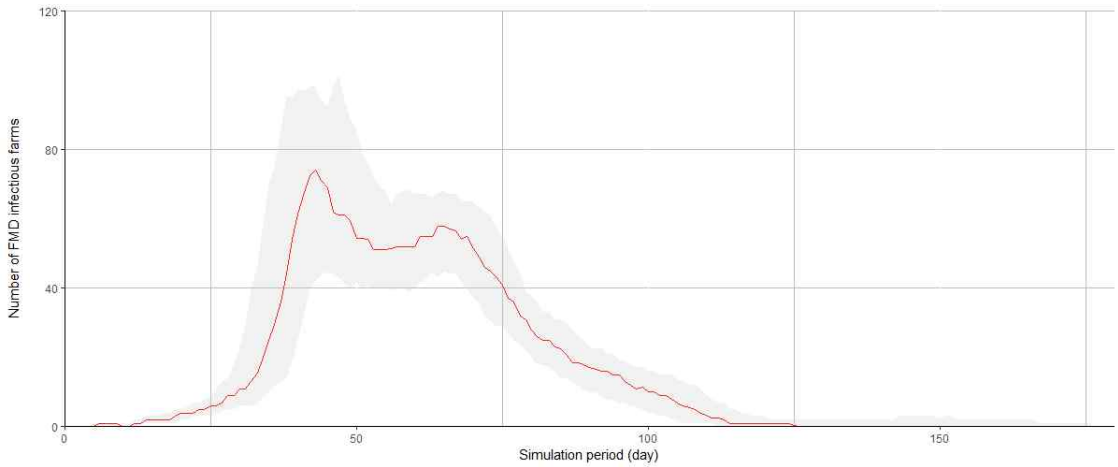
◦ 위와 같은 설정을 통한 모델 결과에 따르면, 구제역 발생기간은 평균 102일 정도 지속되고, 총 841개의 농가에서 예방적 살처분이 진행되며 약 2천여 곳 이상의 농장이 이동제한의 영향을 받게 된다고 한다. 시뮬레이션 기간 중 구제역이 발생하는 농가 수의 변화는 아래의 그림과 같다.




◦ 두 번째 예시에서는 앞의 설정과 동일하되 단지 예방적 살처분만 수행하지 않는다고 가정한다. 두 번째 모델을 수행하기 위해 설정값을 재입력하여 모델을 구현하면 그 결과가 아래의 그림과 같이 나타난다.

```
FMDsimSK::control_precull(0, 0, 0, 0)
res2 <- FMDsimSK::FMD_simulationl(200, 2, 180)
Result_FMD(res2)

The median (interquartile range) epidemic period of FMD is 129 (114~178) days.
The median (interquartile range) of 0 (0~0) farms were pre-emptively culled.
The median (interquartile range) of 5242 (5029~5858) farms were restriced from animal movements.
```

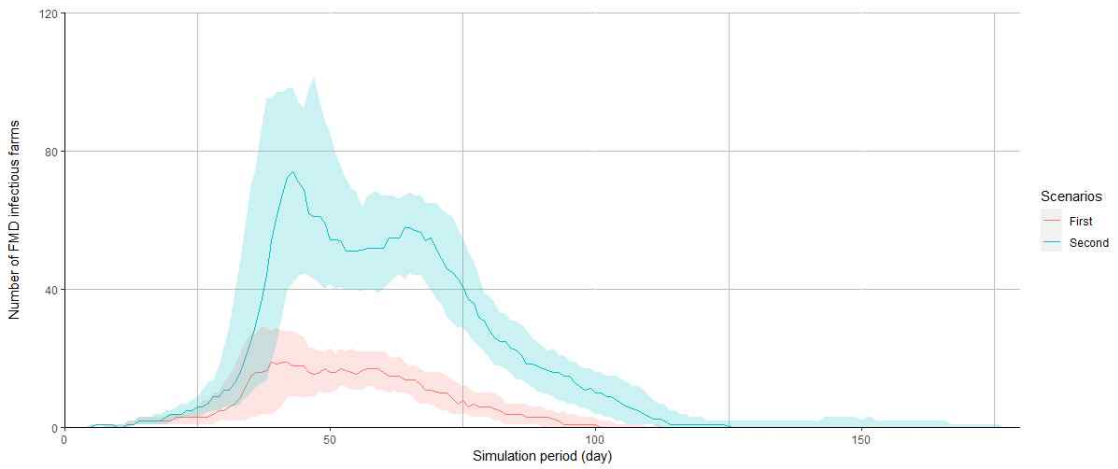
◦ 두 번째 예시의 결과에 따르면, 구제역 발생기간은 평균 129일 정도 지속되고, 총 5,242곳의 농장이 이동제한의 영향을 받게 된다고 한다. 시뮬레이션 기간 중 구제역이 발생하는 농가 수의 변화는 아래의 그림과 같다.




◦ 두 상황의 결과를 비교하고자 할 때는, 아래와 같은 명령어를 수행한다.

```
FMDsimSK::Result_comparel(res1, res2)

The median epidemic period of FMD in the first and second scenario is
102 days and 129 days, respectively.
On average, the epidemic period of the first scenario is 79.1 % of the second
scenario.
The difference is statistically significant with the p value of < 0.0001 (Student's
T-test).

The median number of farms pre-emptively culled in the first and second scenario
is 841 days and 0, respectively.
On average, the number of pre-emptively culled farms of the second scenario is 0
% of the first scenario.
The difference is statistically significant with the p value of < 0.0001 (Student's
T-test).

The median number of movement restricted farms in the first and second scenario
is 2026 days and 5242, respectively.
On average, the number of movement restricted farms of the first scenario is 38.6
% of the second scenario.
The difference is statistically significant with the p value of < 0.0001 (Student's
T-test).
```

◦ 두 결과를 비교해본 결과, 예방적 살처분이 적용된 경우와 그렇지 않은 경우 구제역 발생기간과 이동제한에 영향을 받는 농가 수가 통계적으로 유의미한 차이을 보인다는 것을 알 수 있다. 같은 기간 동안 구제역이 발생한 농가 수를 비교하면 아래의 그림과 같다. 그림에서 초록색은 예방적 살처분이 적용되지 않은 경우, 붉은색은 적용된 경우로, 유관으로 비교하여도 확실히 예방적 살처분이 구제역 발생농가 수를 줄이는 데에 큰 역할을 한다는 것을 알 수 있다.



### 1-3) HPAI 전파모형

#### 시뮬레이션 상황 설정

◦ 본 HPAI 전파모형은 국내 가금 농가에서 고병원성 조류독감(이하 HPAI)이 전파되는 상황을 시뮬레이션하기 위해 개발되었다. 특히, 2020년 11월부터 2021년 4월 사이 전국 48개의 시, 군 소재 110여 곳의 가금 농가에서 보고되었던 HPAI 발생 상황을 시뮬레이션하도록 모형을 설계하였다. 모형의 설계를 위해 국내 가금 농가들의 목록, 사육 규모, 그리고 위치 정보를 카히스 데이터를 통해 취득하였으며, 해당 모델에서는 사육규모가 300수 이상인 가금농가 9천 467호로 그 대상을 제한하였다.

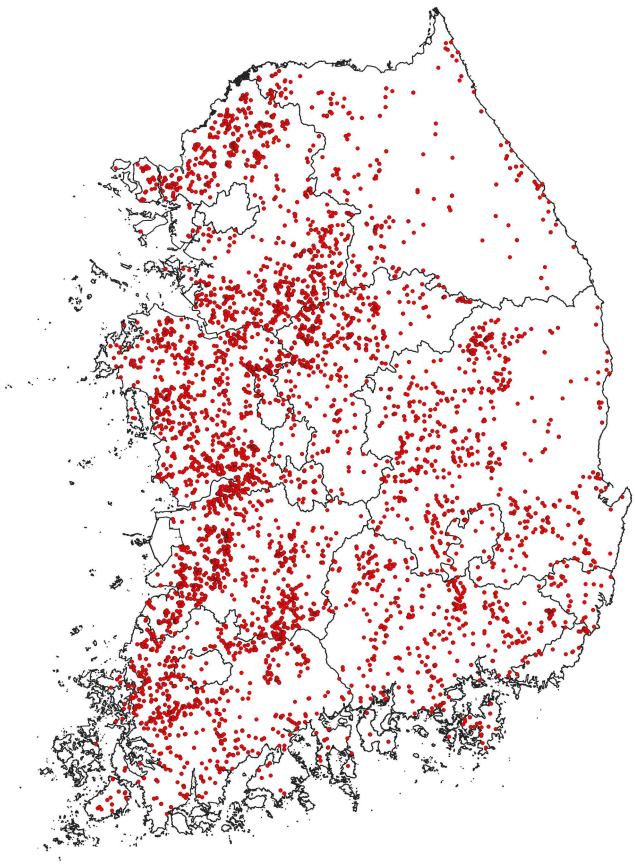


그림. HPAI 전파모형에서 고려된 약 9천 500여호의 가금 농가들 위치(붉은점)

◦ 과거 국내에서 HPAI가 발생했던 양상을 살펴보면, 그 발생 시기와 장소가 겨울 철새가 머무르는 시기 및 장소와 매우 높은 유사성을 보였다. 이는, 국내 가금 농가에서 HPAI 발생이 (1) 감염성을 띄는 철새로부터 배출된 바이러스가 사람/기구 등을 통해 농가 내로 유입되는 형태를 통해 가장 빈번히 일어나고, (2) 감염된 농가로부터 다른 농가로의 이차전파가 발생 일부를 설명한다는 것을 암시한다. 따라서, 본 HPAI 전파모형은 (1) 철새 유래 감염, (2) 감염농가로부터 차량의 이동으로 인한 전파, 그리고 (3) 인근 감염농가로부터 사람/공기 등을 통한 국지적 전파를 통해 가금 농가들에서 HPAI가 발생한다고 가정하였다. 본 모형은 농장수준에서의 감염을 시뮬레이션하며, 농장 내 동물들

사이의 질병 전파는 고려하지 않았다.

◦ 본 전파모형에서 철새 유래 감염을 구현하기 위하여, 우리나라 지역 일부를 총 일곱 개의 철새 도래지 권역으로 나누었다. 이러한 권역화는 2014년 수집된 국내 철새 추적 데이터를 Kernel density를 통해 분석하여 도출되었다.

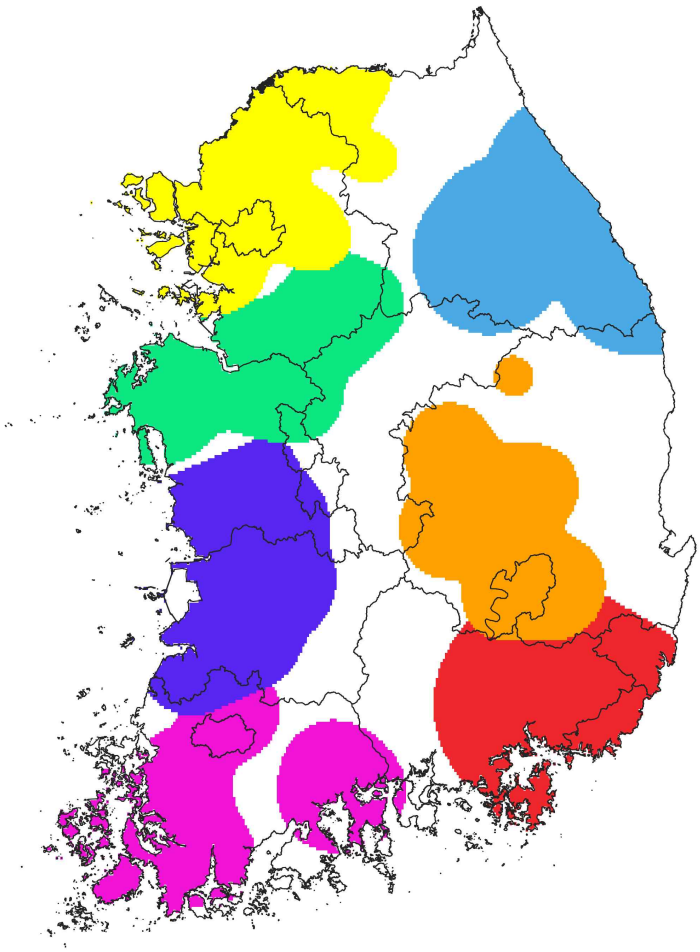


그림. HPAI 전파모형에서 고려된 철새 도래 권역. 지역에 따라 경기북부권 (노랑), 경기남부 및 충청권 (초록), 전북권 (진한파랑), 전남권 (보라), 강원권 (옅은 파랑), 경북권 (오렌지), 경남권 (빨강) 총 일곱 개의 권역으로 나눌 수 있다.

**질병전파 모형**

◦ 본 모형에서 가금 농가들은 감염단계에 따라 S(질병 감수성), E(노출), I(감염), R(회복 또는 제거) 단계로 구분되었다. S단계에 있는, 즉 HPAI에 아직 감수성이 있는 농가가 HPAI 바이러스에 노출되면 질병상태가 E단계로 전환되었다. 바이러스에 노출되어 E단계로 전환된 농장은 잠재기 이후 I단계

로 전환되고, 이때부터 감염성을 띄어 다른 농가에 HPAI 전파가 가능하다고 설정되었다. 잠재기와 감염기는 고정된 값으로 각각 15일과 6일이라고 가정하였다. 감염기가 지나면, 당국으로부터 발생농가로 인식이 되어 전두수 살처분이 진행되고, 이로 인해 감염성을 잃게 된다고 가정하였다.

◦ 본 HPAI 전파모형에서 철새 유래 감염은 가금 농가의 위치가 철새 권역 내에 존재하는 경우 시뮬레이션 기간동안 (질병 감수성을 유지하는 한) 언제든 가능하도록 설정하였다. 겨울 철새의 유입 정도가 온도가 추워지면서 높아지고 봄이와 따뜻해지면서 낮아진다는 점을 감안하여, 철새 유입으로 인한 HPAI 감염 가능성은 시기에 따라 최대 0.6% / 일까지 높아진다고 가정하였다 (그림 3). 참고로 아래 그림의 확률분포는, 2020년/2021년 전국에서 발생한 약 110건의 HPAI를 시기적 유사하게 모형화하기 위해 가정된 값으로, 전파모형에서 전체 일곱 개의 철새 권역에 HPAI에 감염된 철새가 유입된다고 설정한 경우 2020년/2021년과 유사한 HPAI 발생 곡선을 모형을 통해 얻을 수 있다. 모형에서는 (1) 시뮬레이션의 시작 첫날이 철새가 유입되기 시작하는 11월 1일이고, (2) 그날로부터 120일간에 걸쳐 철새가 국내에 여러 권역에서 겨울을 난다고 설정되었다.

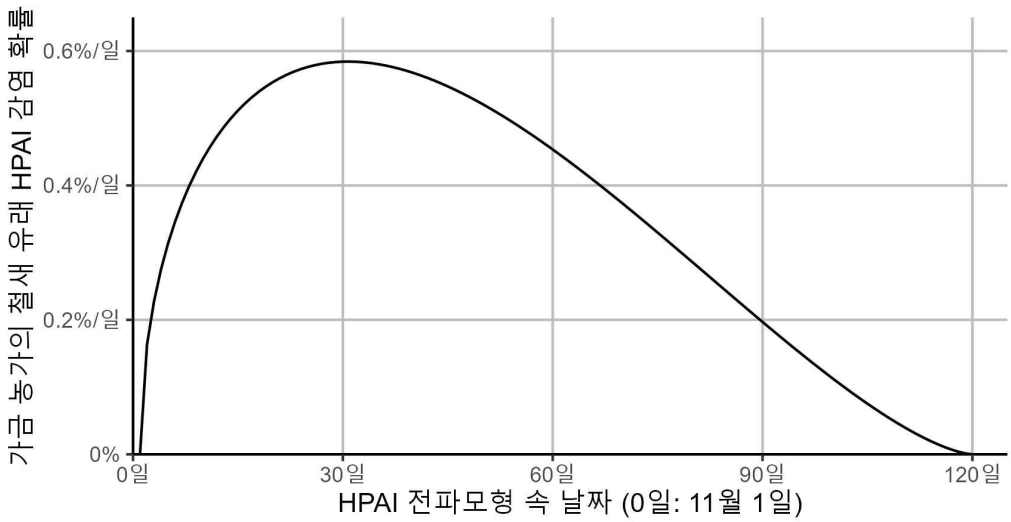



그림. HPAI 전파모형에서 가정된 일자별 철새 유래 감염확률.

◦ 본 전파모형에서 농장 간 HPAI의 전파는 차량 이동 혹은 국지적 전파를 통해 일어난다고 가정되었다. 이 중 차량 이동의 경우, 한 농가로부터 다른 농가로 차량이 이동하는 빈도는 푸아송 분포를 따른다고 설정하였으며, 그 빈도는 일평균 1회라고 가정하였다.

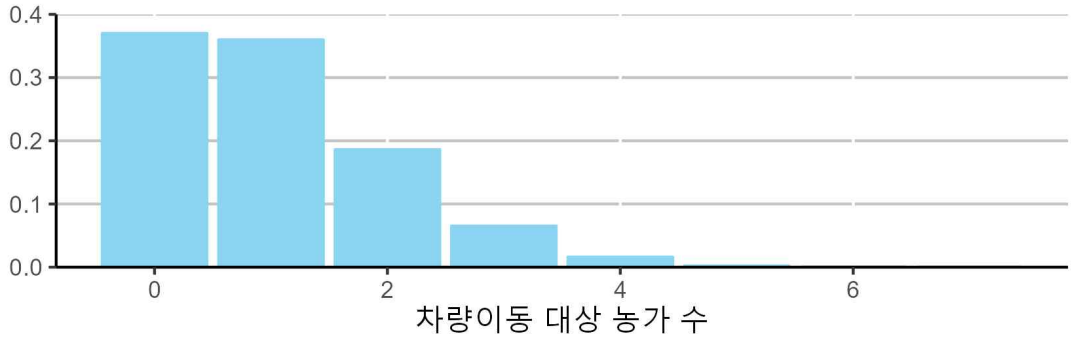



그림. HPAI 전파모형에서 가금 농가의 일별 차량이동 대상 농가 수

한 농가의 차량 이동 대상농가의 수는 매일 위 그림의 분포에 따라 정해졌으며, 그 수가 정해진 이후 차량이 이동하게 되는 대상농가는 그 농가로부터의 거리를 고려하여 확률적으로 선정하였다. 표에 따르면, 가축의 이동은 5~10km 떨어진 농가들 사이에 가장 빈번하게 이루어진다고 가정되었고, 30km 이상 떨어진 농가와는 가축의 이동이 없다고 설정하였다. 감염농가로부터 차량이 이동한 경우, 30%의 확률로 HPAI가 전파된다고 모형에서 가정하였다.

표. HPAI 전파모형에서 가정된 거리에 따른 차량 이동 대상농가 선정 확률

| 거리 | 차량 이동 대상 농가로 선정될 확률 |
|---|---|
| 5km 이내 | 30% |
| 5~10km | 55% |
| 10~15km | 10% |
| 15~30km | 5% |
| 30km 이상 | 0% |

◦ 본 전파모형에서 공기 등을 통한 HPAI의 국지적 전파는 감염 농가로부터 인근 1km이내에 소재한 S상태의 이웃 가금 농가들에게 매일 10%의 확률로 발생한다고 가정하였다.

**질병통제**

◦ 농장 간 HPAI 전파를 통제하기 위해 세 가지의 통제기법이 적용가능하도록 모형이 설계되었다. 이는, (1) 능동예찰, (2) 예방적살처분, (3) 이동제한으로, 사용자의 요구에 따라 관련 변수를 조정할 수 있도록 모델이 설계되었다. 사용자가 조정 가능한 통제기법별 관련 변수들은 다음 표에 나타나있다.

표. HPAI 전파모형에서 통제기법별 조정 가능한 관련 변수들

| 통제기법 | 조정가능 변수 |
|---|---|
| 능동예찰 | • 능동예찰 수행 유무 |

| | |
|---|---|
| | • 수동 및 능동예찰의 민감도<br>• 능동예찰 수행 기간 |
| 예방적살처분 | • 예방적살처분 수행 유무<br>• 예방적살처분 반경<br>• 예방적 살처분 지체기간 |
| 이동제한 | • 이동제한 수행 유무<br>• 이동제한 반경<br>• 이동제한 기간 |

◦ 모형에서 예찰이라함은, 감염기에 있는 농가에서 HPAI 감염이 확인되어 질병상태가 R 단계로 전환되는 것으로, 감염의 확인은 예찰 민감도에 따라 확률적으로 발생하도록 설정하였다. 여기서 예찰 민감도는 감염기에 있는 농가에서 매일 HPAI 감염이 확인될 확률을 의미한다. 모형에서 능동예찰의 수행이 설정된 경우, 수동예찰을 통해 HPAI 감염농가가 최초 확인되면 일정 기간동안 (혹은 능동예찰 수행 기간동안) 전 농가를 대상으로 능동예찰이 수행된다고 가정하였다. 예찰을 통해 잠재기에 있는 농가도 감염 확인이 가능하다고 모형에서 설정되었지만, 이러한 경우 해당 농가에 바이러스 유입된 시점으로부터 최소 11일이 지나야 가능하다고 가정하였다.

