

ĐẠI HỌC QUỐC GIA HÀ NỘI
TRƯỜNG ĐẠI HỌC CÔNG NGHỆ

Nguyễn Xuân Trường

NGHIÊN CỨU PHÁT TRIỂN CÁC HỆ THỐNG
MÔ PHỎNG CHĂN NUÔI CHÍNH XÁC
ĐỂ PHÁT HIỆN CẢNH BÁO LÂY LAN DỊCH BỆNH
TRÊN ĐÀN GIA SÚC

LUẬN ÁN TIẾN SĨ HỆ THỐNG THÔNG TIN

HÀ NỘI - 2026

ĐẠI HỌC QUỐC GIA HÀ NỘI
TRƯỜNG ĐẠI HỌC CÔNG NGHỆ

Nguyễn Xuân Trường

NGHIÊN CỨU PHÁT TRIỂN CÁC HỆ THỐNG
MÔ PHỎNG CHĂN NUÔI CHÍNH XÁC
ĐỂ PHÁT HIỆN CẢNH BÁO LÂY LAN DỊCH BỆNH
TRÊN ĐÀN GIA SÚC

Ngành đào tạo: Hệ thống thông tin

Mã số: 9480104.01

LUẬN ÁN TIẾN SĨ HỆ THỐNG THÔNG TIN

NGƯỜI HƯỚNG DẪN KHOA HỌC

PGS.TS. Phạm Mạnh Linh

TS. Bùi Quang Hưng

HÀ NỘI - 2026

LỜI CAM ĐOAN

Tôi xin cam đoan các kết quả trình bày trong luận án là công trình nghiên cứu của bản thân Nghiên cứu sinh trong thời gian học tập và nghiên cứu tại Trường Đại học Công nghệ - Đại học Quốc gia Hà Nội dưới sự hướng dẫn của các cán bộ hướng dẫn. Các số liệu, kết quả trình bày trong luận án là hoàn toàn trung thực và chưa từng được công bố trong bất kỳ công trình nào trước đây. Các kết quả sử dụng tham khảo đều đã được trích dẫn đầy đủ và theo đúng quy định.

Hà Nội, ngày tháng năm 2026
Nghiên cứu sinh

Nguyễn Xuân Trường

LỜI CẢM ƠN

Luận án này không thể hoàn thành nếu thiếu sự hỗ trợ tận tình, những góp ý sâu sắc và nguồn động lực quý báu từ quý thầy cô, Nhà trường, gia đình, bạn bè và đồng nghiệp.

Trước tiên, tôi xin bày tỏ lòng biết ơn sâu sắc và chân thành nhất đến tập thể hướng dẫn khoa học: **PGS.TS. Phạm Mạnh Linh** và **TS. Bùi Quang Hưng**.

Tôi xin chân thành cảm ơn **Thầy Phạm Mạnh Linh** vì sự kiên trì và tận tâm vô bờ mà Thầy đã dành cho tôi suốt hành trình nghiên cứu. Với những chỉ dẫn sâu sắc cùng nguồn cảm hứng quý báu, Thầy đã tận tình xây dựng một môi trường nghiên cứu nghiêm túc, khích lệ và tràn đầy sáng tạo.

Tôi cũng xin gửi lời cảm ơn chân thành và sâu sắc đến **Thầy Bùi Quang Hưng**. Với tất cả sự tận tụy và trách nhiệm cao cả, với những ý tưởng sáng tạo đầy cảm hứng, những buổi trao đổi dài đằng đẵng đầy tâm huyết cùng những góp ý chân thành, sâu sắc và kịp thời, Thầy đã lặng lẽ đồng hành cùng tôi suốt hành trình nghiên cứu đầy thử thách. Thầy không chỉ giúp tôi hoàn thiện từng chi tiết một cách cẩn chu nhất mà còn truyền cho tôi thêm nghị lực và niềm tin để vượt qua mọi khó khăn trong luận án.

Hai Thầy không chỉ là người hướng dẫn khoa học mà còn là những cố vấn tận tụy, những người thầy đáng kính và trên hết là những người bạn đồng hành tin cậy. Được học tập và làm việc dưới sự hướng dẫn của hai Thầy chính là một vinh dự lớn lao đối với tôi. Những ảnh hưởng tích cực cùng bài học quý giá từ hai Thầy sẽ luôn đồng hành và tiếp thêm sức mạnh cho tôi suốt sự nghiệp nghiên cứu sau này.