◦ 모형에서 예방적살처분의 수행이 설정된 경우, 예찰을 통해 확인된 농가로부터 특정거리 내에 있는 농가들의 질병상태가 R 단계로 전환되었다. 이때, 확인된 시점으로부터 살처분이 수행될 때까지 지체기간을 사용자가 설정할 수 있도록 모형이 설계되었다.

◦ 모형에서 이동제한의 수행이 설정된 경우, 감염농가 및 그로부터 일정 거리(이동제한 반경) 안에 있는 농가들은 차량의 유입이나 유출이 일정 기간(이동제한 기간) 동안 금지된다고 설정하였다.

**시뮬레이션 방법**

◦ 본 전파모형은 R 프로그램을 통해서 수행할 수 있도록 설계되었다. 본 예시는, 위 전파모형을 통해 국내에서 HPAI의 예방적 살처분과 이동제한이 수행되는 경우와 수행되지 않는 경우 HPAI로 인해 영향을 받게 되는 농가 수를 비교하기 위함이다. 위 예시를 수행함에 앞서, 사용자의 컴퓨터에 R 프로그램과 R studio, 그리고 본 모형을 포함하고 있는 HPAIsimSK 패키지가 설치되어있다고 가정한다.

◦ 우선 R Studio 프로그램에서 HPAIsimSK 패키지를 로드한 뒤, 모형 구동을 위한 매개변수 설정값들을 입력한다. 본 예시에서는, 전국 능동예찰 기간은 120일, 수동 및 능동 예찰의 효율은 각각 1%와 3.5%라고 설정한다 (아래 그림). 위 설정값들은 2020/21년 HPAI 발생 당시, 전체 발생 농가 109호 중 예찰을 통해 발견한 농가 수가 40호였다는 사실에 기인하여 맞춰진 값이다.

```
HPAIsimSK::control_surv(dsurv= 120, passurv= 0.01, actsurv= 0.035)
```

◦ 예방적 살처분의 경우 특정 농가에서 감염이 확인된 지 1일 뒤에 그 농가로부터 반경 3km 이내에

있는 다른 가금 농가를 대상으로 수행된다고 가정한다. 또한 이동제한의 경우, 한 농가에서 감염이 확인된 날로부터 120일 간 해당 농가 반경 10km 이내의 농가에서 가축의 유입이나 유출이 없다고 설정한다 (아래 그림).

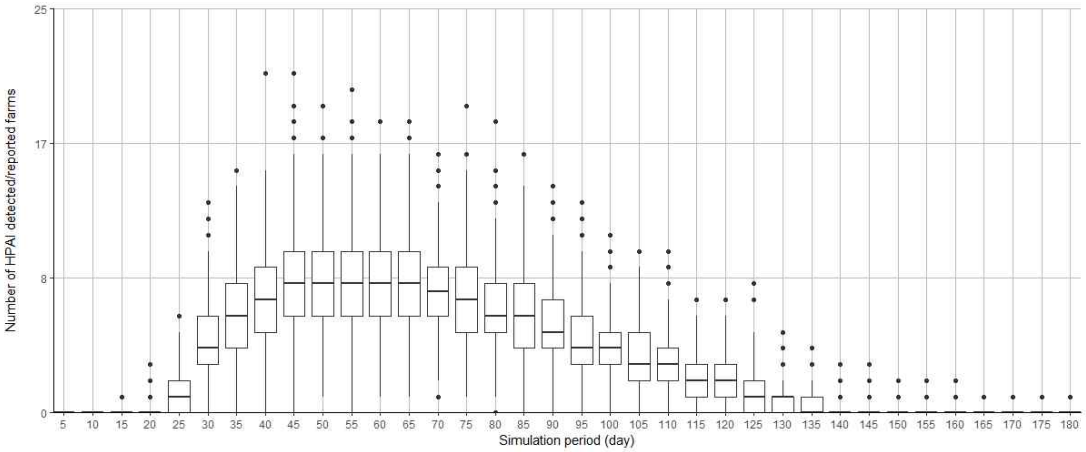
```
HPAIsimSK::control_precull(precull= 1, rprecull= 3.0, delaypecull= 1)
HPAIsimSK::control_movresl(moveres= 1, rmoveres= 10.0, dmoveres= 120)
```

◦ HPAI 바이러스가 초기 유입 시나리오도 설정한다. 사용자가 전국적인 HPAI 발생을 구현하고자 한다면 모든 철새 권역에 HPAI에 감염된 철새가 머무른다고 가정한다. 만일 철새가 아닌 농가를 통해 초기 바이러스가 유입된 시나리오를 구성하고 싶다면, 농가의 EPSG 5179 상 좌표위치를 설정하도록 한다 (X= 0, Y= 0 의 경우는 초기 농가 유입 시나리오를 배재함).

```
HPAIsimSK::HPAI_introl(GB= 1, GC= 1, JB= 1, JN= 1, KW= 1, KB= 1, KN= 1, X= 0, Y= 0)
```

◦ 마지막으로 모형을 반복 수행할 횟수, 시뮬레이션 기간, 그리고 겨울철 휴지기에 있는 농가의 비율을 설정한다. 편의상 모델은 1000회를 반복하고, 시뮬레이션은 구제역 바이러스 최초 유입으로부터 180일간을 수행하며, 휴지기 농가는 전체 농가 대비 65%라고 설정한다. 이러한 설정으로 모델을 수행하면 아래의 그림과 같은 결과를 얻을 수 있다.

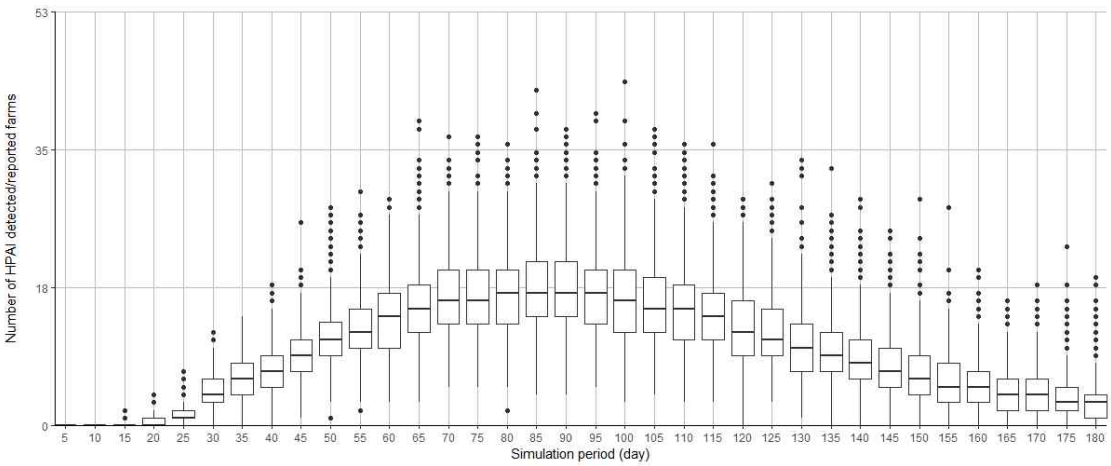
```
res1 <- HPAIsimSK::HPAI_simulationl(1000, 180, 0.65)
Result_HPAI(res1)

The median (interquartile range) of 448 (417~482) farms were pre-emptively culled.
The median (interquartile range) of 1298 (1228~1358) farms were restriced from vehicle movements.
```




◦ 위와 같은 설정을 통한 모델 결과에 따르면, 평균 448개의 농가에서 예방적 살처분이 진행되고 약 1300여 곳의 농장이 이동제한의 영향을 받게 된다고 한다. 시뮬레이션 기간 중 HPAI가 발생하는 농가 수의 변화는 아래의 그림과 같다.

◦ 두 번째 예시에서는 앞의 설정과 동일하되 예방적 살처분 및 이동제한을 수행하지 않는다고 가정한다. 두 번째 모델을 수행하기 위해 설정값을 재입력하여 모델을 구현하면 그 결과가 아래의 그림과 같이 나타난다.

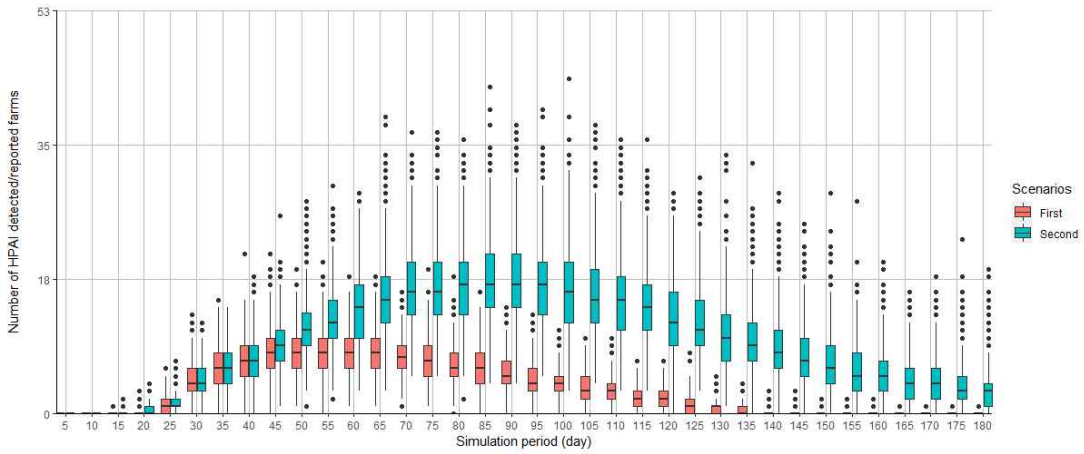
```
HPAIsimSK::control_precull(precull= 0, rprecull= 0.0, delaypecull= 0)
HPAIsimSK::control_movresl(moveres= 0, rmoveres= 0, dmoveres= 0)
res2 <- HPAIsimSK::HPAI_simulationl(1000, 180, 0.65)
Result_HPAI(res2)

The median (interquartile range) of 0 (0~0) farms were pre-emptively culled.
The median (interquartile range) of 0 (0~0) farms were restriced from vehicle movements.
```




◦ 두 상황의 결과를 비교하고자 할 때는, 아래와 같은 명령어를 수행한다.

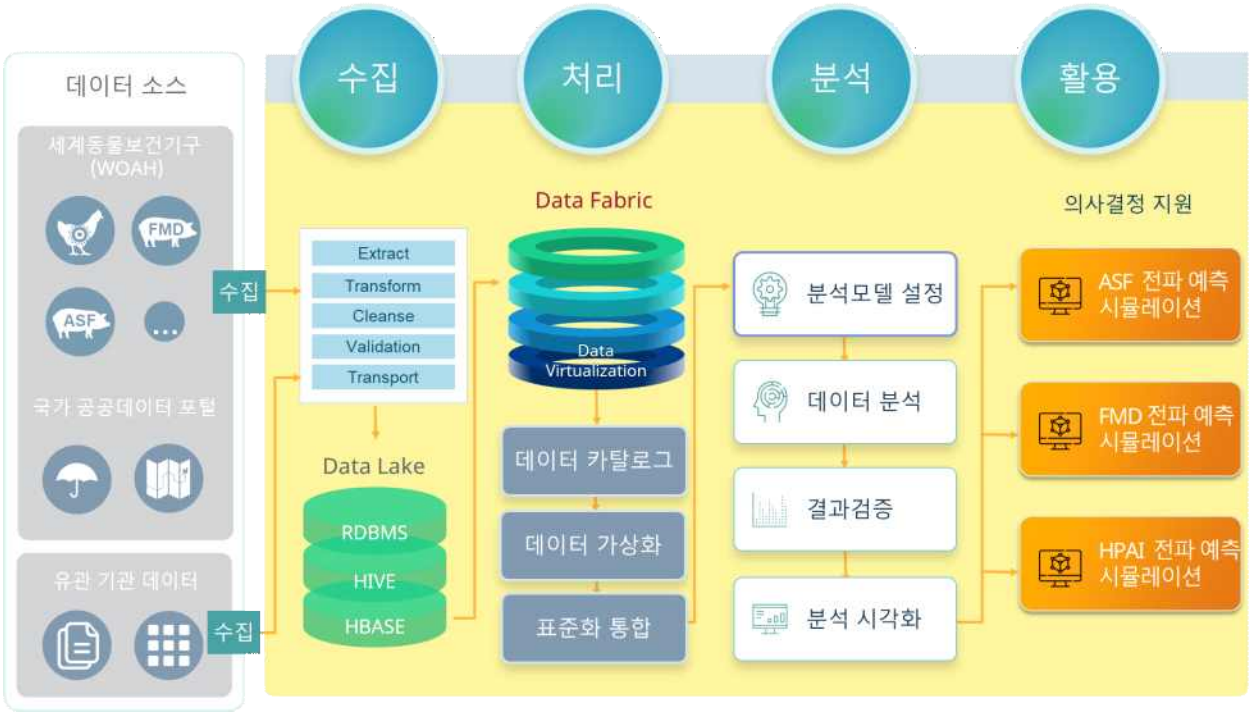
```
HPAIsimSK::Result_comparel(res1, res2)

The median number of farms pre-emptively culled in the first and second scenario
is
448 days and 0, respectivley.
On average, the number of pre-emptively culled farms of the second scenario is 0
% of the first scenario.
The difference is statistically significant with the p value of < 0.0001 (Student's
T-test).


The median number of movement restricted farms in the first and second scenario
is
1298 days and 0, respectivley.
On average, the number of movement restricted farms of the second scenario is 0
% of the first scenario.
The difference is statistically significant with the p value of < 0.0001 (Student's
T-test).
```

◦ 두 결과를 비교해본 결과, 예방적 살처분 및 이동제한이 적용된 경우(붉은색)와 그렇지 않은 경우(초록색) HPAI에 감염되는 농가 수가 유관으로 비교하여도 확실히 차이가 난다는 것을 알 수 있다.




## 2) 질병전파모형 구축을 위한 축산/공간/환경정보 관계형 빅데이터 패브릭 시스템 구축

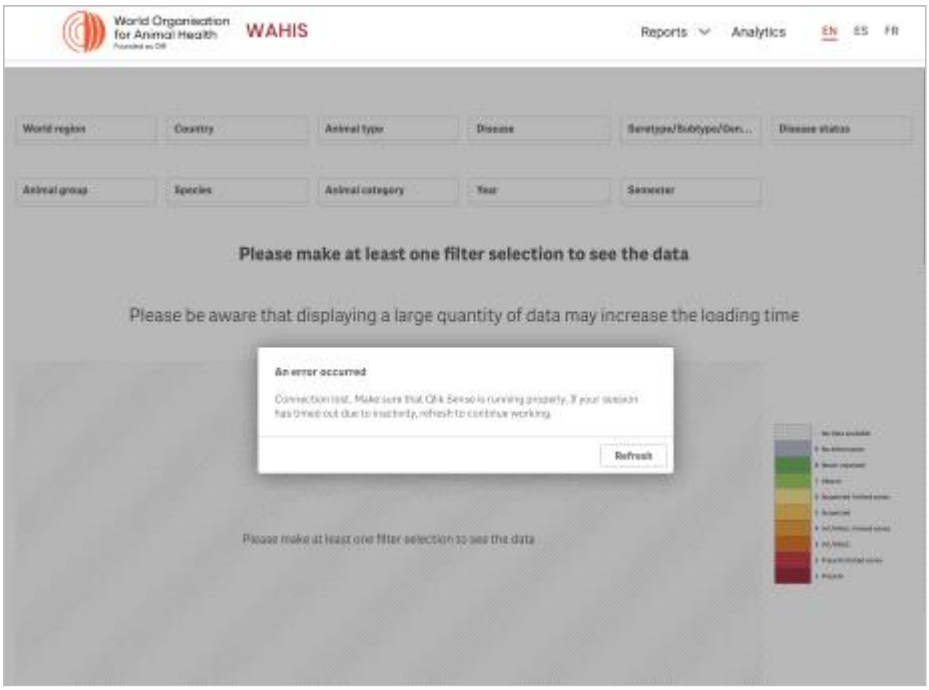
- 질병전파모형 분석 지원을 위한 실시간 연결, 셀프 서비스, 자동화 및 보편적 변환에 대한 새로운 분석 요구 사항을 충족할 수 있는 최신의 데이터 패브릭 구조의 시스템 개발



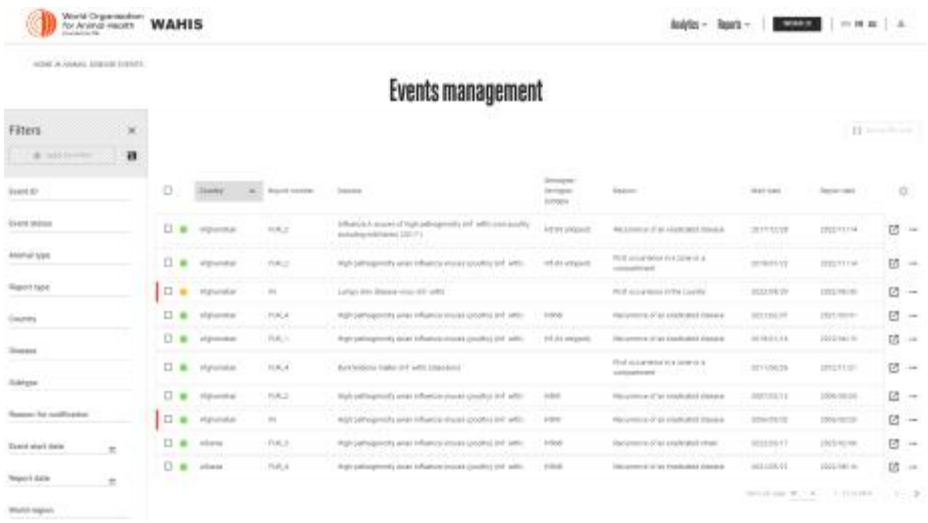

<질병전파 분석 지원을 위한 데이터 패브릭 구조의 시스템 개발>

- 다양한 소스의 데이터를 통합, 처리, 선별 및 변환에 최적화된 데이터 가상화 패브릭 시스템 구축

  • 1차년도 이후 WOAH는 전세계 동물 질병발생 정보 사이트가 2023년 약간의 재개편으로 인한 데이터 수집 시스템 수정.