Tôi xin gửi lời cảm ơn chân thành đến các thầy cô trong **Khoa Công nghệ Thông tin, Bộ môn Các Hệ thống Thông tin - Khoa Công nghệ Thông tin, Trường Đại học Công nghệ, Đại học Quốc gia Hà Nội**. Sự hỗ trợ nhiệt tình, những góp ý chân thành và động viên quý báu từ quý thầy cô trong suốt thời gian học tập và thực hiện nghiên cứu đã giúp tôi vượt qua nhiều khó khăn, thách thức trên con đường hoàn thiện luận án.

Tôi cũng xin bày tỏ lòng tri ân sâu sắc đến Ban lãnh đạo, các thầy cô và đồng nghiệp tại **Viện Công nghệ Hàng không Vũ trụ, Trường Đại học Công nghệ, Đại học Quốc gia Hà Nội**. Sự hỗ trợ về chuyên môn, tạo điều kiện công tác và những động viên kịp thời từ Viện đã giúp tôi cân bằng giữa công việc và nghiên cứu, đồng thời mang đến những góc nhìn thực tiễn quý giá cho đề tài luận án.

Tôi xin gửi lời tri ân sâu sắc đến Ban Giám hiệu, các phòng ban chức năng, lãnh đạo, cán bộ quản lý và chuyên viên của **Trường Đại học Công nghệ - Đại học**

Quốc gia Hà Nội. Nhà trường đã luôn tạo mọi điều kiện thuận lợi nhất về cơ sở vật chất, học thuật và hành chính, giúp tôi yên tâm tập trung hoàn thành luận án.

Cuối cùng, tôi xin dành lời cảm ơn sâu sắc và đầy yêu thương nhất đến gia đình hai bên nội ngoại – nguồn động lực bất diệt và chỗ dựa vững chắc nhất của tôi. Con xin tri ân bố **Thơm**, mẹ **Hợp**, bố **Thắng**, mẹ **Hương** cùng toàn thể các anh chị em trong gia đình đã luôn hy sinh thầm lặng, yêu thương, động viên và tạo điều kiện tốt nhất để tôi theo đuổi con đường học thuật. Tôi đặc biệt gửi lời cảm ơn chân thành và sâu nặng đến vợ yêu dấu **Đặng Thùy Linh** – người bạn đời đã đồng cam cộng khổ, luôn ở bên tôi bằng sự thấu hiểu, sẻ chia và hy sinh thầm lặng suốt những năm tháng khó khăn. Cùng với đó là hai con yêu quý **Minh Đức** và **Minh Châu**, những thiên thần nhỏ đã mang đến cho tôi niềm vui, sức mạnh và động lực để kiên trì vượt qua mọi mệt mỏi, áp lực, giúp tôi vững vàng theo đuổi đến cùng mục tiêu.

Một lần nữa, tôi xin chân thành cảm ơn tất cả những tình cảm, sự hỗ trợ và đóng góp quý báu mà mọi người đã dành cho tôi trong suốt quá trình thực hiện luận án. Luận án này là kết quả của không chỉ nỗ lực cá nhân mà còn là món quà tri ân dành tặng cho tất cả những ai đã đồng hành cùng tôi.

Tôi xin chân thành cảm ơn!