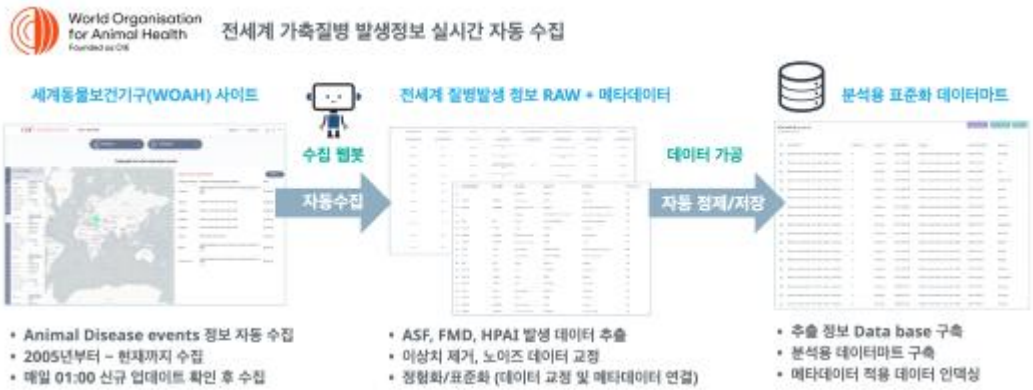

<전세계 동물질병발생 정보 제공 페이지- 2022년(안정성 떨어짐)>




<전세계 동물질병발생 정보 제고 페이지- 2023년도 재 개편>

- 관세청 국가별 및 연도별 축산물 수입 통계량 데이터베이스 구축
- 국제 감염병 학회(International Society for Infectious Diseases, ISID)의 ProMed 사이트 수집을 통한 데이터베이스 구축

- 세계동물보건기구(WOAH)의 질병 데이터 수집 과정




<질병발생정보 자동 수집/가공/저장 프로세스>

- 원본 데이터 수집 과정

✓ 전체 WOAH 질병 데이터 수집 순서

① 이벤트 리스트 조회

https://wahis.woah.org/api/v1/pi/event/filtered-list

| 입 | https://wahis.woah.org/api/v1/pi/event/filtered-list |
|---|---|

| | |
|---|---|
| 력 | ▼ {eventIds: [], reportIds: [], countries: [], firstDiseases: [], secondDiseases: [], typeStatuses: [],…}<br>animalTypes: []<br>countries: []<br>eventIds: []<br>▶ eventStartDate: {from: "2024-01-01", to: "2024-01-03"}<br>eventStatuses: []<br>firstDiseases: []<br>pageNumber: 0<br>pageSize: 10<br>reasons: []<br>reportIds: []<br>reportStatuses: []<br>reportTypes: []<br>secondDiseases: []<br>sortColumn: "submissionDate"<br>sortOrder: "desc"<br>submissionDate: null<br>typeStatuses: [] |
| 결<br>과 | ▼ {list: [{reportId: 164998, eventId: 5469, country: "Romania",…},…], totalSize: 7, pageSize: 10,…}<br>▼ list: [{reportId: 164998, eventId: 5469, country: "Romania",…},…]<br>▼ 0: {reportId: 164998, eventId: 5469, country: "Romania",…}<br>country: "Romania"<br>disease: "Influenza A viruses of high pathogenicity (Inf. with) (non-poultry including wild birds) (2017-)"<br>eventId: 5469<br>eventStartDate: "2024-01-03T00:00:00.000+00:00"<br>eventStatus: "On-going"<br>isAquatic: false<br>reason: "Occurrence of an eradicated disease"<br>reportId: 164998<br>reportNumber: 3<br>reportStatus: "Validated"<br>reportType: "FUR"<br>sidType: "HSNI"<br>submissionDate: "2024-01-12T08:15:14.515+00:00"<br>▶ 1: {reportId: 164921, eventId: 5477, country: "Latvia", disease: "African swine fever virus (Inf. with) ",…}<br>▶ 2: {reportId: 164859, eventId: 5470, country: "Moldova",…}<br>▶ 3: {reportId: 164826, eventId: 5461, country: "Moldova",…}<br>▶ 4: {reportId: 164825, eventId: 5460, country: "Moldova",…}<br>▶ 5: {reportId: 164823, eventId: 5459, country: "Moldova",…}<br>▶ 6: {reportId: 164820, eventId: 5458, country: "Ukraine",…}<br>pageNumber: 0<br>pageSize: 10<br>sortColumn: "submissionDate"<br>sortOrder: "DESC"<br>totalSize: 7 |

② 이벤트에 포함된 리포트 리스트 조회:

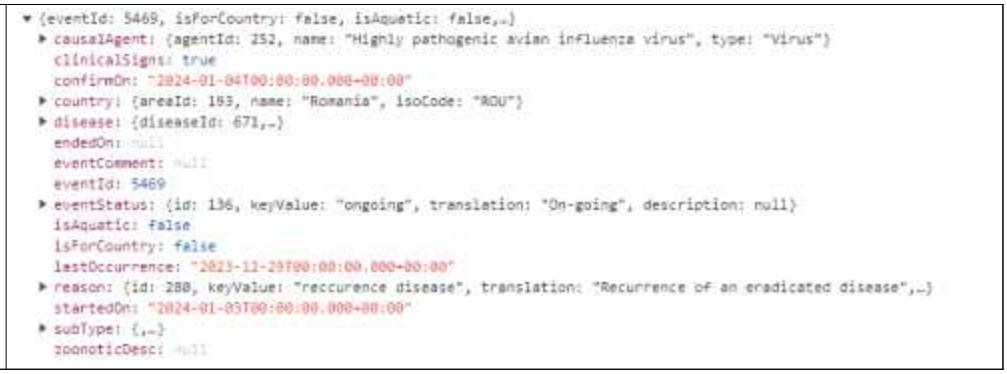
https://wahis.woah.org/api/v1/pi/event/{eventid}/report-evolution?language=en

| | |
|---|---|
| 입<br>력 | https://wahis.woah.org/api/v1/pi/event/5469/report-evolution?language=en |
| 결<br>과 | ▼ [{reportId: 164927, reportNumber: 1, reportType: "FUR", reportReference: null,…},…]<br>▼ 0: {reportId: 164927, reportNumber: 1, reportType: "FUR", reportReference: null,…}<br>newOutbreaks: 2<br>oieReference: "FUR_164927"<br>openOutbreaks: 0<br>reportId: 164927<br>reportNumber: 1<br>reportReference: null<br>▶ reportStatusList: [{reportInfoId: 85726, translatedStatus: "Validated", status: "Validated",…}]<br>reportType: "FUR"<br>reportingDate: "2024-01-09T13:46:34.126+00:00"<br>totalOutbreaks: 4<br>▶ 1: {reportId: 164856, reportNumber: 0, reportType: "IN", reportReference: null, oieReference: "IN_164856",…}<br>▶ 2: {reportId: 164978, reportNumber: 2, reportType: "FUR", reportReference: null,…}<br>▶ 3: {reportId: 164998, reportNumber: 3, reportType: "FUR", reportReference: null,…} |

③ 리포트 상세 조회:

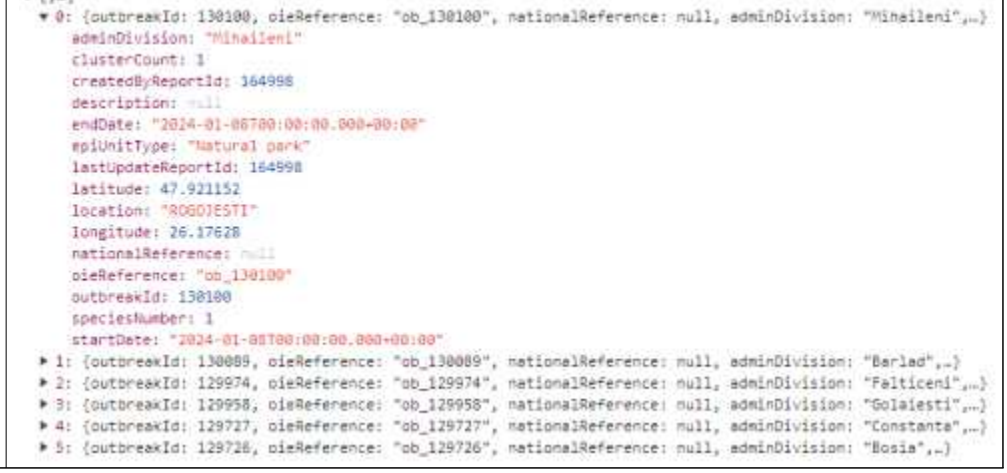
https://wahis.woah.org/api/v1/pi/review/report/{reportid}/event-information?language=en

| | |
|---|---|
| 입<br>력 | https://wahis.woah.org/api/v1/pi/review/report/164978/event-information?language=en |
| 결 | |

| | |
|---|---|
| 과 |  |

④ 이벤트의 outbreaks 리스트 조회:

https://wahis.woah.org/api/v1/pi/review/event/{eventid}/outbreaks?language=en

| | |
|---|---|
| 입력 | https://wahis.woah.org/api/v1/pi/review/event/5469/outbreaks?language=en |
| 결과 |  |

⑤ outbreak 상세 조회:

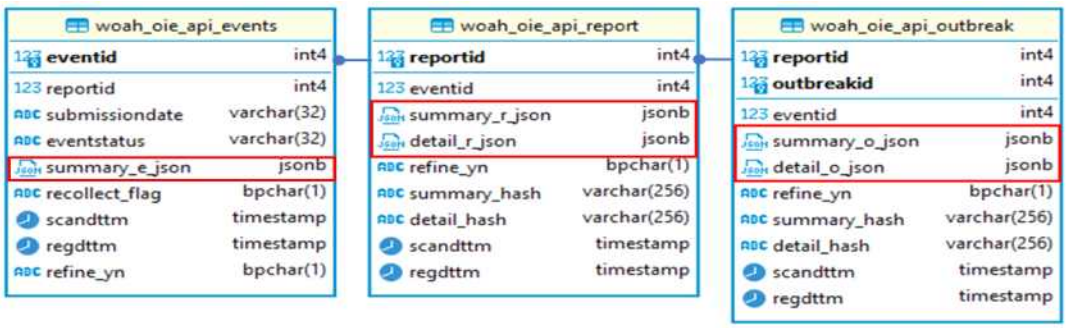
https://wahis.woah.org/api/v1/pi/review/event/{eventid}/outbreak/{outbreakid}/all-information?language=en

| | |
|---|---|
| 입력 | https://wahis.woah.org/api/v1/pi/review/report/164998/outbreak/130089/all-information?language=en |
| 결과 | |

• 원본 데이터 저장

✓ 원본 데이터 저장을 위해서 JSON 데이터를 파싱을 통해 주요 메타데이터 저장

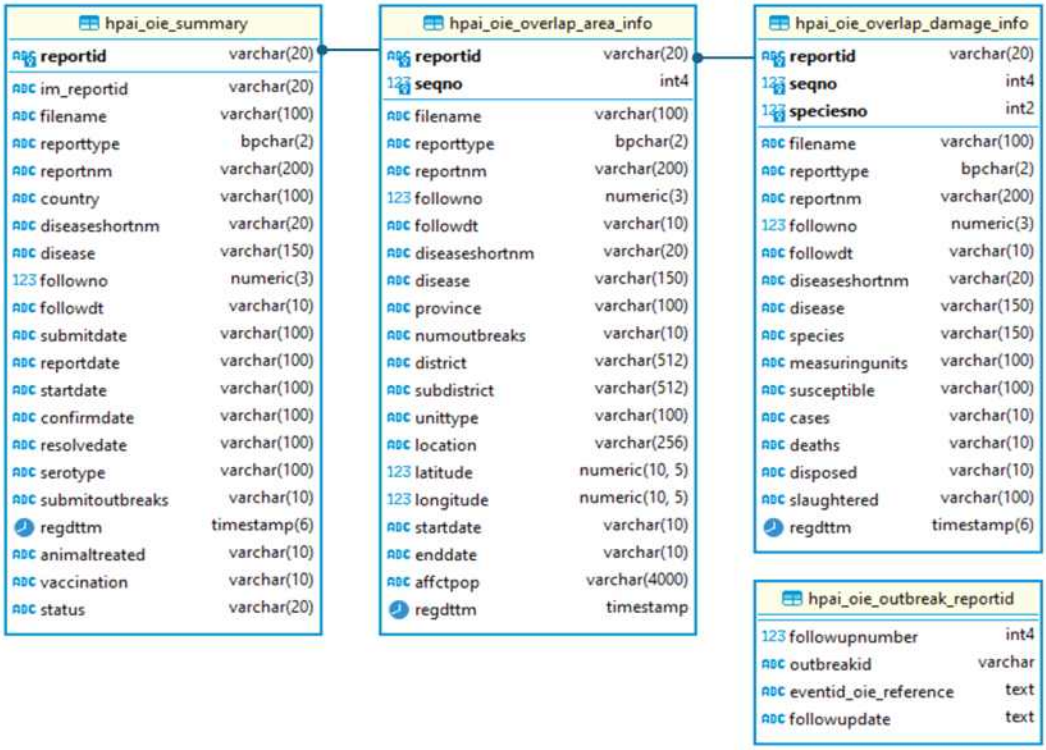
✓ 원본데이터(JSON) 또한 수집상태 그대로 저장




<수집원본의 메타데이터 저장 및 JSON 저장을 위한 ER Diagram>

• 분석대상 데이터 생성 및 저장

✓ 원본 데이터 항목에서 JSON 데이터를 파싱을 통해 서비스 대상 항목만을 추출하여 저장




<분석활용에 필요한 데이터 저장을 위한 ER Diagram>

✓ 해외 질병 발생 정보 구성 : WOAH 보고서의 내용 중 분석에 필요한 항목만을 추출하여 데이터베이스 테이블을 구성하였으며 추출 항목은 아래와 같음

[표] 해외 질병 발생 정보 테이블 – 요약정보

| 헤더(추출 항목) | 데이터(발생 case 별) |
|---|---|
| reportid | FUR_149676 |
| im_reportid | evt_3674 |
| reporttype | 1 |
| reportnm | Aujeszky's disease virus (Inf. with) , France |
| country | France |
| diseaseshortnm | |
| disease | Aujeszky's disease virus (Inf. with) |
| followno | 2 |
| followdt | 2021-04-27 |
| submitdate | 2021-04-27 |
| reportdate | 2021-04-26 |
| startdate | 2021-03-12 |
| confirmdate | 2021-03-24 |
| resolvedate | 2021-04-15 |

| | |
|---|---|
| serotype | |
| submitoutbreaks | 2 |
| animaltreated | |
| vaccination | |

[표] 해외 질병 발생 정보 테이블 – 피해정보

| 헤더(추출 항목) | 데이터(발생 case 별) |
|---|---|
| reportid | FUR_149676 |
| seqno | 84679 |
| reporttype | 1 |
| reportnm | Aujeszky's disease virus (Inf. with) , France |
| followno | 2 |
| followdt | 2021-04-27 |
| diseaseshortnm | |
| disease | Aujeszky's disease virus (Inf. with) |
| species | Wild boar (Sus scrofa):Suidae-Artiodactyla |
| measuringunits | Animal |
| susceptible | 1900-03-05 |
| cases | 1900-01-02 |
| deaths | 1900-01-00 |
| disposed | 1900-03-05 |
| slaughtered | 0 |
| speciesno | 00:00.0 |

[표] 해외 질병 발생 정보 테이블 – 지역정보

| 헤더(추출 항목) | 데이터(발생 case 별) |
|---|---|
| reportid | FUR_149676 |
| seqno | 84679 |
| reporttype | 1 |
| reportnm | Aujeszky's disease virus (Inf. with) , France |
| followno | 2 |
| followdt | 2021-04-27 |
| diseaseshortnm | |
| disease | Aujeszky's disease virus (Inf. with) |
| province | Auvergne-Rhône-Alpes |
| numoutbreaks | 1900-01-01 |

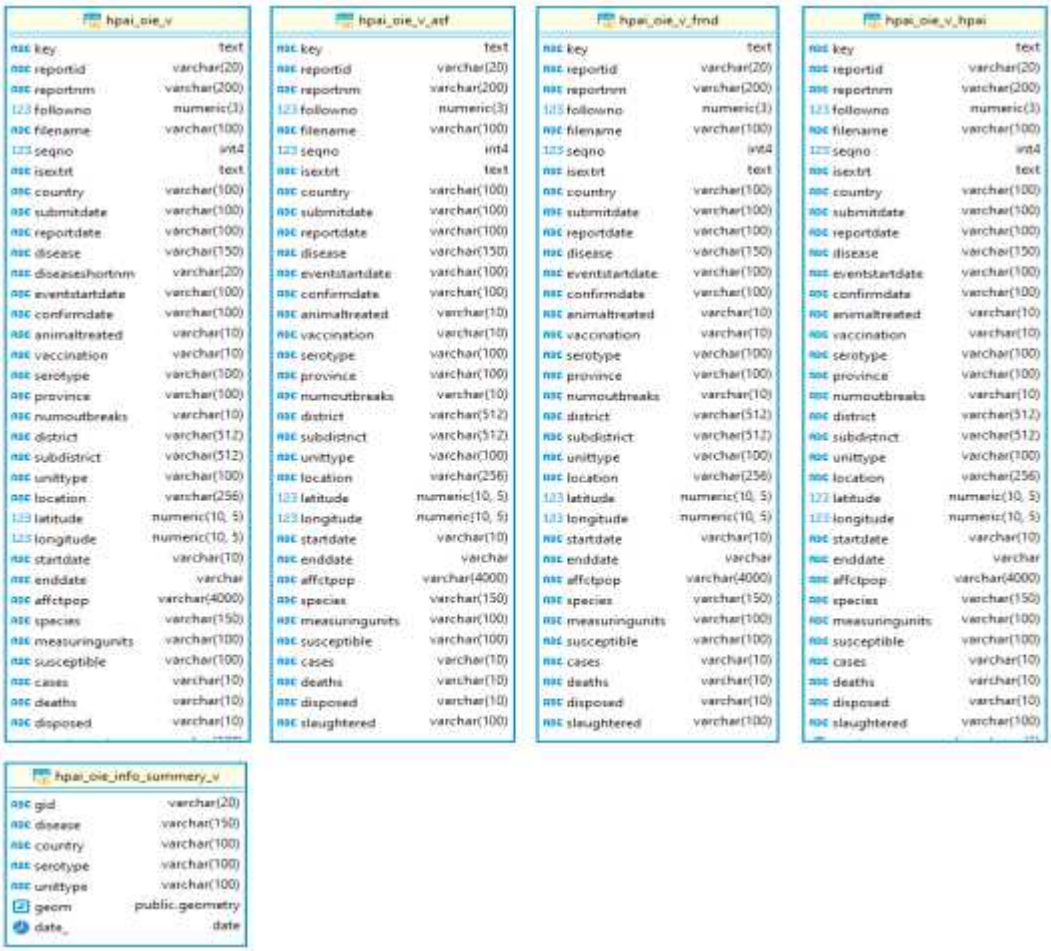
| | |
|---|---|
| district | Allier |
| subdistrict | Moulins |
| unittype | Other |
| location | |
| latitude | 46.5031 |
| longitude | 47:02.4 |
| startdate | 2021-03-12 |
| enddate | 2021-04-13 |
| affctpop | wild boars kept for restocking for hunting purposes were tested as part of a planned surveillance programme. the enclosure includes 35 adults and 30 young animals; only two animals tested positive. contamination by contact with wild boars is strongly suspected. |

- 추출한 데이터의 Data base 저장 자동화 모듈 개발
  - ✓ 매일 09시 10분, WOAH 웹 크롤링 봇이 자동으로 작업을 수행하도록 스케줄러 기능을 개발
  - ✓ 자동화 처리는 해당 년월 기준 7일 이전의 이벤트 리스트를 수집하고, 변경유무를 확인하고, 추가된 데이터를 입력하고, 수정된 메타데이터 정보를 반영
  - ✓ WOAHCrawler.sh를 생성하는 crontab에 등록

```
10 09 * * * /home/kware/crawler/hpai_batch/script/WoahApiCrawler.sh
```

<운영 시스템 크론탭에 적용된 내용>

- 추출한 데이터의 서비스하기 위한 View  테이블 생성




<분석활용에 필요한 데이터 검색을 위한 View 테이블 ER Diagram>

• Follow-UP 데이터 추적 관리

✓ 연속 보고서의 추적관리를 통해 진행 상황과 최종결과 상황을 구분하여 통계 및 분석에 활용할 수 있도록 지원

| report | re_r | reportnm | f_dt | f_nc | subm | resol |
|---|---|---|---|---|---|---|
| [redacted] | evt_3916 | Highly pathogenic influenza A viruses (Inf. with)(non-p | 06/09/2021 | 0 | 06/09/2021 | [NULL] |
| FUR_151567 | evt_3916 | Highly pathogenic influenza A viruses (Inf. with)(non-p | 09/09/2021 | 1 | 09/09/2021 | [NULL] |
| FUR_151673 | evt_3916 | Highly pathogenic influenza A viruses (Inf. with)(non-p | 15/09/2021 | 2 | 15/09/2021 | [NULL] |
| FUR_153976 | evt_3916 | Influenza A viruses of high pathogenicity (Inf. with) ( | 09/02/2022 | 3 | 09/02/2022 | 09/02/2022 |