Hà Nội, ngày tháng năm 2026

Nghiên cứu sinh

Nguyễn Xuân Trường

Mục lục

MỞ ĐẦU	1
Bối cảnh và động lực nghiên cứu	1
Thách thức	3
Khoảng trống nghiên cứu	5
Câu hỏi nghiên cứu	5
Mục tiêu và nội dung nghiên cứu	6
Đối tượng và phạm vi nghiên cứu	7
Phương pháp nghiên cứu	8
Đóng góp chính	10
Cấu trúc luận án	10
1 TỔNG QUAN NGHIÊN CỨU VÀ CƠ SỞ LÝ THUYẾT	12
1.1 Bài toán mô phỏng chăn nuôi chính xác để cảnh báo lây lan dịch bệnh	12
1.2 Cơ sở lý thuyết	14
1.2.1 Chăn nuôi thông minh và chăn nuôi chính xác	14
1.2.2 Mối quan hệ dữ liệu – mô hình – quyết định trong chăn nuôi chính xác	15
1.2.3 Hệ thống thông tin hỗ trợ quản lý và cảnh báo dịch bệnh	16
1.2.4 Vai trò của hệ thống thông tin trong hỗ trợ quản lý và cảnh báo	16
1.2.5 Mô hình mô phỏng đa tác tử	17
1.2.6 Mô hình dịch tễ SEIR trong mô phỏng lan truyền dịch bệnh	19
1.2.7 Mô hình lan truyền dịch bệnh NAADSM	19
1.2.8 Mô hình lan truyền dịch bệnh dựa trên mạng lưới ngẫu nhiên (Stochastic Network-Based Models)	20
1.2.9 Các công cụ hỗ trợ mô phỏng dựa trên mô hình đa tác tử	21
1.2.10 Các mô hình triển khai hệ thống phân tán	23
1.2.11 Các nền tảng điện toán đám mây hỗ trợ triển khai ứng dụng phân tán	25
1.3 Tổng quan nghiên cứu liên quan	27

1.3.1	Các hệ thống giám sát và cảnh báo dịch bệnh cho vật nuôi . . .	27
1.3.2	Hệ thống chăn nuôi thông minh và chăn nuôi chính xác trong chăn nuôi lợn	32
1.3.3	Mô hình dựa trên ABM trong mô phỏng hành vi và Hệ thống liên quan đến Lợn	36
1.3.4	Mô hình mô phỏng lây lan dịch tả lợn Châu Phi trên đàn lợn	39
1.3.5	Các kiến trúc, mô hình mô phỏng phân tán trên đám mây . . .	41
1.3.6	Các công nghệ Digital Twin trong chăn nuôi lợn	43
1.4	Khoảng trống nghiên cứu	46
1.5	Hướng tiếp cận của nghiên cứu	48
1.6	Kết luận chương	50
2	PHÁT TRIỂN CÁC MÔ HÌNH MÔ PHỎNG NỘI BẦY ĐÀN CHO ĐÀN LỢN DỰA TRÊN MÔ HÌNH ĐA TÁC TỬ: MÔ PHỎNG CHO ĂN CHÍNH XÁC VÀ LAN TRUYỀN DỊCH BỆNH	51
2.1	Đặt vấn đề	51
2.2	Tổng quan hệ thống cho ăn chính xác và nền tảng mô phỏng	53
2.2.1	Đặc tả hệ thống cho ăn chính xác cần mô phỏng	53
2.2.2	Nền tảng mô hình và ngôn ngữ mô phỏng	54
2.3	Mô hình tác tử cho hệ thống cho ăn chính xác	54
2.3.1	Tác tử và môi trường	54
2.3.2	Các biến tham số hóa mô hình và hàm tăng trưởng	63
2.3.3	Mô hình hành vi hệ thống	70
2.3.4	Mô hình lây lan dịch bệnh nội bầy đàn	75
2.3.5	Cơ chế tích hợp mô phỏng cho ăn chính xác và SEIR	78
2.4	Thực nghiệm đánh giá và Kết quả	82
2.4.1	Kịch bản mô phỏng	82
2.4.2	Tiêu chí đánh giá	83
2.4.3	Phương pháp thực nghiệm	84
2.4.4	Hệ số chống chịu và hệ số phục hồi	85
2.4.5	Hệ số tương quan DFI trong các kịch bản mô phỏng CC, DC, CD, DD	87
2.4.6	Hệ số tương quan CFI của bốn kịch bản CC, DC, CD và DD .	88
2.4.7	Kịch bản mô phỏng dịch bệnh AFS	90
2.4.8	Kịch bản mô phỏng nhiều tác nhân gây bệnh	93
2.5	Kết luận chương	95