• 전세계 동물질병 발생 데이터 수집정보 시각화 및 분석을 위한 데이터마트 개발

✓ 누구나 쉽게 사용할 수 있는 웹기반의 사용자 UI/UX 구현

✓ 별도의 SQL, 쿼리 명령 없이 정제된 데이터를 게시판 형태로 조회 이용할 수 있도록 구현

✓ 사용자는 상세 검색옵션을 통해 필요한 데이터를 쉽고 정확하게 조회할 수 있음

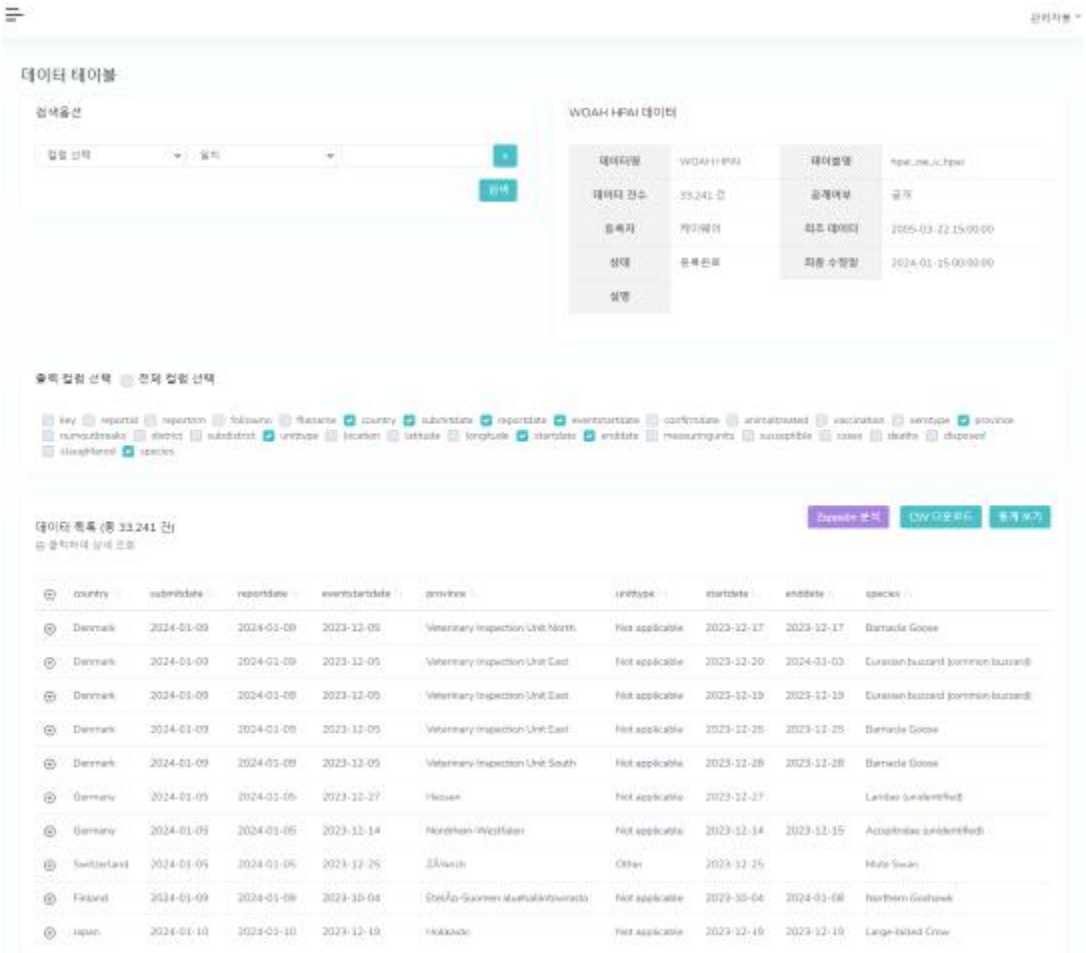
✓ 조회한 데이터는 파일형태로 다운받아 재활용할 수 있도록 기능 구현

✓ 웹 분석도구(분석용 노트북) Zeppelin 연동을 지원

✓ 질병발생 리포트의 다양한 컬럼 중 사용자가 원하는 컬럼만을 화면에 표시할 수 있도록하여

사용자 편의성을 크게 향상시킴

✓ 데이터마트의 각 컬럼 별 정렬 기능 구현




<전세계 동물질병 발생정보 데이터마트 조회화면>

• 전세계 동물질병 발생정보 실시간 리포트 대시보드 개발

✓ 동물질병 발생 현황 시각화 시스템 구현(ASF, FMD, HPAI>

<전세계 동물질병 발생현황 실시간 모니터링 대시보드-1>

<전세계 동물질병 발생현황 실시간 모니터링 대시보드-2>

✓ 전년대비 월별 발생 현황

<2023년 변경된 관세청 수출입 무역 통계 시스템>

<WOAH에 보고된 2022~2023년 HPAI 국내 발생현황>

- 웹크롤링 기술을 이용하여 국가별 및 연도별 축산물 수입 통계량 데이터베이스 구축

  • 해외에서 수출입하는 축산물(돼지)의 유통량에 따른 가중치로 유병률을 분석하는 시스템 구성

- 관세청 수출입 무역통계 사이트 수출입 통계 항목 데이터 수집기를 통해 최근 2002년부터 2023년 소, 돼지 관련 축산물 데이터를 수집
- 추가적으로 2023년 개편을 통해 제공하는 신성질을 분석하여 ASF에 제일 영향 있는 축산물로 추출하여 구성
- 수집기는 Python의 BeautifulSoup4와 Selenium모듈을 이용하여 구현
- 마우스의 움직임과 키보드의 입력을 주어 HS코드별 수집하도록 구현

[표] 관세청 수출입 Selenium Code

```
url = "https://unipass.customs.go.kr/ets/index.do"
driver.get(url)
time.sleep(3)

#품목별 국가별 수출입 실적
element                                                                                                =
driver.find_element_by_xpath('//*[@id="maincont"]/div/article/ul/li[1]/div/ul[1]/li[6]/a')
ActionChains(driver).move_to_element(element).click().perform()
time.sleep(3)

#월단위 수집
select_year = '//*[@id="TRS0104012Q_priodKind"]/option[2]'
driver.find_element_by_id("TRS0104012Q_priodKind").click()
time.sleep(0.5)
driver.find_element_by_xpath(select_year).click()

#조회기간 Start_Yeat 선택
start_year = '//*[@id="TRS0104012Q_priodFr"]/option[49]'
driver.find_element_by_id("TRS0104012Q_priodFr").click()
time.sleep(0.5)
driver.find_element_by_xpath(start_year).click()
-
#조회기간 End_Yeat 선택
End_year = '//*[@id="TRS0104012Q_priodTo"]/option[1]'
driver.find_element_by_id("TRS0104012Q_priodTo").click()
time.sleep(0.5)
driver.find_element_by_xpath(End_year).click()

#돼지고기 냉장 삼겹살 : 02-03-19-1000
driver.find_element_by_id("TRS0104012Q_hsSgn02").send_keys("16")
time.sleep(0.5)
driver.find_element_by_id("TRS0104012Q_hsSgn04").send_keys("02")
time.sleep(0.5)
driver.find_element_by_id("TRS0104012Q_hsSgn06").send_keys("50")
time.sleep(0.5)
```

```
driver.find_element_by_id("TRS0104012Q_hsSgn10").send_keys("9000")
time.sleep(0.5)

#국가 선택
all_country = '//*[@id="TRS0104012Q_cntyCd"]/option[1]'
driver.find_element_by_id("TRS0104012Q_cntyCd").click()
time.sleep(0.5)
driver.find_element_by_xpath(all_country).click()

#조회
submit = '//*[@id="TRS0104012Q_fmSearch"]/div/footer/button'
driver.find_element_by_xpath(submit).click()
time.sleep(5)

#조회한 데이터 엑셀 다운로드
driver.find_element_by_id("TRS0104012Q_downExcel_double").click()

#조회기간 Start_Yeat 선택
start_year = '//*[@id="TRS0104012Q_priodFr"]/option[98]'
driver.find_element_by_id("TRS0104012Q_priodFr").click()
time.sleep(0.5)
driver.find_element_by_xpath(start_year).click()

#조회기간 End_Yeat 선택
End_year = '//*[@id="TRS0104012Q_priodTo"]/option[50]'
driver.find_element_by_id("TRS0104012Q_priodTo").click()
time.sleep(0.5)
driver.find_element_by_xpath(End_year).click()

#조회
submit = '//*[@id="TRS0104012Q_fmSearch"]/div/footer/button'
driver.find_element_by_xpath(submit).click()
time.sleep(5)

#조회한 데이터 엑셀 다운로드
driver.find_element_by_id("TRS0104012Q_downExcel_double").click()
```

• 관세청에서 제공하는 데이터는 신성질별로 코드를 입력하여 데이터를 수집

<관세청에서 분류하는 신성질중 소, 돼지관련 코드>

[표] 2023 신성질별 소,돼지고기 국가별 수출입 통계량

| 기간 | 국가명 | 수출중량 (톤) | 수입중량 (톤) | 수출금액 (USD1,000) | 수입금액 (USD1,000) | 무역수지 (USD1,000) |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 2023 | 미국 | 0.2 | 431,213 | 3 | 2,789,913 | -2,789,910 |
| 2023 | 호주 | 0 | 207,351.9 | 0 | 1,377,883 | -1,377,883 |
| 2023 | 스페인 | 0 | 114,944.3 | 0 | 453,604 | -453,604 |
| 2023 | 캐나다 | 0 | 9,0354.3 | 0 | 371,898 | -371,898 |
| 2023 | 네덜란드 | 0 | 3,7146.9 | 0 | 158,685 | -158,685 |
| 2023 | 칠레 | 0 | 3,2947.2 | 0 | 156,558 | -156,558 |
| 2023 | 뉴질랜드 | 0 | 2,1446.4 | 0 | 115,714 | -115,714 |
| 2023 | 오스트리아 | 0 | 24,111 | 0 | 103,562 | -103,562 |
| 2023 | 멕시코 | 0 | 18,840.9 | 0 | 75,146 | -75,146 |
| 2023 | 덴마크 | 0 | 12,588.4 | 0 | 43,816 | -43,816 |
| 2023 | 프랑스 | 0 | 8,773.7 | 0 | 43,229 | -43,229 |
| 2023 | 벨기에 | 0 | 12,628.4 | 0 | 42,721 | -42,721 |
| 2023 | 브라질 | 0 | 11,361.6 | 0 | 37,293 | -37,293 |
| 2023 | 핀란드 | 0 | 5,399.1 | 0 | 23,328 | -23,328 |
| 2023 | 아일랜드 | 0 | 6,629.4 | 0 | 18,605 | -18,605 |
| 2023 | 영국 | 0 | 5,802.9 | 0 | 8,887 | -8,887 |
| 2023 | 우루과이 | 0 | 922.1 | 0 | 4,893 | -4,893 |
| 2023 | 홍콩 | 427.7 | 0 | 4,384 | 0 | 4,384 |
| 2023 | 독일 | 0 | 906.6 | 0 | 4,046 | -4,046 |
| 2023 | 스웨덴 | 0 | 3,335.5 | 0 | 4,020 | -4,020 |
| 2023 | 포루투갈 | 0 | 1,083.2 | 0 | 3,764 | -3,764 |
| 2023 | 이탈리아 | 0 | 52.9 | 0 | 1,751 | -1,751 |
| 2023 | 말레이시아 | 14.2 | 0 | 628 | 0 | 628 |
| 2023 | 네팔 | 1.9 | 0 | 346 | 0 | 346 |
| 2023 | 몽골 | 4.6 | 0 | 229 | 0 | 229 |
| 2023 | 캄보디아 | 1.5 | 0 | 87 | 0 | 87 |
| 2023 | 베트남 | 5 | 0 | 68 | 0 | 68 |
| 2023 | 아랍에미리트 연합 | 3.2 | 0 | 54 | 0 | 54 |
| 2023 | 나이지리아 | 6.5 | 0 | 46 | 0 | 46 |
| 2023 | 사우디아라비아 | 0.6 | 0 | 42 | 0 | 42 |
| 2023 | 기니 | 2 | 0 | 23 | 0 | 23 |
| 2023 | 이라크 | 1.8 | 0 | 12 | 0 | 12 |
| 2023 | 중국 | 0.2 | 0 | 1 | 0 | 1 |
| 2023 | 필리핀 | 0.1 | 0 | 1 | 0 | 1 |

• 관체청으로부터 수집된 축산물(소, 돼지) 수·출입 데이터

| | term | item_name | country_name | export_weight | import_weight | export_amount | import_amount | trade_blance | target_type |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 202312 | 돼지고기 | 네덜란드 | 0 | 2554.2 | 0 | 9412 | -9412 | 돼지 |
| 2 | 202312 | 소 설육 | 뉴질랜드 | 0 | 173.3 | 0 | 1024 | -1024 | 소 |
| 3 | 202312 | 소고기 | 뉴질랜드 | 0 | 737.1 | 0 | 3600 | -3600 | 소 |
| 4 | 202312 | 돼지고기 | 덴마크 | 0 | 944.1 | 0 | 3131 | -3131 | 돼지 |
| 5 | 202312 | 소고기 | 덴마크 | 0 | 66 | 0 | 313 | -313 | 소 |
| 6 | 202312 | 돼지고기 | 독일 | 0 | 653.6 | 0 | 2031 | -2031 | 돼지 |
| 7 | 202312 | 돼지 설육 | 멕시코 | 0 | 9 | 0 | 44 | -44 | 돼지 |
| 8 | 202312 | 돼지고기 | 멕시코 | 0 | 667.2 | 0 | 2763 | -2763 | 돼지 |
| 9 | 202312 | 소 설육 | 멕시코 | 0 | 8.4 | 0 | 20 | -20 | 소 |
| 10 | 202312 | 소고기 | 멕시코 | 0 | 264.1 | 0 | 1439 | -1439 | 소 |
| 11 | 202312 | 소고기 | 몽골 | 0.5 | 0 | 28 | 0 | 28 | 소 |
| 12 | 202312 | 돼지 설육 | 미국 | 0 | 714.6 | 0 | 2064 | -2064 | 돼지 |
| 13 | 202312 | 돼지고기 | 미국 | 0 | 13516.4 | 0 | 46329 | -46329 | 돼지 |
| 14 | 202312 | 소 | 미국 | 0 | 1.3 | 0 | 200 | -200 | 소 |
| 15 | 202312 | 소 설육 | 미국 | 0 | 384.7 | 0 | 4136 | -4136 | 소 |
| 16 | 202312 | 소고기 | 미국 | 0 | 11409.2 | 0 | 115212 | -115212 | 소 |
| 17 | 202312 | 소고기 | 베트남 | 2.5 | 0 | 11 | 0 | 11 | 소 |
| 18 | 202312 | 돼지 설육 | 벨기에 | 0 | 116.9 | 0 | 167 | -167 | 돼지 |
| 19 | 202312 | 돼지고기 | 벨기에 | 0 | 645.6 | 0 | 2540 | -2540 | 돼지 |
| 20 | 202312 | 돼지 설육 | 브라질 | 0 | 4 | 0 | 5 | -5 | 돼지 |
| 21 | 202312 | 돼지고기 | 브라질 | 0 | 641.2 | 0 | 1908 | -1908 | 돼지 |
| 22 | 202312 | 돼지 설육 | 스웨덴 | 0 | 69 | 0 | 61 | -61 | 돼지 |
| 23 | 202312 | 돼지고기 | 스웨덴 | 0 | 224.8 | 0 | 339 | -339 | 돼지 |
| 24 | 202312 | 돼지 설육 | 스페인 | 0 | 31.5 | 0 | 70 | -70 | 돼지 |
| 25 | 202312 | 돼지고기 | 스페인 | 0 | 8078 | 0 | 28077 | -28077 | 돼지 |
| 26 | 202312 | 돼지 설육 | 아일랜드 | 0 | 45.7 | 0 | 139 | -139 | 돼지 |
| 27 | 202312 | 돼지고기 | 아일랜드 | 0 | 344.9 | 0 | 813 | -813 | 돼지 |
| 28 | 202312 | 돼지고기 | 영국 | 0 | 727.7 | 0 | 1065 | -1065 | 돼지 |
| 29 | 202312 | 돼지 설육 | 오스트리아 | 0 | 23 | 0 | 57 | -57 | 돼지 |
| 30 | 202312 | 돼지고기 | 오스트리아 | 0 | 2227.7 | 0 | 9733 | -9733 | 돼지 |

<관세청으로부터 수집된 축산물(소,돼지) 데이터>

• 미국의 2002-2023년간 년도별 축산물(소, 돼지) 수·출입 데이터

| term | country_name | export_weight | import_weight | export_amoun | import_amount | trade_blance | target_type |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 2023 | 미국 | 0 | 254925.5 | 0 | 2210683 | -2210683 | 소 |
| 2023 | 미국 | 0.2 | 176287.5 | 3 | 579230 | -579227 | 돼지 |
| 2022 | 미국 | 0 | 264736.4 | 0 | 2624470 | -2624470 | 소 |
| 2022 | 미국 | 0 | 155019.3 | 0 | 551618 | -551618 | 돼지 |
| 2021 | 미국 | 12.5 | 259033.6 | 18 | 2172398 | -2172380 | 소 |
| 2021 | 미국 | 0 | 154419.5 | 0 | 492182 | -492182 | 돼지 |
| 2020 | 미국 | 0.2 | 254120.4 | 16 | 1815462 | -1815446 | 소 |
| 2020 | 미국 | 0 | 171274.4 | 0 | 463463 | -463463 | 돼지 |
| 2019 | 미국 | 0 | 247540.8 | 0 | 1825707 | -1825707 | 소 |
| 2019 | 미국 | 0 | 204445.3 | 0 | 540448 | -540448 | 돼지 |
| 2018 | 미국 | 0 | 224187.7 | 0 | 1635700 | -1635700 | 소 |
| 2018 | 미국 | 0 | 220703.6 | 0 | 577793 | -577795 | 돼지 |
| 2017 | 미국 | 0 | 189882.5 | 0 | 1256376 | -1256376 | 소 |
| 2017 | 미국 | 0 | 166990.3 | 0 | 438429 | -438429 | 돼지 |
| 2016 | 미국 | 57.5 | 168584.8 | 627 | 1034970 | -1034343 | 소 |
| 2016 | 미국 | 0 | 146546.7 | 0 | 378684 | -378684 | 돼지 |
| 2015 | 미국 | 14.3 | 115443.6 | 112 | 802632 | -802520 | 소 |
| 2015 | 미국 | 0 | 148380.4 | 0 | 441519 | -441519 | 돼지 |
| 2014 | 미국 | 57.3 | 111630.7 | 25 | 764716 | -764691 | 소 |
| 2014 | 미국 | 0 | 119347.3 | 0 | 390566 | -390566 | 돼지 |
| 2013 | 미국 | 303 | 101413.3 | 273 | 577994 | -577721 | 소 |
| 2013 | 미국 | 0 | 110453.4 | 0 | 305206 | -305206 | 돼지 |
| 2012 | 미국 | 7.7 | 105793.2 | 30 | 522796 | -522766 | 소 |
| 2012 | 미국 | 0 | 129685.5 | 0 | 383859 | -383859 | 돼지 |
| 2011 | 미국 | 57.5 | 128449.2 | 376 | 653580 | -653204 | 소 |
| 2011 | 미국 | 0 | 164222.3 | 0 | 511369 | -511369 | 돼지 |
| 2010 | 미국 | 267.6 | 92650.9 | 998 | 421938 | -420940 | 소 |
| 2010 | 미국 | 0 | 80776.3 | 0 | 179747 | -179747 | 돼지 |
| 2009 | 미국 | 319.6 | 61529.7 | 1054 | 285962 | -284908 | 소 |
| 2009 | 미국 | 0 | 94769.4 | 0 | 197185 | -197185 | 돼지 |
| 2008 | 미국 | 0 | 103513.4 | 0 | 240061 | -240061 | 돼지 |
| 2008 | 미국 | 0 | 32447.6 | 0 | 197306 | -197306 | 소 |
| 2007 | 미국 | 0 | 90953.3 | 0 | 218467 | -218467 | 돼지 |
| 2007 | 미국 | 0 | 14115 | 0 | 94458 | -94458 | 소 |
| 2006 | 미국 | 0.7 | 86284.7 | 4 | 189732 | -189728 | 돼지 |
| 2006 | 미국 | 0 | 2.2 | 0 | 440 | -440 | 소 |
| 2005 | 미국 | 0.1 | 62390.2 | 1 | 140781 | -140780 | 돼지 |
| 2005 | 미국 | 0 | 740.5 | 0 | 3890 | -3890 | 소 |
| 2004 | 미국 | 0 | 27787.2 | 0 | 102972 | -102972 | 소 |
| 2004 | 미국 | 0 | 22638.9 | 0 | 42389 | -42389 | 돼지 |
| 2003 | 미국 | 0 | 249051.6 | 0 | 889065 | -889065 | 소 |
| 2003 | 미국 | 2.8 | 13864.1 | 3 | 17944 | -17941 | 돼지 |
| 2002 | 미국 | 0 | 227681.9 | 0 | 656435 | -656435 | 소 |
| 2002 | 미국 | 0 | 16961.5 | 0 | 18584 | -18584 | 돼지 |