3	PHÁT TRIỂN MÔ HÌNH MÔ PHÒNG LAN TRUYỀN DỊCH BỆNH GIỮA CÁC TRANG TRẠI LỢN	97
3.1	Đặt vấn đề	97
3.2	Cơ sở lý thuyết chung	99
3.2.1	Phân loại quy mô	99
3.2.2	Xác suất truyền nhiễm	100
3.2.3	Tỷ lệ tiếp xúc giữa các trang trại	101
3.3	Phương pháp đề xuất	102
3.3.1	Mô hình NAADSM	103
3.3.2	Mô hình mạng lưới động	103
3.3.3	So sánh và định hướng kết hợp mô hình	103
3.4	Xây dựng mô hình lây lan dựa trên mô hình NAADSM	104
3.4.1	Các hình thức lây truyền dịch bệnh	104
3.4.2	Phát hiện và truy vết bệnh	108
3.4.3	Các chiến lược kiểm soát	108
3.4.4	Tham số dùng cho mô hình	110
3.4.5	Thiết kế thí nghiệm	112
3.5	Xây dựng mô hình lây lan dựa trên mô hình mạng lưới động	114
3.5.1	Mô hình mạng lưới STERGMs	114
3.5.2	Mô dịch tế học SI-SIR	117
3.5.3	Tích hợp STERGMs với mô hình dịch tế học	119
3.5.4	Hàm truyền nhiễm kernel	120
3.5.5	Bậc trung bình cơ sở	120
3.5.6	Lưu đồ mô hình mô phỏng	121
3.6	Thực nghiệm và đánh giá	125
3.6.1	Dữ liệu mô phỏng	125
3.6.2	Kết quả đánh giá độ nhạy của tham số đầu vào mô hình NAADSM qua các kịch bản	125
3.6.3	Kết quả đánh giá độ nhạy của tham số đầu vào của mô hình mạng lưới qua các kịch bản	131
3.7	Kết luận chương	138
4	XÂY DỰNG HỆ THỐNG MÔ PHÒNG PHÂN TÁN TRÊN ĐÁM MÂY PHỤC VỤ PHÁT HIỆN CẢNH BÁO DỊCH BỆNH CHO ĐÀN GIA SÚC VÀ TỐI ƯU HOÁ HIỆU NĂNG	140
4.1	Đặt vấn đề	141
4.2	Hệ thống đa mô phỏng	141

4.3	Thiết kế mô hình phân tán	142
4.3.1	Mô hình triển khai mô phỏng phân tán với nhiều node trên đám mây	142
4.3.2	Cấu trúc của từng Node	144
4.3.3	Cải tiến GAMA-Headless	144
4.3.4	Thiết kế chức năng hệ thống và Database	146
4.3.5	Cơ chế điều phối của hệ thống	147
4.4	Triển khai và kết quả	148
4.4.1	Triển khai thử nghiệm mô hình hệ thống phân tán trên nền tảng Cloud.	148
4.4.2	Triển khai đa mô phỏng song song trong GAMA	151
4.4.3	Phân tích và đánh giá kết quả	156
4.5	Kết luận chương	161
KẾT LUẬN VÀ HƯỚNG PHÁT TRIỂN		163
	Các đóng góp chính	163
	Bàn luận	163
	Hạn chế	164
	Hướng phát triển	165
DANH MỤC CÔNG TRÌNH KHOA HỌC		166
	Bài báo tạp chí	166
	Báo cáo khoa học hội nghị	166
	Bài báo tạp chí chưa công bố	167
TÀI LIỆU THAM KHẢO		167