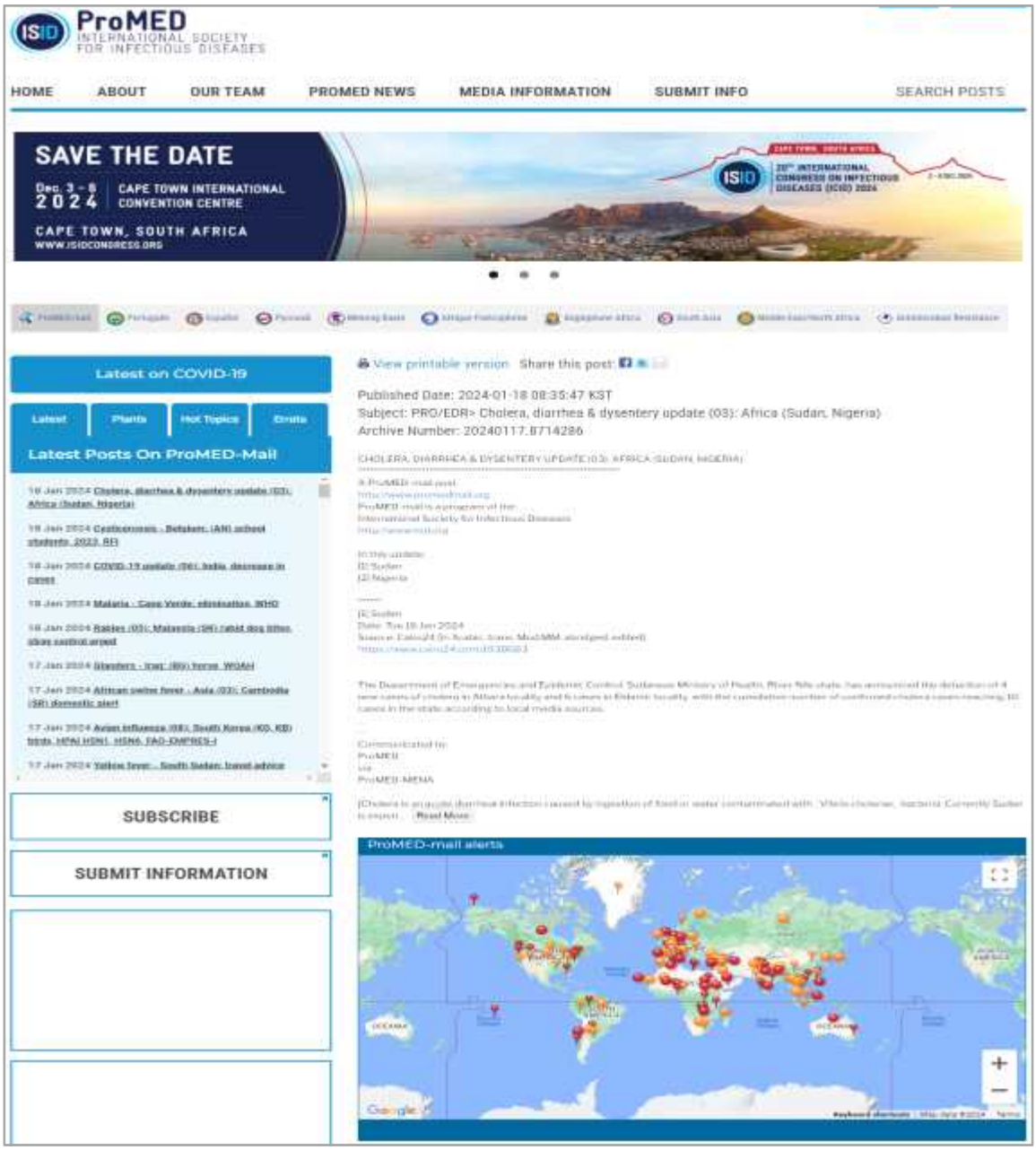
<관세청으로부터 수집된 미국의 년도별 축산물(소,돼지) 데이터>

- 웹크롤링 기술을 이용하여 감염병과 관련된 정보를 제공하는 ProMed 사이트 수집

  • ProMED-mail은 전 세계의 감염병과 관련된 정보를 실시간으로 제공하는 전문적인 전자우편 기반의 오픈 소스 감염병 감시 및 정보 공유 시스템

  • 세계 각지에서 활동하는 의료 전문가, 감염병 전문가, 보건 기관 등에서 제공하는 정보로 구성

  • 질병방생 위치정보 제공




<ProMed 사이트 - 최신정보 리스트 화면>

- 데이터 수집 과정

✓ Promed 데이터 수집 순서

① 최신 리스트 조회

https://promedmail.org/wp-admin/admin-ajax.php

| | |
|---|---|
| 입력 | post form-data<br>action=get_latest_posts&edate=&return_map=true&feed_id=1&seltype=latest&tz=GMT |
| 결 | |

| | |
|---|---|
| 과 | |

② 리스트 조회:

https://promedmail.org/wp-admin/admin-ajax.php

주의사항: timezone을 GMT로 설정해야 해당 일자의 데이터를 정확하게 수집

| | |
|---|---|
| 입력 | action:get_promed_search_content<br>query[0][name]:kwby1<br>query[0][value]:summary<br>query[1][name]:search<br>query[1][value]:<br>query[2][name]:show_us<br>query[2][value]:1<br>query[3][name]:date1<br>query[3][value]:01/01/2000<br>query[4][name]:date2<br>query[4][value]:01/31/2023<br>query[5][name]:feed_id<br>query[5][value]:1<br>tz:GMT<br>query[6][name]: pagenum<br>query[6][value]:1<br>query[7][name]: submit<br>query[7][value]: next<br>query[8][name]: show_us<br>query[8][value]: 1<br>query[9][name]: timezone<br>query[9][value]: GMT |
| 결과 | |

③ 리포트 상세 조회:

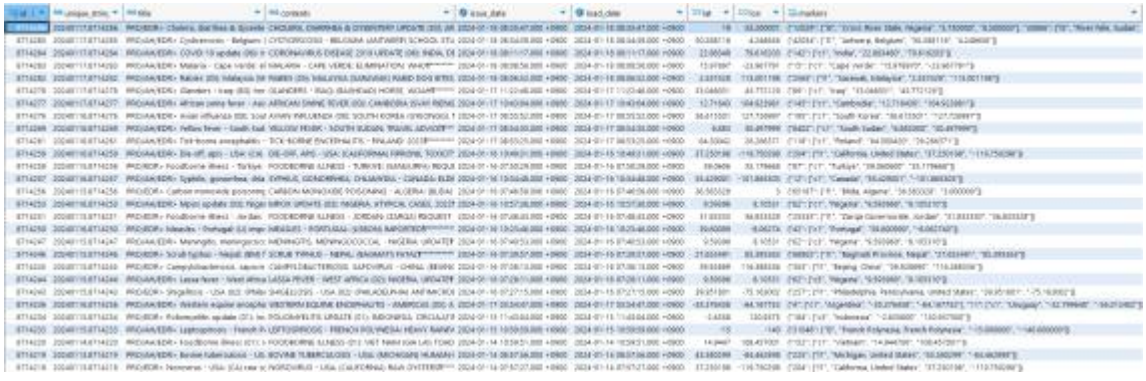
https://promedmail.org/wp-admin/admin-ajax.php

| | |
|---|---|
| 입력 | action=get_latest_post_data&alertId=8714276&tz=GMT |

• 원본 데이터 저장

<데이터베이스에 저장된 원본 데이터>

• 정제된 데이터



<데이터베이스에 저장된 서비스 활용을 위해 정제된 데이터>

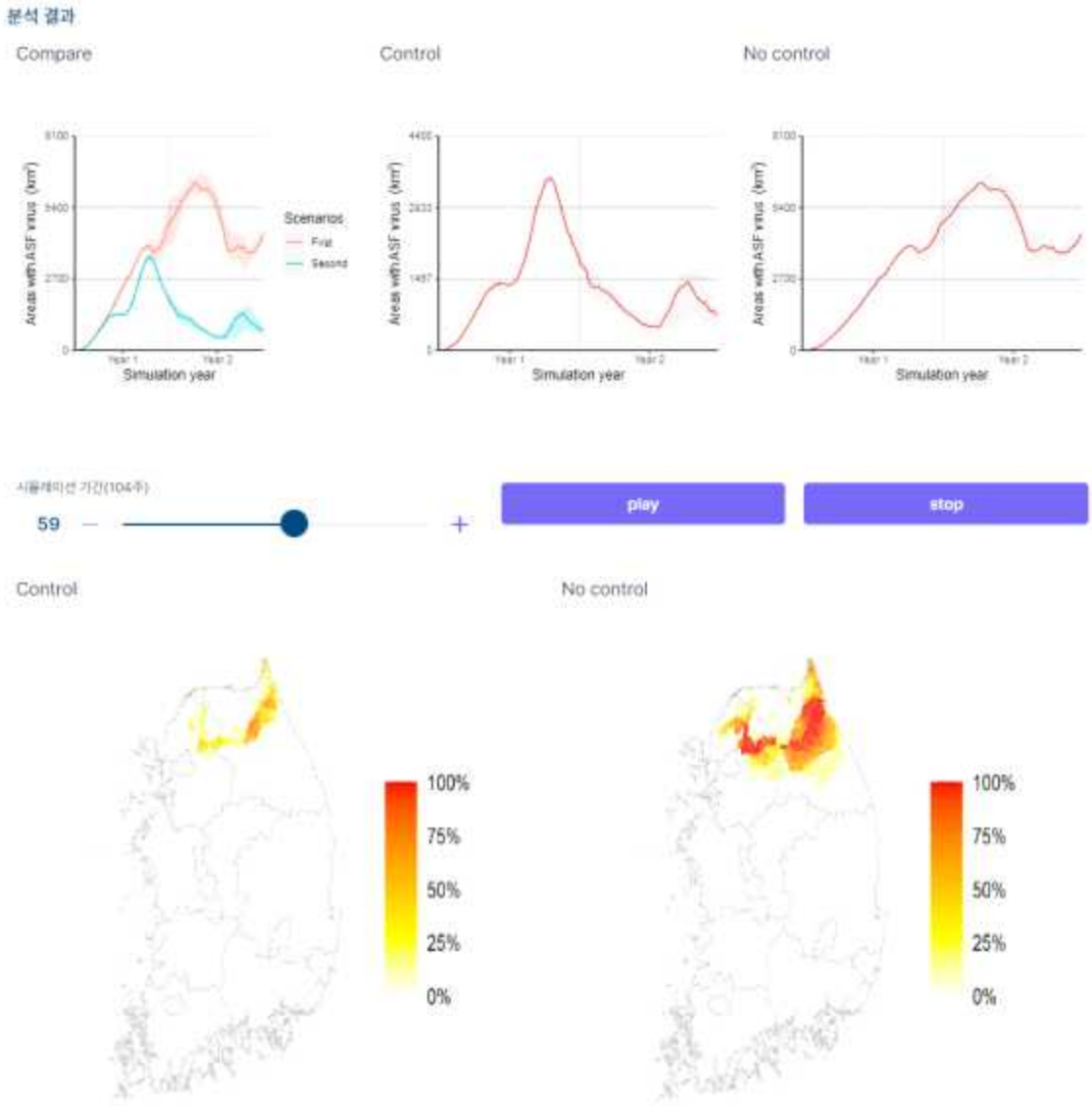
✓ 질병 발생 정보 구성 : PorMed 보고서의 내용 중 서비스에 필요한 항목만을 추출하여 데이터베이스 테이블을 구성하였으며 추출 항목은 아래와 같음

[표] ProMed 질병발생 정보 테이블

| 헤더(추출 항목) | 데이터 |
|---|---|
| id(아이디) | 8714286 |
| unique_string(관리번호) | 20240117.8714286 |
| title(제목) | PRO/EDR> Cholera, diarrhea & dysentery update (03): Africa (Sudan, Nigeria) |
| contents(메일 내용) | CHOLERA, DIARRHEA & DYSENTERY UPDATE (03): AFRICA (SUDAN, NIGERIA)<br>**********<br>A ProMED-mail post<br><http://www.promedmail.org><br>ProMED-mail is a program of the<br>International Society for Infectious Diseases<br><http://www.isid.org><br><br>In this update:<br>[1] Sudan<br>[2] Nigeria<br>... |
| issue_date(발생일) | 2024-01-18 08:35:47.000 +0900 |
| load_date(게시일) | 2024-01-18 08:35:47.000 +0900 |
| lat(대표 위도) | 19.0 |
| lon(대표 경도) | 33.200001 |
| markers<br>(발생지 좌표리스트) | {<br>"12029": [<br>"13",<br>"Cross River State, Nigeria",<br>"5.750000",<br>"8.500000"<br>],<br>"30886": [<br>"13",<br>"River Nile, Sudan",<br>"19.000000",<br>"33.200001"<br>]<br>} |

### 3) 지리정보시스템 기반 질병전파 시뮬레이션 결과 시각화 시스템 구축

- GIS 기반 질병전파 시뮬레이션 결과 시각화 시스템 개발




<질병전파 시뮬레이션 결과를 GIS기반으로 표현>

- 전세계 질병발생 상황과 분석 데이터를 함께 시각화할 수 있도록 구현

  • WOAH로부터 수집한 전세계의 ASF, HPAI, FMD질병의 발생위치정보(위도, 경도)를 통해 시각화 구현

| startdate | enddate | diseaseshortnm | country | latitude | longitude |
|---|---|---|---|---|---|
| 2023-01-23 | [NULL] | HPAI | Peru | -7.24394 | -79.41299 |
| 2023-02-05 | 2023-02-24 | ASF | Singapore | 1.41738 | 103.94522 |
| 2023-01-06 | [NULL] | HPAI | Peru | -7.37017 | -78.11983 |
| 2023-02-05 | 2023-02-24 | ASF | Singapore | 1.41926 | 103.77304 |
| 2023-01-04 | 2023-02-06 | FMD | Jordan | 32.1273 | 36.2775 |
| 2023-02-05 | 2023-02-24 | ASF | Singapore | 1.41715 | 103.68769 |
| 2023-02-05 | 2023-02-24 | ASF | Singapore | 1.44375 | 103.73538 |
| 2023-01-26 | 2023-03-06 | FMD | Jordan | 32.1261 | 36.2768 |
| 2023-02-01 | [NULL] | HPAI | Peru | -10.42454 | -77.97796 |
| 2023-03-10 | [NULL] | FMD | Libya | 32.3013 | 14.8931 |
| 2023-02-01 | [NULL] | HPAI | Peru | -7.35766 | -78.16037 |
| 2023-03-13 | [NULL] | FMD | Libya | 32.0964 | 15.1353 |
| 2023-01-04 | 2023-02-17 | ASF | Bhutan | 26.90425 | 90.45998 |
| 2023-01-13 | [NULL] | HPAI | Peru | -7.1459 | -78.5151 |
| 2023-01-12 | 2023-01-18 | FMD | Israel | 32.9905 | 35.8073 |

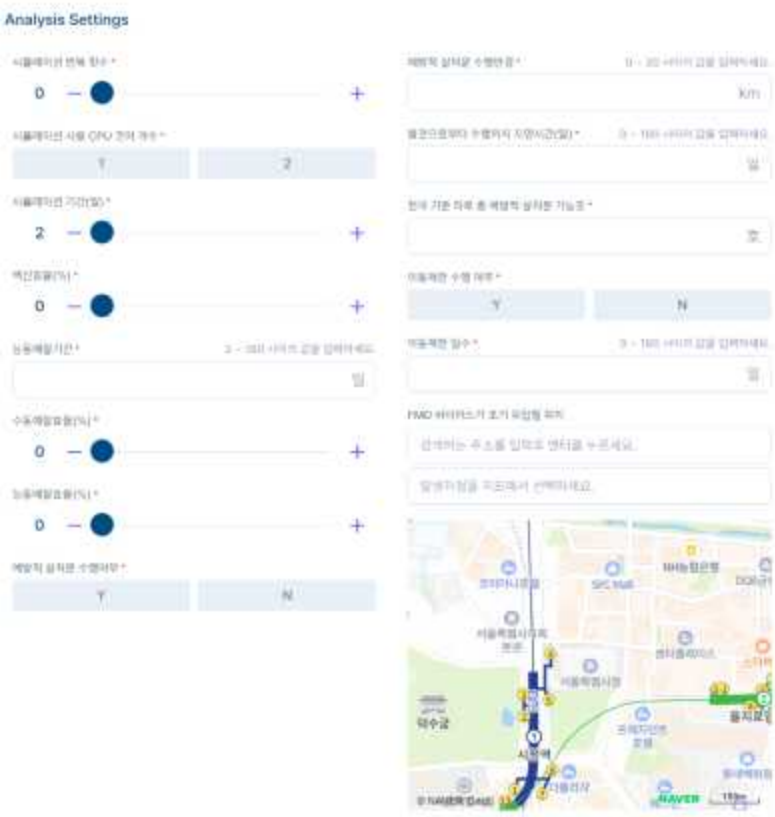
<2023년도 발생한 질병의 국가 및 발생 위치정보>

<전세계 HPAI 발생 국가 표시>

- 국내(시군구, 읍면동 단위) 지리정보 기반 질병전파 결과를 시각화 할 수 있도록 구현

  • FMD 시뮬레이션 입력에 초기 유입될 위치를 지정하도록 지도 정보를 활용하여 설정함

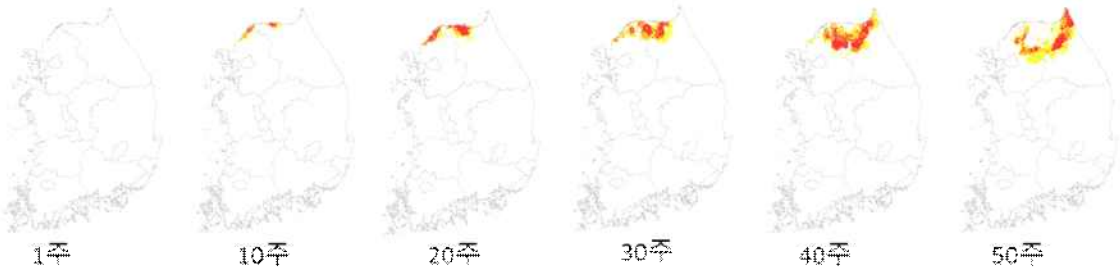
  • Korea 2000(EPSG 5179)에 따른 데카르트 좌표계 사용