Danh mục từ viết tắt

Viết tắt	Tiếng Anh	Tiếng Việt
ABM	Agent-Based Modeling	Mô hình mô phỏng đa tác tử
ADIS	Animal Disease Information System	Hệ thống thông tin dịch bệnh động vật
AI	Artificial Intelligence	Trí tuệ nhân tạo
ASF	African Swine Fever	dịch tả lợn Châu Phi
AWS	Amazon Web Services	Dịch vụ web Amazon
CFI	Cumulative Feed Intake	Lượng thức ăn tích lũy
CPU	Central Processing Unit	Bộ xử lý trung tâm
DES	Discrete Event Simulation	Mô phỏng sự kiện rời rạc
DFI	Daily Feed Intake	Lượng thức ăn tiêu thụ hằng ngày
DSRM	Design Science Research Methodology	Phương pháp nghiên cứu khoa học thiết kế
DSS	Decision Support System	Hệ thống hỗ trợ ra quyết định
DT	Digital Twin	Bản sao số
EMPRES-i	Emergency Prevention System for Transboundary Animal and Plant Pests and Diseases (EMPRES-i)	Hệ thống phòng ngừa khẩn cấp dịch hại và dịch bệnh xuyên biên giới động thực vật
FAO	Food and Agriculture Organization of the United Nations	Tổ chức Lương thực và Nông nghiệp Liên Hợp Quốc
GAMA	GIS & Agent-based Modeling Architecture	Nền tảng mô phỏng đa tác tử GAMA
GAML	GAMA Modeling Language	Ngôn ngữ mô hình hóa GAMA
GB	Gigabyte	Gigabyte
GCP	Google Cloud Platform	Nền tảng đám mây Google
GIS	Geographic Information Systems	Hệ thống thông tin địa lý
HPC	High Performance Computing	Tính toán hiệu năng cao
ID	Identity	Định danh
IaaS	Infrastructure as a Service	Hạ tầng như một dịch vụ
IoT	Internet of Things	Internet vạn vật

IQR	Interquartile Range	Khoảng tứ phân vị
IS	Information System	Hệ thống thông tin
LSE	LogSumExp	Hàm Log-tổng-mũ
MSHMP	Morrison Swine Health Monitoring Project	Dự án giám sát sức khỏe đàn lợn Morrison
NAADSM	North American Animal Disease Spread Model	Mô hình lan truyền dịch bệnh động vật Bắc Mỹ
PaaS	Platform as a Service	Nền tảng như một dịch vụ
PFS	Precision Feeding System	Hệ thống cho ăn chính xác
PLF	Precision Livestock Farming	Chăn nuôi chính xác
RAM	Random Access Memory	Bộ nhớ truy cập ngẫu nhiên
SaaS	Software as a Service	Phần mềm như một dịch vụ
SCOPUS	Scopus (abstract and citation database)	Cơ sở dữ liệu tóm tắt và trích dẫn Scopus
SDRS	Swine Disease Reporting System	Hệ thống báo cáo dịch bệnh trên lợn
SEIR	Susceptible – Exposed – Infectious – Recovered	Mô hình dịch tễ SEIR
STERGMs	Separable Temporal Exponential Random Graph Models	Mô hình mạng ngẫu nhiên động tách biệt theo thời gian
vCPU	Virtual CPU	CPU ảo
WAHIS	World Animal Health Information System	Hệ thống thông tin sức khỏe động vật thế giới
WOAH	World Organisation for Animal Health	Tổ chức Thú y Thế giới

Danh sách hình vẽ

1.1	Sơ đồ phân nhánh chi tiết toàn bộ nghiên cứu liên quan.	47
2.1	Mô hình chuồng trại áp dụng hệ thống máng ăn chính xác [50].	52
2.2	Máng ăn chính tự động cho lợn.	53
2.3	Hàm phân phối thời gian lợn ăn.	64
2.4	Biểu đồ tuần tự của lợn, cổng vào và máng ăn (lợn, cổng vào, máng ăn).	71
2.5	Máy trạng thái hành vi ăn.	72
2.6	Máy trạng thái hành vi uống nước.	73
2.7	Máy trạng thái hành vi bài tiết.	73
2.8	Máy trạng thái tổng hợp toàn bộ hành vi.	74
2.9	Mô hình chuyển trạng thái trong mô hình SEIR.	77
2.10	Mô hình máy trạng thái hai lớp.	79
2.11	Mô hình máy trạng thái hai lớp với nhiều yếu tố gây bệnh.	80
2.12	Đồ thị hệ số tương quan của DFI và số lần mô phỏng.	88
2.13	Đồ thị hệ số tương quan của CFI và số lần mô phỏng.	89
2.14	Giao diện mô phỏng lan truyền dịch bệnh.	90
2.15	Đồ thị CFI kịch bản lan truyền dịch bệnh.	92
2.16	Đồ thị DFI kịch bản lan truyền dịch bệnh của cá thể lợn có ID-0.	93
2.17	Giao diện mô phỏng khi có hai tác nhân gây bệnh.	94
2.18	Đồ thị CFI của cá thể lợn có định danh 0.	95
3.1	Các tham số dùng cho các kịch bản mô phỏng (Bước 1).	109
3.2	Các tham số dùng cho các kịch bản mô phỏng (Bước 2).	111
3.3	Các tham số dùng cho các kịch bản mô phỏng.	112
3.4	Các tham số dùng cho hiển thị và kiểm tra.	112
3.5	Lưu đồ luồng logic mô hình mô phỏng.	114
3.6	Quá trình hoạt động của mô hình STERGMs.	115
3.7	Sự thay đổi trạng thái theo mô hình SI	118
3.8	Sự thay đổi trạng thái theo mô hình SIR.	119
3.9	Lưu đồ khởi tạo mạng lưới trong mô hình (giai đoạn 1).	122