<GIS를 활용한 FMD 초기 유입될 위치 지정>

- 시뮬레이션 결과를 대응시나리오에 맞춰 표현할 수 있도록 다양한 공간기간 시각화 기법 구현

  • ASF 분석결과를 시뮬레이션 기간의 진행순으로 질병전파를 디스플레이할 수 있도록 수현

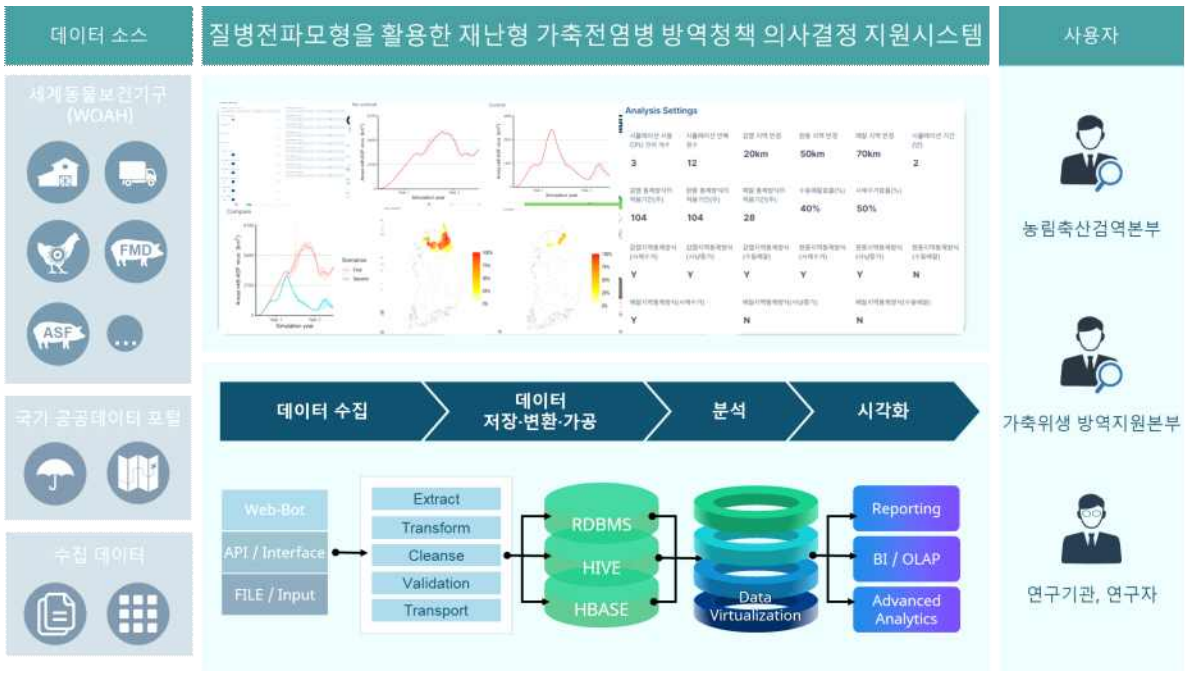



<시간대별로 변화하는 시뮬레이션 결과를 GIS를 활용하여 지도에 표시>

### 4) 질병전파모형을 활용한 가축전염병 방역정책 의사결정 지원시스템 구축

- OLAP(온라인 분석 처리) 기반 다양한 질병전파모형을 활용한 가축전염병 방역청책 의사결정 지원시스템 개발

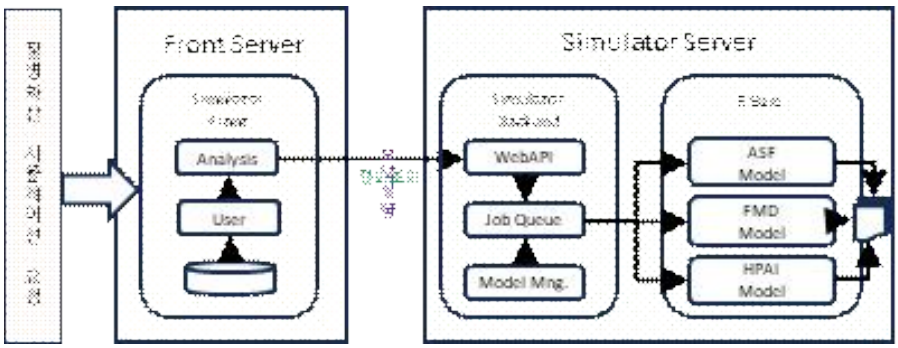
- 수집 소스 및 데이터 종류가 증가하더라도 유연한 확장과 특성 관리가 가능하도록 개발함
- 수집 정보의 고유 특성과 생성 포인트 관리가 가능하여 관계 기관의 목적 및 데이터 보안 특성에 따라 유연한 데이터 구성이 가능하도록 개발함
- 가축질병 관련 수집 시스템을 노드 단위로 구성하고 클러스터 단위의 패키징이 가능하도록 개발하여 클라우드 인프라 단위의 서비스 패키징이 가능하여 서비스 관리 및 보안 관리에 유연성과 민첩한 확장성 확보




<수리통계모델을 활용한 감염병 유입 확산 예측을 통한 의사결정 지원 시스템>

– 다양한 통계분석모델 분석을 민첩하게 수행하고 분석결과를 관리할 수 있는 클라우드 기반의 분석모델 및 환경관리 시스템 개발

- 수리통계 모델을 활용한 감염병 유입 확산 예측 시스템 구성도




<수리통계 모델을 활용한 감염병 유입 확산 예측 시스템 구성도1>

✓ 프론트 서버

▸Java SpringBoot 기반으로 개발

▸시스템 사용자 및 메뉴등 시스템 환경을 관리

▸Backend Simulator과 RestApi통신을 통해 각 모델의 분석 요청 및 결과 저장

✓ Simulator Server

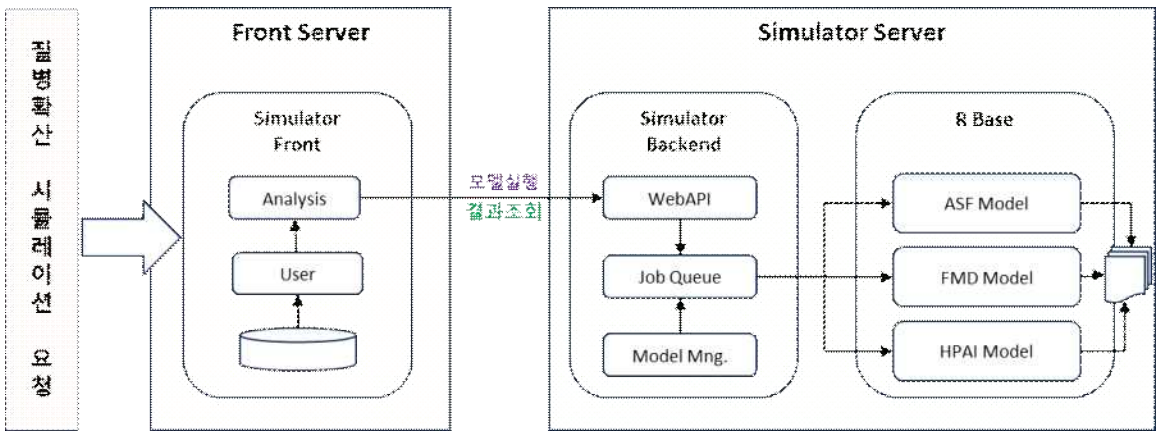
▸시뮬레이션 요청 API를 통해 시뮬레이션 수행

R 모델(ASF, FMD, HPAI)을 실행시키고, 모델 수행의 완료를 모니터링

▸시뮬레이션 결과 API를 통해 프론트에 수행 완료 및 결과 데이터 제공

▸시뮬레이션 요청 job 스케쥴링 관리

수리통계 모델을 많은 시간과 많은 시스템 자원을 소모하므로 동시에 여러개의 시뮬레이션을 수행할 수 없으므로, Job Queue를 활용한 시뮬레이션 요청을 관리(현재 시스템에서는 각 모델별로 최대 2개를 동시 수행하도록 설정)




<수리통계 모델을 활용한 감염병 유입 확산 예측 시스템 구성도2>

• ASF 분석 모델

✓ 개요

▸패키지는 대한민국 야생멧돼지에서 ASF 전파를 시뮬레이션하기위해 개발한 모델로 2019년 10월 초 ASF의 최초 발생을 기점으로 그 이후 ASF의 전파양상을 시뮬레이션함

▸모델의 시간단위는 1주이며, 최초유입 이후 총 5년까지 시뮬레이션

▸통제정책

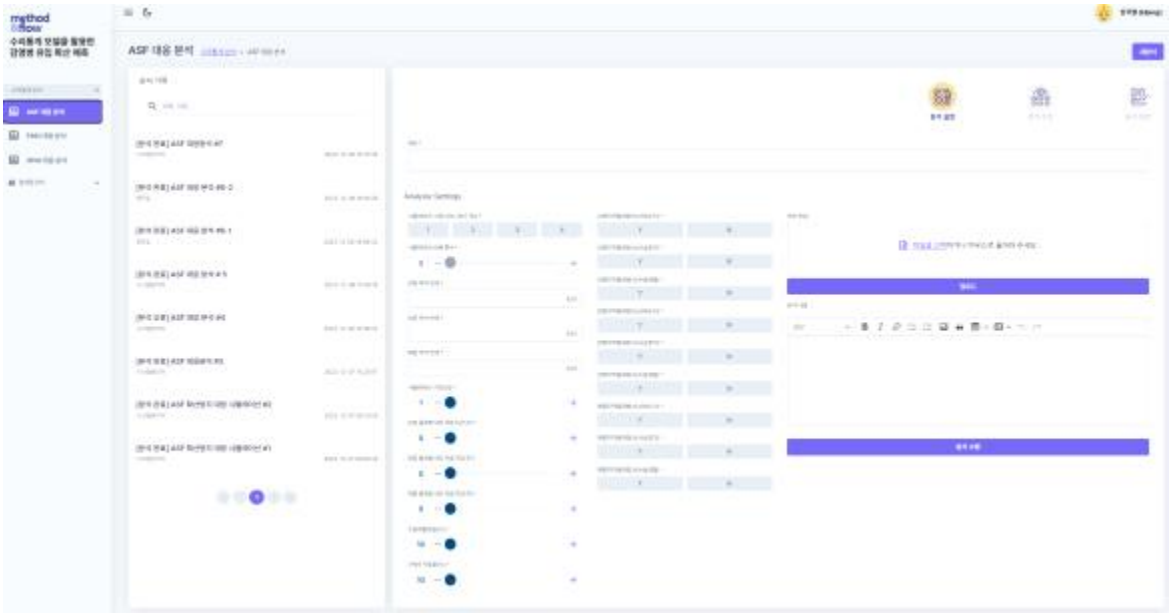
수동예찰, 멧돼지 사체 수거율, 사냥율

✓ 시뮬레이터 입력 파라미터

[표] ASF 입력 파라미터

| ASF 입력 파라미터 | | | | |
|---|---|---|---|---|
| 번호 | 파라미터 | 내용 | 샘플 | 샘플 설명 |
| 1 | sim_iter | 시뮬레이션 반복횟수 | 40 | |
| 2 | sim_cores | 시뮬레이션 사용 cpu 코어 갯수 | 4 | |
| 3 | sim_year | 시뮬레이션 기간(년) | 2 | |
| 4 | dist_inf | 감염 지역 반경 | 5 | |
| 5 | dist_buff | 완충 지역 반경 | 10 | |
| 6 | dist_surv | 예찰 지역 반경 | 15 | |
| 7 | dura_inf | 감염 통제방식의 적용기간 ㈜ | 8 | |
| 8 | dura_buff | 완충 통제방식의 적용기간 ㈜ | 4 | |
| 9 | dura_surv | 예찰 통제방식의 적용기간 ㈜ | 4 | |
| 10 | effi_psurv | 수동 예찰 효율 | 1 | 1.0: 이는 수거된 멧돼지 사체 및 사냥된 멧돼지들 100%를 대상으로 ASF 검사를 수행한다는 뜻입니다. |
| 11 | effi_pcarc | 사체수거 효율 | 0.4 | 0.4: 이는 한 멧돼지 서식지에 존재하는 모든 사체의 40%에 해당하는 수를 1년동안 제거한다는 뜻입니다. |
| 12 | opt_carc_inf | 감염지역통제방식(사체수거) | 1 | 1/0 |
| 13 | opt_hunt_inf | 감염지역통제방식(사냥증가) | 1 | 1/0 |
| 14 | opt_surv_inf | 감염지역통제방식(수동예찰) | 1 | 1/0 |
| 15 | opt_carc_buff | 완충지역통제방식(사체수거) | 1 | 1/0 |
| 16 | opt_hunt_buff | 완충지역통제방식(사냥증가) | 1 | 1/0 |
| 17 | opt_surv_buff | 완충지역통제방식(수동예찰) | 1 | 1/0 |
| 18 | opt_carc_surv | 예찰지역통제방식(사체수거) | 0 | 1/0 |
| 19 | opt_hunt_surv | 예찰지역통제방식(사냥증가) | 0 | 1/0 |
| 20 | opt_surv_surv | 예찰지역통제방식(수동예찰) | 0 | 1/0 |

✓ 시뮬레이션 입력 화면



<ASF 모델 분석 입력 화면>

✓ 시뮬레이션 결과 화면

<ASF 모델 분석 결과 화면>

• FMD 분석 모델

✓ 개요

▸대한민국 소와 돼지 농가에서 FMD 전파를 시뮬레이션

▸전파모델은 농장 간 전파모델로, 농장 내 동물 간 전파는 가정되지 않았음.

▸ 모델의 시간단위는 1일.

▸ 통제정책

능동예찰, 수동예찰, 예방적 살처분, 이동제한

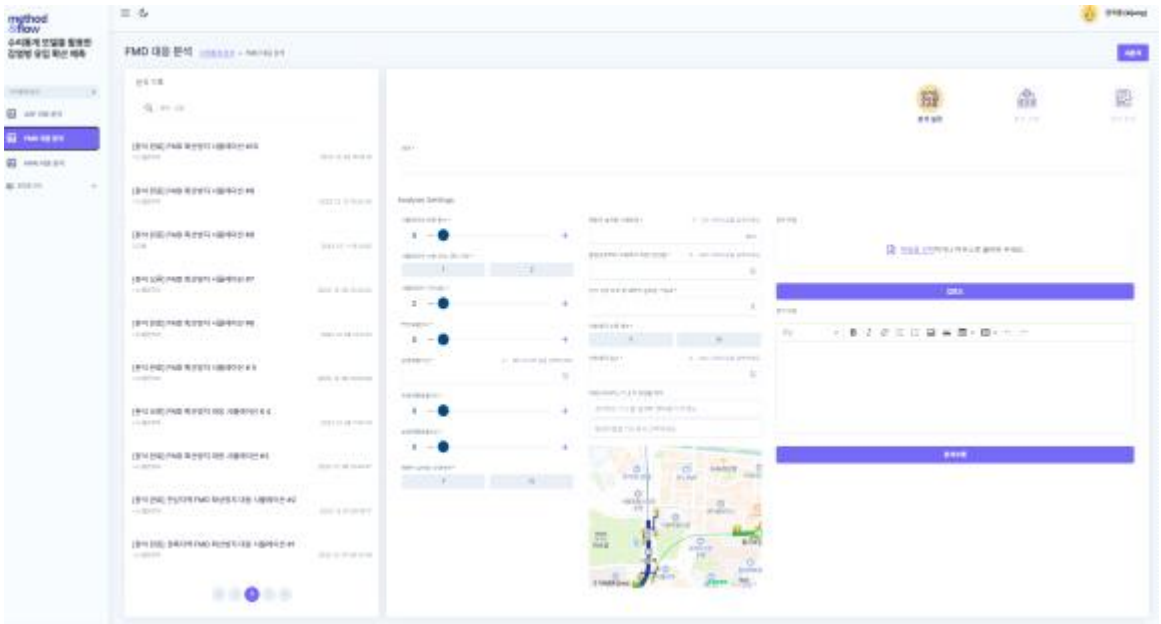
▸ 백신 효율만을 사용자가 조정할 수 있도록 모델을 설계

✓ 시뮬레이터 입력 파라미터

[표] FMD 입력 파라미터

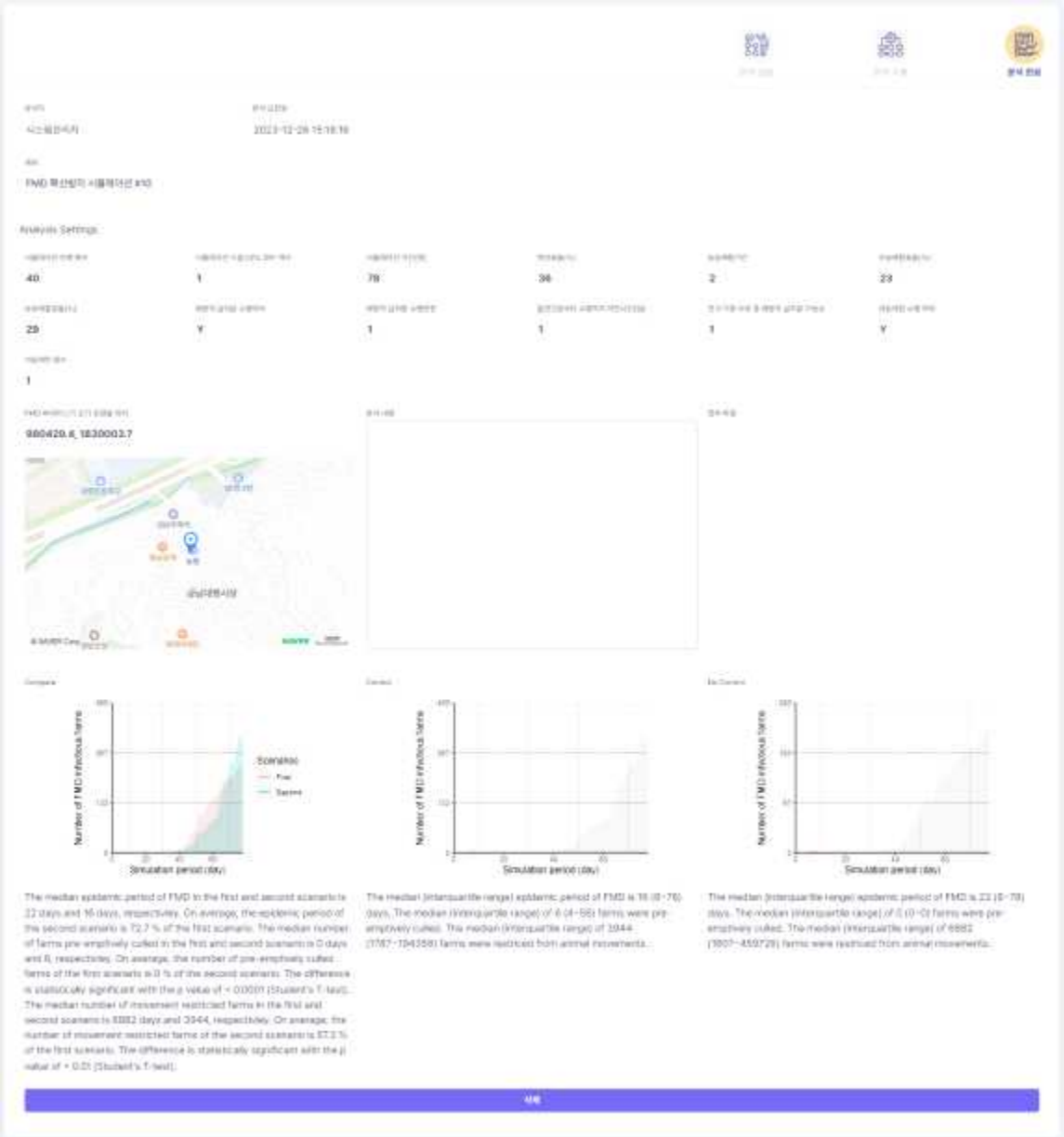
| FMD 입력 파라미터 | | | | |
|---|---|---|---|---|
| 번호 | 파라미터 | 내용 | 샘플 | **샘플설명** |
| 1 | sim_iter | 시뮬레이션 반복횟수 | 40 | |
| 2 | sim_cores | 시뮬레이션 사용 cpu 코어 갯수 | 2 | |
| 3 | sim_days | 시뮬레이션 기간(일) | 180 | |
| 4 | vac_vaceff | 백신효율 | 0.9 | |
| 5 | surv_dsurv | 능동예찰기간 | 3 | |
| 6 | surv_passurv | 수동예찰효율 | 0.5 | 수동 예찰 효율 50%의 의미는 하루동안 농장 주가 증상축을 발견할 확률이 50% |
| 7 | surv_actsurv | 능동예잘효율 | 0.95 | |
| 8 | precull_precull | 예방적살처분 수행여부 | 1 | |
| 9 | precull_rprecull | 예방적살처분 수행반경 | 1 | 1 km |
| 10 | precull_delayprecull | 발견으로부터 수행까지 지연시간(일) | 3 | 3일 |
| 11 | precull_maxprecull | 전국기준 하루 총 예방적살처분 가능 호 | 100 | 100호 |
| 12 | moveres_moveres | 이동제한 수행 여부 | 1 | |
| 13 | moveres_dmoveres | 이동제한 일수 | 10 | (양성축이 발견된 날로부터 10일간 반경 20km이내에 소재한 인근 농가에 부여됨) |
| 14 | intro_x | FMD 바이러스가 초기 유입될 위치 X축 | 904485 | Korea 2000(EPSG 5179)에 따른 데카르트 좌표계 |
| 15 | intro_y | FMD 바이러스가 초기 유입될 위치 Y축 | 1959620 | |

✓ 시뮬레이션 입력 화면



<FMD 모델 분석 입력 화면>

✓ 시뮬레이션 결과 화면



<FMD 모델 분석 결과 화면>

• HPAI 분석 모델

✓ 개요

▸ 대한민국 가금 농가에서 HPAI 전파를 시뮬레이션함

▸ 전파모델은 농장 간 전파모델로, 농장 내 동물 간 전파는 가정되지 않음

▸ 모델의 시간단위는 1일. 최대 모델 가능 기간은 180일.

▸ 모델에서 재현된 철새 도래지는 총 일곱지역

권역에 따라 경기북부 (GB), 경기남부 및 충청 북부 (GC), 전북 (JB), 전남 (JN), 강원 (KW), 경상북부 (KB), 경상남부 (KN)

▸ 통제정책

능동예찰, 예방적 살처분, 이동제한.

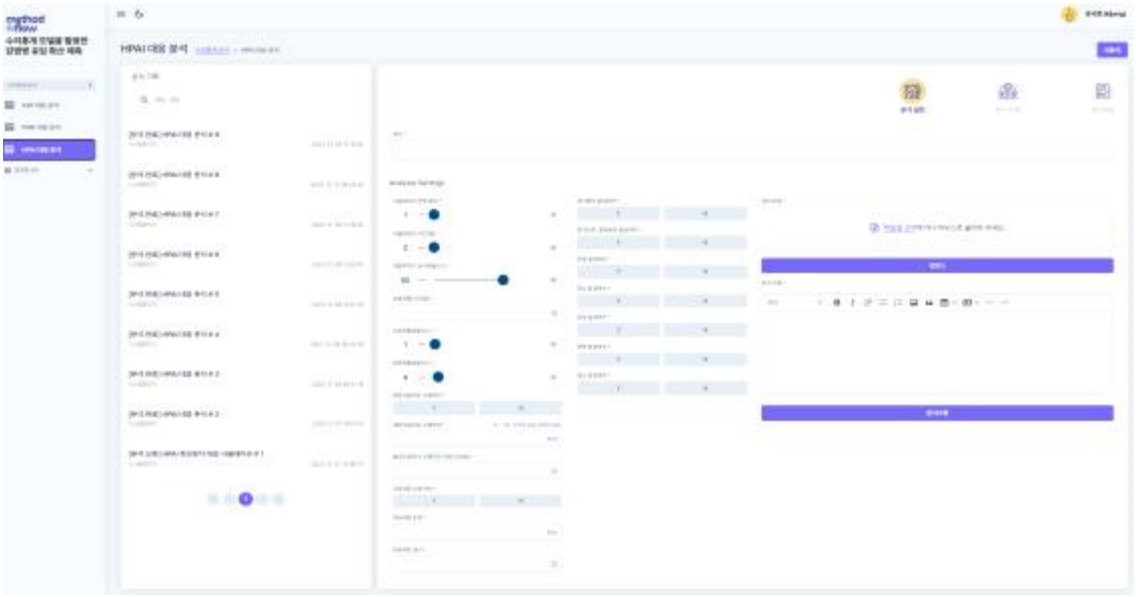
✓ 시뮬레이터 입력 파라미터

[표] HPAI 입력 파라미터

| HPAI 입력 파라미터 | | | | |
|---|---|---|---|---|
| 번호 | **파라미터** | **내용** | **샘플** | **샘플설명** |
| 1 | sim_iter | 시뮬레이션 반복횟수 | 1000 | |
| 2 | sim_days | 시뮬레이션 기간(일) | 180 | |
| 3 | p_rest | 겨울휴지기 농가비율 | 0.65 | 65%라고 가정 |
| 4 | surv_dsurv | 능동예찰기간(일) | 120 | |
| 5 | surv_passurv | 수동예찰효율 | 0.01 | 수동 예찰 효율 1% |
| 6 | surv_actsurv | 능동예잘효율 | 0.035 | 능동예찰 효율 3.5% |
| 7 | precull_precull | 예방적살처분 수행여부 | 1 | 수행 |
| 8 | precull_rprecull | 예방적살처분 수행반경 | 3 | 3km |
| 9 | precull_delayprecull | 발견으로부터 수행까지 지연시간(일) | 1 | 1일 |
| 10 | moveres_moveres | 이동제한 수행 여부 | 1 | |
| 11 | moveres_rmoveres | 이동제한 반경 | 10 | 반경 10 km이내 인근 농가 |
| 12 | moveres_dmoveres | 이동제한 일수 | 120 | 양성축이 발견된 날로부터 120일 |
| 13 | intro_gb | 경기북부 | 1 | 철새도래지 권역별로 7곳에서 발생여부 |
| 14 | intro_gc | 경기남부, 충청북부 | 1 | 1/0 |
| 15 | intro_jb | 전북 | 1 | 1/0 |
| 16 | intro_jn | 전남 | 1 | 1/0 |
| 17 | intro_kw | 강원 | 1 | 1/0 |
| 18 | intro_kb | 경북 | 1 | 1/0 |
| 19 | intro_kn | 경남 | 1 | 1/0 |
| 20 | intro_x | 위치 X축 | 904485 | HPAI 바이러스가 최초유입 농가인 경유 혹은 인근지역 위치<br>Korea 2000(EPSG 5179)<br>실제 사용하지 않음 |
| 21 | intro_y | 위치 Y축 | 195962 | |

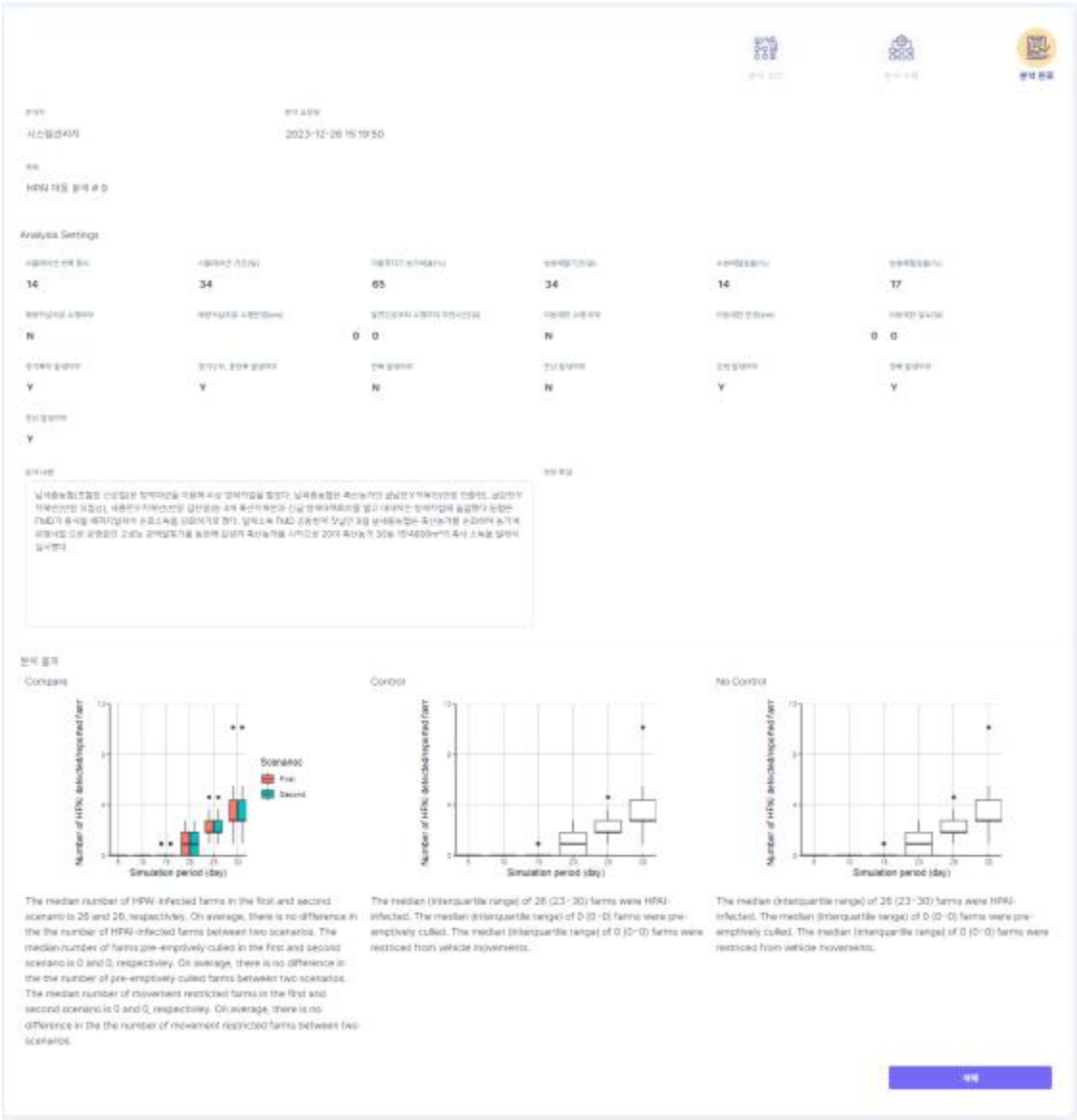
| | | | | |
|---|---|---|---|---|
| | | | 0 | |

✓ 시뮬레이션 입력 화면



<HPAI 모델 분석 입력 화면>

✓ 시뮬레이션 결과 화면




<HPAI 모델 분석 결과 화면>

• Front와 시뮬레이터간 API 명세

✓ 시뮬레이터는 RestAPI를 제공하여 프론트 서버와 독립적으로 구성

✓ API 명세서는 별첨문서 KWARE_시뮬레이터API명세서_v1.4.docx를 참고.

✓ ASF 시뮬레이션 요청 API

| | |
|---|---|
| 요청주소 | /trans_simulate/asf/v2<br>body json value |
| 입력 | { "sim_iter": 20, |

| | |
|---|---|
| 파라미터 샘플 | <pre>{<br>"sim_cores": 4,<br>"sim_year": 2,<br>"dist_inf": 5,<br>"dist_buff": 10,<br>"dist_surv": 15,<br>"dura_inf": 8,<br>"dura_buff": 4,<br>"dura_surv": 4,<br>"effi_psurv": 20,<br>"effi_pcarc": 30,<br>"opt_carc_inf": "Y",<br>"opt_hunt_inf": "Y",<br>"opt_surv_inf": "Y",<br>"opt_carc_buff": "Y",<br>"opt_hunt_buff": "Y",<br>"opt_surv_buff": "Y",<br>"opt_carc_surv": "Y",<br>"opt_hunt_surv": "Y",<br>"opt_surv_surv": "Y"<br>}</pre> |
| 결과 샘플 | <pre>{<br>"savepath": "2023\\11\\a8c4240d-4d27-488b-a116-92f1491a72d4",<br>"keyfile": "__trans__asf__2023__11__a8c4240d-4d27-488b-a116-92f1491a72d4"<br>}</pre> |

✓ FMD 시뮬레이션 요청 API

| | |
|---|---|
| 요청 주소 | /trans_simulate/fmd/v2<br>body json value |
| 입력 파라미터 샘플 | <pre>{<br>"sim_iter":40<br>,"sim_cores":2<br>,"sim_days":180<br>,"vac_vaceff":90<br>,"surv_dsurv":3<br>,"surv_passurv":50<br>,"surv_actsurv":95<br>,"precull_precull":"Y"<br>,"precull_rprecull":1.0<br>,"precull_delayprecull":3<br>,"precull_maxprecull":100<br>,"moveres_moveres":"Y"<br>,"moveres_dmoveres":10.0<br>,"intro_x":904485<br>,"intro_y":1959620<br>}</pre> |
| 결과 | <pre>{<br>"savepath": "2023\\11\\7e93dacf-8368-4a34-a38b-95d58b88a29f",</pre> |

| | |
|---|---|
| 샘플 | "keyfile": "__trans__fmd__2023__11__7e93dacf-8368-4a34-a38b-95d58b88a29f"<br>} |

✓ HPAI 시뮬레이션 요청 API

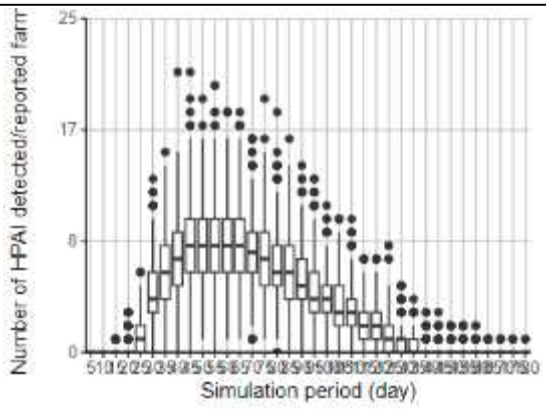
| | |
|---|---|
| 요청주소 | /trans_simulate/hpai/v1<br>body json value |
| 입력파라미터샘플 | {<br>"sim_iter":1000<br>,"sim_days":180<br>,"p_rest":65<br>,"surv_dsurv":120<br>,"surv_passurv":1<br>,"surv_actsurv":3<br>,"precull_precull":"Y"<br>,"precull_rprecull":3.0<br>,"precull_delayprecull":120<br>,"moveres_moveres":"Y"<br>,"moveres_rmoveres":10.0<br>,"moveres_dmoveres":120<br>,"intro_gb":"Y"<br>,"intro_gc":"Y"<br>,"intro_jb":"Y"<br>,"intro_jn":"Y"<br>,"intro_kw":"Y"<br>,"intro_kb":"Y"<br>,"intro_kn":"Y"<br>,"intro_x":0<br>,"intro_y":0<br>} |
| 결과샘플 | {<br>"savepath": "2023\\11\\c199ad36-294b-42df-afd9-c00e3eb09258",<br>"keyfile": "__trans__hpai__2023__11__c199ad36-294b-42df-afd9-c00e3eb09258"<br>} |

✓ 시뮬레이션 완료 여부 확인 API

| | |
|---|---|
| 요청주소 | trans_simulate/{keyfile}/complete/v1 |
| 입력파라미터샘 | /trans_simulate/__trans__hpai__2023__11__4fea081f-a6b2-4c12-a8fb-d519761f8a21<br>/input_parameter.json/file/v1 |

| 플 | |
|---|---|
| 결과 샘플 | {<br>"status": 1,<br>"message": "정상 종료되었습니다."<br>} |

✓ 시뮬레이션 결과 파일 다운로드 API

| 요청 주소 | /trans_simulate/{key}/{filename}/file/v1 |
|---|---|
| 입력 파라미터 샘플 | http://172.30.1.123:8088/trans_simulate/__trans__hpai__2023__11__4fea081f-a6b2-4c12-a8fb-d519761f8a21/line_control.svg/file/v1 |
| 결과 샘플 |  |

▸ASF 결과 파일 리스트

[표] ASF 결과 파일 리스트

| 이름 | 타입 | 설명 | 기타 |
|---|---|---|---|
| input_parameter.json | json | 요청한 입력 파라미터 | |
| line_compare.svg | svg | 결과비교 라인 차트 이미지 | |
| line_control.json | json | 통제가 적용된 결과 파일 | |
| line_control.svg | svg | 통제가 적용된 라인차트 이미지 | |
| line_nocontrol.json | json | 통제가 없는 결과 파일 | |
| line_nocontrol.svg | svg | 통제가 없는 라인차트 이미지 | |
| map_control_0101.jpg | jpg | 통제가 적용된 지도 이미지 | 요청한 년도가 2년이면 0101~0152, 0201~ 0205로 총 104개로 이미지가 있음(1년 52주) |
| map_nocontrol_0101.jpg | jpg | 통제가 없는 지도 이미지 | |
| result.txt | txt | 수행중에 console에print한 내용 | |
| abnormal_result.txt | txt | 비정상 종료시 오류를 | |

| | | | |
|---|---|---|---|
| | | console에print한 내용 | |
| result_nocontrol.txt | txt | 통제가 없는 결과 텍스트 파일 | 없거나 0byte 있을 수 있음 |
| result_control.txt | txt | 통제가 있는 텍스트 파일 | 없거나 0byte 있을 수 있음 |
| result_compare.txt | txt | 비교결과 있는 텍스트 | 없거나 0byte 있을 수 있음 |

▸FMD 결과 파일

[표] FMD 결과 파일 리스트

| 이름 | 타입 | 설명 | 기타 |
|---|---|---|---|
| input_parameter.json | json | 요청한 입력 파라미터 | |
| line_compare.svg | svg | 결과비교 라인 차트 이미지 | |
| line_control.json | json | 통제가 적용된 결과 파일 | |
| line_control.svg | svg | 통제가 적용된 라인차트 이미지 | |
| line_nocontrol.json | json | 통제가 없는 결과 파일 | |
| line_nocontrol.svg | svg | 통제가 없는 라인차트 이미지 | |
| abnormal_result.txt | txt | 비정상 종료시 오류를 console에print한 내용 | |
| result_nocontrol.txt | txt | 통제가 없는 결과 텍스트 파일 | 없거나 0byte 있을 수 있음 |
| result_control.txt | txt | 통제가 있는 텍스트 파일 | 없거나 0byte 있을 수 있음 |
| result_compare.txt | txt | 비교결과 있는 텍스트 | 없거나 0byte 있을 수 있음 |

▸HPAI 결과 파일

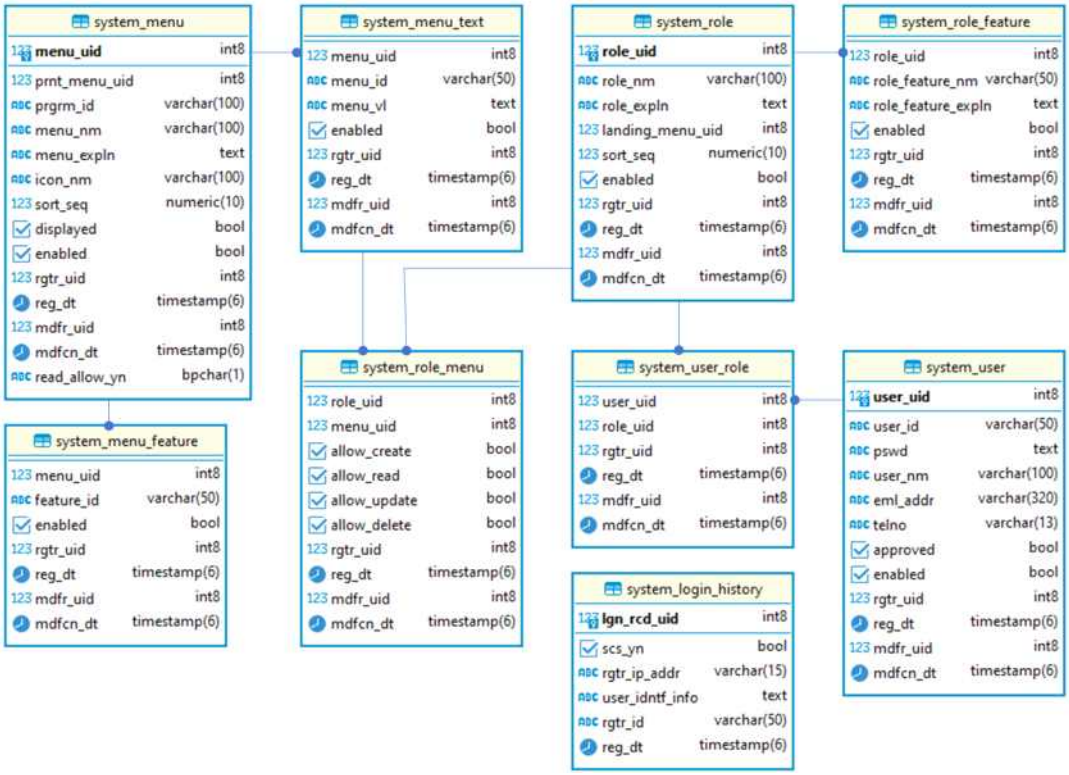
[표] HPAI 결과 파일 리스트

| 이름 | 타입 | 설명 | 기타 |
|---|---|---|---|
| input_parameter.json | json | 요청한 입력 파라미터 | |
| line_compare.svg | svg | 결과비교 라인 차트 이미지 | |
| line_control.json | json | 통제가 적용된 결과 파일 | |
| line_control.svg | svg | 통제가 적용된 라인차트 이미지 | |
| line_nocontrol.json | json | 통제가 없는 결과 파일 | |
| line_nocontrol.svg | svg | 통제가 없는 라인차트 이미지 | |
| abnormal_result.txt | txt | 비정상 종료시 오류를 console에print한 내용 | |
| result_nocontrol.txt | txt | 통제가 없는 결과 텍스트 파일 | 없거나 0byte 있을 수 있음 |
| result_control.txt | txt | 통제가 있는 텍스트 파일 | 없거나 0byte 있을 수 있음 |
| result_compare.txt | txt | 비교결과 있는 텍스트 | 없거나 0byte 있을 수 있음 |

- 사용자 접근권한 설정 및 데이터 관리 시스템 개발

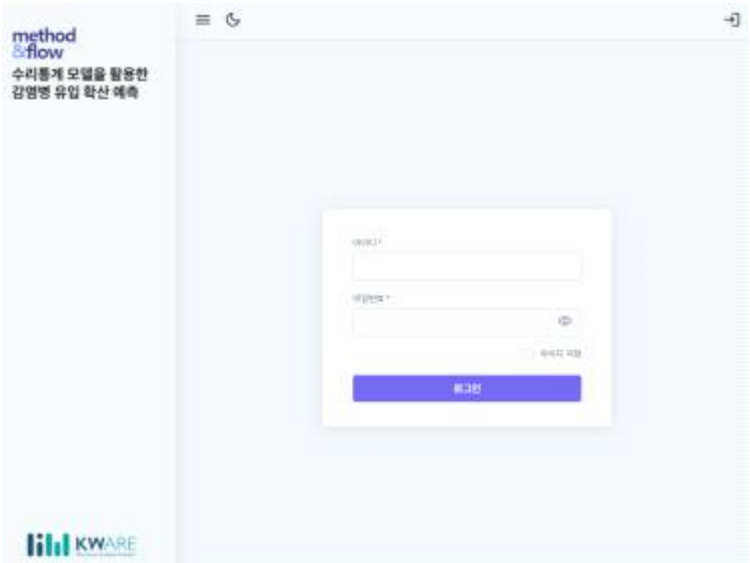
연구에서 사용자 접근권한을 구현하기 위해 사용자, 역할, 데이터 등을 관리하기위한 데이터베이스 스키마를 작성하고 초기 데이터를 적재 하였고, 운영자가 역할 및 권한을 관리할 수 있는 직관적인 UI를 구현함

• 접근 권한 정보를 저장할 데이터베이스 테이블을 구성




<사용자 권한을 설장하도록 구성한 테이블 구성>

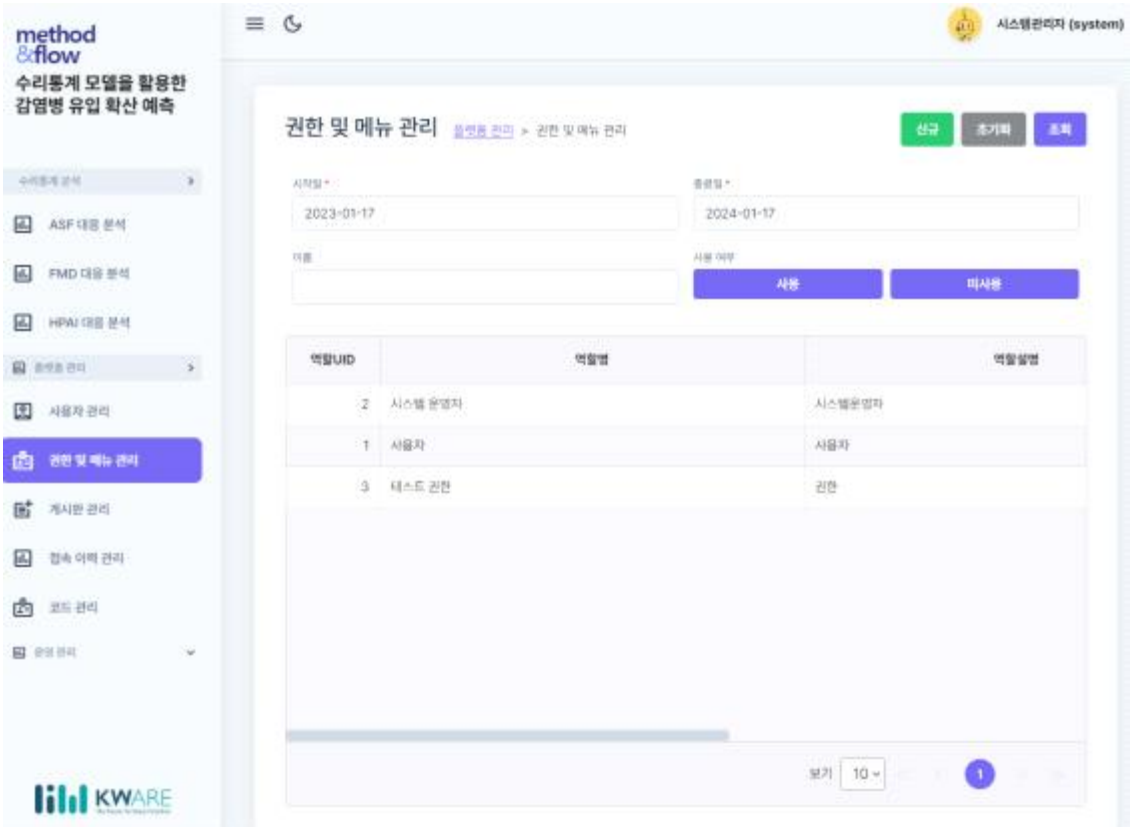
• 사용자 인증 시스템 구현




<사용자 로그인 화면>

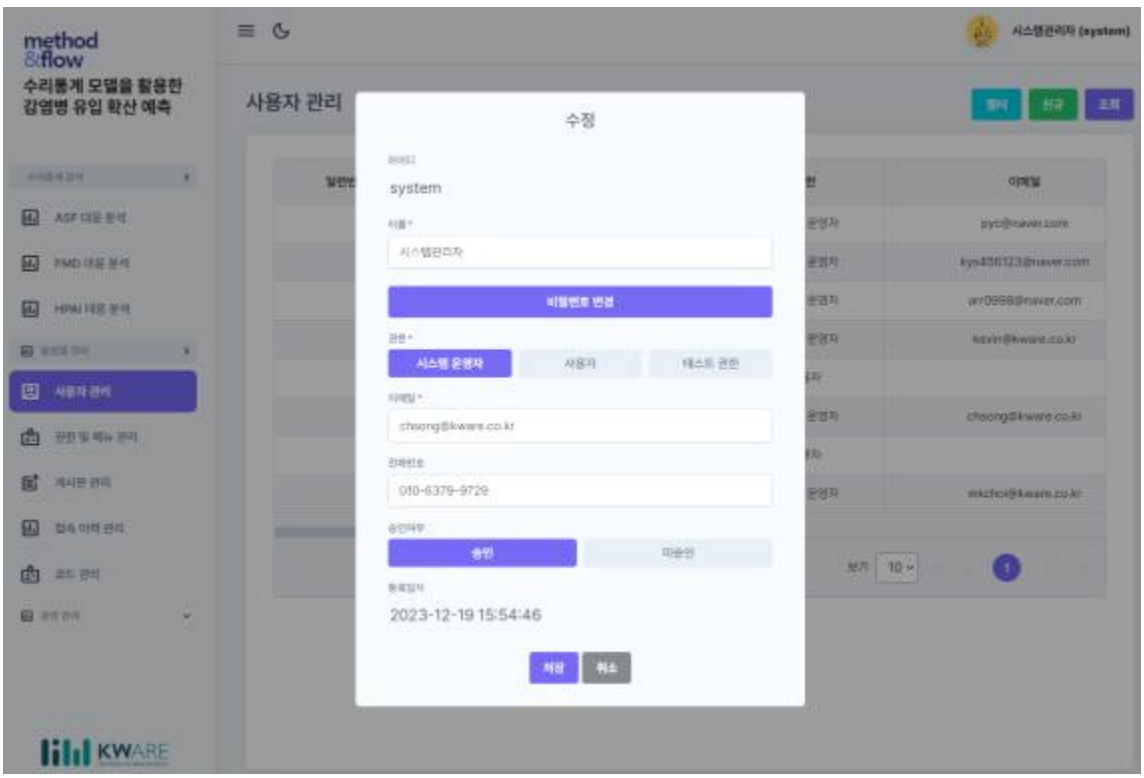
• 사용자 그룹에 따라 다른 권한을 할당하도록 함

✓ 시스템의 권한을 관리하며, 신규로 생성하고, 수정하도록 구현




<시스템 권한 및 메뉴관리>

✓ 사용자를 등록 관리하며, 사용자의 권한을  수정할 수 있도록 구현




<사용자의 권한 변경>

• 사용자의 비밀번호를 암호화하여 저장

✓ 비밀번호는 복호화가 불가능한 암호화 알고리즘을 적용하여 복호화 불가능

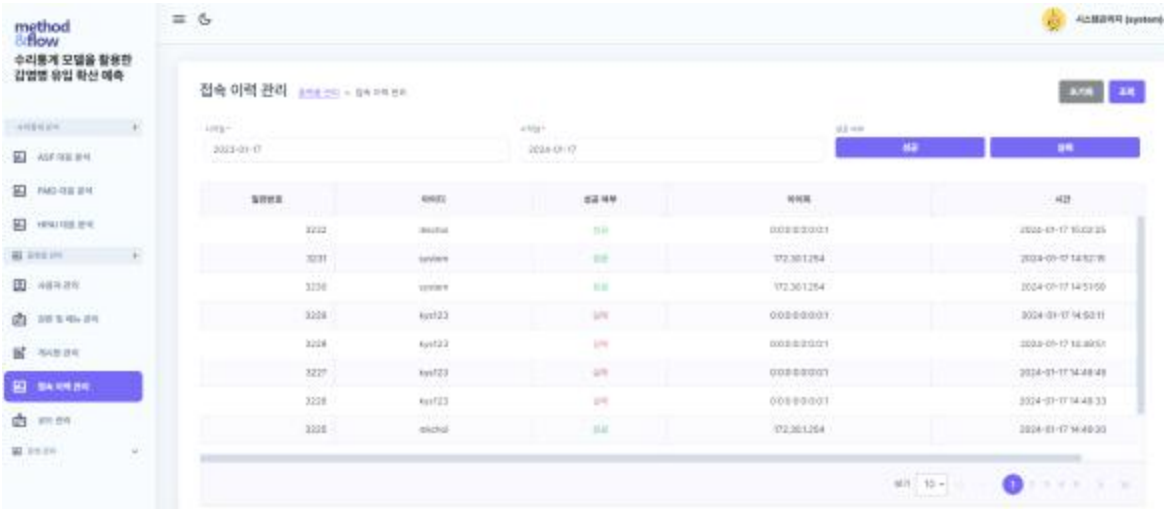
| user_uid | user_id | pswd |
|---|---|---|
| 1 | system | $2a$12$I4zi0qzq/i9PhpDjqkNAb.vHVuoxHeobSDasSnHpBSSXvIj9dL4Nq |
| 24 | topkim | $2a$12$SbylYiFhvz.PAbDK/QSdlez/1N.0tNnRlBW8lKM.HBA87y0SQQVC. |
| 25 | jinopow | $2a$12$rwR51erhzIxKINnAaZx4oOfKjhsE9aNplw925Gzazz83mef/Kvu1q |
| 27 | mkchoi | $2a$12$I4zi0qzq/i9PhpDjqkNAb.vHVuoxHeobSDasSnHpBSSXvIj9dL4Nq |
| 26 | kjang | $2a$12$I4zi0qzq/i9PhpDjqkNAb.vHVuoxHeobSDasSnHpBSSXvIj9dL4Nq |

<암호화된 사용자의 비밀번호>

• 사용자의 접속 이력 관리

이력 관리는 시스템의 보안성을 높이고, 사고 대응 및 예방을 위해 필수적인 요소이며, 사고가 발생했을 때, 사용자의 접속 이력은 사고의 원인을 신속하게 파악하는 데 큰 역할을 함

✓ 사용자의 접속 이력을 관리하며, 접속 IP, 접속 시간을 조회




## 5) 시스템 고도화 방안

- 시스템 확장성과 업데이트를 확보하기 위해서는 농림축산검역본부 국가가축방역통합시스템(KAHIS) 등과의 연계 필요할 것으로 사료됨
- KAHIS와의 연동을 통해 질병 전파 모형에 사용하는 파라미터 추가 혹은 수정을 가능토록 하기 위한 고도화 작업 요구됨
- 고도화 과정에서 해외로부터 질병이 유입되는 위험도에 대한 평가 모형 고려 필요

## (2) 정량적 연구개발성과(해당 시 작성하며, 연구개발과제의 특성에 따라 수정이 가능합니다)

해당사항 없음

## (3) 세부 정량적 연구개발성과(해당되는 항목만 선택하여 작성하되, 증빙자료를 별도 첨부해야 합니다)

**[과학적 성과]**

**□ 논문(국내외 전문 학술지) 게재**

| 번호 | 논문명 | 학술지명 | 주저자명 | 호 | 국명 | 발행기관 | SCIE 여부 (SCIE/비SCIE) | 게재일 | 등록번호 (ISSN) | 기여율 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | Spatial epidemiology of highly pathogenic avian influenza subtype H5N6 in Gyeonggi Province, South Korea, 2016-2017 | Transboundary and Emerging Diseases | 임준식 | 69(5) | 미국 | Hindawi | SCIE | 2022.5.24. | 1865-1682 | 100% |
| 2 | Mechanistic modelling for African swine fever transmission in the Repulic of Korae | Journal of Veterinary Science | 김으뜸 | 24(2) | 대한민국 | Korean Society of Veterinary Science | SCIE | 2023.1.4. | 1229-845X | 100% |
| 3 | Three years of African Swine Fever in South Korea (2019-2021): A Scoping Review of Epidemiological Understanding | Transboundary and Emerging Diseases | 임준식 | 2023 | 미국 | Hindawi | SCIE | 2023.2.28. | 1865-1682 | 100% |

### □ 국내 및 국제 학술회의 발표

| 번호 | 회의 명칭 | 발표자 | 발표 일시 | 장소 | 국명 |
|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 대한수의학회 | 김으뜸 | 2022.11.16. | 제주국제컨벤션센터 | 대한민국 |
| 2 | 대한수의학회 | 김으뜸 | 2023.4.20. | 알펜시아컨벤션센터 | 대한민군 |
| 3 | 대한수의학회 | 김으뜸 | 2023.4.20. | 알펜시아컨벤션센터 | 대한민군 |

## [기술적 성과]

### □ 지식재산권(특허, 실용신안, 의장, 디자인, 상표, 규격, 신품종, 프로그램)

| 번호 | 지식재산권 등 명칭 (건별 각각 기재) | 국명 | 출원 | | | | 등록 | | | 기여율 | 활용 여부 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | 출원인 | 출원일 | 출원 번호 | 등록 번호 | 등록인 | 등록일 | 등록 번호 | | |
| 1 | 하이브리드 클라우드 운영 시스템 및 그 제어방법과, 그 하이브리드 클라우드 운영 시스템에 포함되는 노드 배치 장치 및 그 제어방법 | 대한민국 | 케이웨어(주) | 2022.12.7. | 10-2022-0169966 | | | | | 100% | |
| 2 | 하이브리드 클라우드 운영 시스템 및 그 제어방법과, 그 하이브리드 클라우드 운영 시스템에 포함되는 노드 배치 장치 및 그 제어방법 | 대한민국 | | | | | 케이웨어(주) | 2023.12.7. | 10-2022-0169966 | 100% | |
| 3 | 하이브리드 클라우드 환경에서의 머신러닝 워크로드 스케줄링 방법 및 시스템 | 대한민국 | 케이웨어(주) | 2023.12.27. | 10-2023-0192605 | | | | | 100% | |

### □ 저작권(소프트웨어, 서적 등)

| 번호 | 저작권명 | 창작일 | 저작자명 | 등록일 | 등록 번호 | 저작권자명 | 기여율 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 가축질병 관련 복합데이터 수집 및 처리 시스템 | 2022.12.14. | 케이웨어(주) | 2022.12.14. | C-2022-053372 | 케이웨어(주) | 100% |

## [경제적 성과]

### □ 고용 창출

| 순번 | 사업화명 | 사업화 업체 | 고용창출 인원(명) | | 합계 |
|---|---|---|---|---|---|
| | | | 2022년 | 2023년 | |
| 1 | | 케이웨어(주) | 1 | 2 | 3 |
| 합계 | | | 1 | 2 | 3 |

[사회적 성과]

□ 정책활용 내용

| 번호 | 구분<br>(제안/채택) | 정책명 | 관련 기관<br>(담당 부서) | 활용 연도 | 채택 내용 |
|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 제안 | 재난형<br>가축전염병관리시스템 현업활용방안 | 농림축산검역본부 | 2023 | 재난형<br>가축전염병관리시스템 현업활용방안 |

□ 홍보 실적

| 번호 | 홍보 유형 | 매체명 | 제목 | 홍보일 |
|---|---|---|---|---|
| 1 | 중앙전문지 | 축산경제신문 | 재난형 가축전염병 예측 가능해진다 | 2023.12.15. |

[인프라 성과]

□ 연구시설・장비

| 구축기관 | 연구시설/<br>연구장비명 | 규격<br>(모델명) | 개발여부<br>(○/×) | 연구시설・장비<br>종합정보시스템* 등록여부 | 연구시설・장비<br>종합정보시스템* 등록번호 | 구축일자<br>(YY.MM.DD) | 구축비용<br>(천원) | 비고<br>(설치 장소) |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | | | | | |

* 「과학기술기본법 시행령」 제42조제4항제2호에 따른 연구시설・장비 종합정보시스템을 의미합니다.

[그 밖의 성과](해당 시 작성합니다)

(해당사항 없음)

(4) 계획하지 않은 성과 및 관련 분야 기여사항(해당 시 작성합니다)

(해당사항 없음)

### 2) 목표 달성 수준

| 추 진 목 표 | 달 성 내 용 | 달성도(%) |
|---|---|---|
| ○ 재난형 가축전염병 전파양상 시나리오 설계<br>○ 재난형 가축전염병 질병전파 주요 요인 모수와 확률분포 추정<br>○ 재난형 가축전염병 축종별 질병전파 모형 구축<br>○ 재난형 가축전염병 선제적 관리방안 제시<br>○ 질병전파모형 구축을 위한 축산/공간/환경정보 데이터베이스 구축<br>○ 지리정보시스템 기반 질병전파 시뮬레이션 결과 시각화 시스템 구축<br>○ 질병전파모형을 활용한 가축전염병 방역정책 의사결정 지원시스템 구축 | ○ 재난형 가축전염병 전파양상 시나리오 설계 완료<br>○ 재난형 가축전염병 질병전파 주요 요인 모수와 확률분포 추정 완료<br>○ 재난형 가축전염병 축종별 질병전파 모형 구축 완료<br>○ 재난형 가축전염병 선제적 관리방안 제시 완료<br>○ 질병전파모형 구축을 위한 축산/공간/환경정보 데이터베이스 구축 완료<br>○ 지리정보시스템 기반 질병전파 시뮬레이션 결과 시각화 시스템 구축 완료<br>○ 질병전파모형을 활용한 가축전염병 방역정책 의사결정 지원시스템 구축 완료 | 100 |

## 4. 목표 미달 시 원인분석(해당 시 작성합니다)

### 1) 목표 미달 원인(사유) 자체분석 내용

(해당사항 없음)

### 2) 자체 보완활동

(해당사항 없음)

### 3) 연구개발 과정의 성실성

연구기간 내 제시한 연구목표 모두 달성함

## 5. 연구개발성과의 관련 분야에 대한 기여 정도

○ 재난형 가축전염병 발생에 따른 경제적 피해 감소방안 제시

○ 재난형 가축전염병 발생 위험 감소를 위한 관리정책 제시

○ 과학적 방역정책 수립 및 이행을 위한 의사결정 지원시스템 구축

## 6. 연구개발성과의 관리 및 활용 계획

**(1) 질병전파모형 관련 축산/공간/환경정보 데이터베이스**

○ 재난형 가축전염병 전파 관련 위험요인 정보를 하나의 데이터베이스로 통합하여 분석에 활용 가능

○ 시점별 분류 및 주제어 분류 등을 통해 지속적인 가축전염병 위험요인 관련 연구 지원

○ 축산/공간/환경정보 시각화를 통해 가축전염병 방역관계자 정책수립 지원

**(2) 재난형 가축전염병 질병전파모형**

○ 본 연구 대상 질병(FMD, HPAI, ASF) 이외의 법정전염병 질병전파양상 추정에 활용 가능

○ 질병전파모형 내 주요 원인 분석을 통해 질병전파 위험요인 파악 가능

○ 구축된 플랫폼을 활용하여 수집 가능한 데이터를 추가, 확장시켜 국가 방역 체계 구축에 활용

**(3) 재난형 가축전염병 방역정책 의사결정 지원시스템**

○ 다양한 방역조치 시나리오에 따른 질병전파 시뮬레이션을 통해 방역조치 간 효율성 평가 가능

○ 질병 발생 또는 전파위험 감소를 위한 방역정책 시행에 과학적 근거 제공

○ 타 연구자들의 각종 가축전염병 질병전파 연구 시 데이터/분석모델에 대한 다양한 지원을 통해 타 연구 활용 가능

**뒷면지**

주 의

1. 이 보고서는 농림축산식품부에서 시행한 가축질병대응기술고도화지원사업의 연구보고서입니다.

2. 이 보고서 내용을 발표하는 때에는 반드시 농림축산식품부에서 시행한 가축질병대응기술고도화지원사업의 연구결과임을 밝혀야 합니다.

3. 국가과학기술 기밀 유지에 필요한 내용은 대외적으로 발표 또는 공개하여서는 안 됩니다.