3.10	Lưu đồ lây lan trong mạng lưới (giai đoạn 2).	123
3.11	Lưu đồ can thiệp tiêu hủy (giai đoạn 3).	124
3.12	Kết quả mô phỏng kịch bản cơ sở.	126
3.13	Mô phỏng trực quan với công cụ GAMA ở kịch bản cơ sở.	126
3.14	Kết quả số trang trại nhiễm bệnh khi mô phỏng loại bỏ tiếp xúc trực tiếp và tiếp xúc của trang trại lớn.	127
3.15	Kết quả khi hạn chế 75% di chuyển của trang trại bị nhiễm bệnh	129
3.16	Biểu đồ kết quả khi hạn chế di chuyển của tất cả các trang trại	130
3.17	Biểu đồ kết quả khi nâng cao 50% an toàn sinh học cho các trang trại vừa và nhỏ	130
3.18	Biểu đồ tỷ lệ nhiễm bệnh theo loại hình trang trại ở bậc trung bình cơ sở.	132
3.19	Biểu đồ diễn biến số trang trại nhiễm bệnh theo loại hình trang trại ở bậc trung bình cơ sở.	133
3.20	Giao diện mô phỏng áp dụng chiến lược tiêu hủy lên các trang trại.	134
3.21	Biểu đồ diễn biến số trang trại nhiễm bệnh khi tỷ lệ tiếp xúc giảm 75%.	135
3.22	Biểu đồ diễn biến số trang trại nhiễm bệnh khi duy trì kết nối	136
3.23	Giao diện mô phỏng áp dụng chiến lược hàm kernel lên các trang trại.	137
4.1	Kiến trúc hệ thống phân tán trên đám mây.	143
4.2	Biểu đồ use-case của hệ thống mô phỏng.	146
4.3	Giao diện website của hệ thống mô phỏng trên đám mây.	149
4.4	Giao diện cấu hình chạy đa mô phỏng song song không liên kết	151
4.5	Giao diện thực thi chạy đa mô phỏng song song không liên kết	152
4.6	Giao diện kết quả chi tiết một mô phỏng khi chạy đa mô phỏng song song không liên kết	153
4.8	Giao diện kết quả thực thi đa mô phỏng lây lan dịch quy mô trang trại trên Website.	155
4.7	Giao diện cấu hình thực thi đa mô phỏng quy mô trang trại trên Website.	156
4.9	Thời gian thực thi với các cấp độ mô phỏng.	158
4.10	Tài nguyên CPU sử dụng chạy mô phỏng với các cấp độ mô phỏng.	159
4.11	Tài nguyên RAM sử dụng chạy mô phỏng với các cấp độ mô phỏng.	160

Danh sách bảng

1.1	So sánh ba nền tảng giám sát, cảnh báo dịch bệnh động vật cấp quốc tế và khu vực.	28
1.2	So sánh hai sáng kiến/chương trình giám sát sức khỏe đàn lợn: SDRS, MSHMP.	30
1.3	So sánh các nghiên cứu về ứng dụng AI và phân tích dữ liệu trong giám sát sức khỏe đàn lợn.	31
1.4	Các nghiên cứu về hệ thống chăn nuôi lợn thông minh và chăn nuôi chính xác theo hướng dữ liệu.	35
1.5	Tổng hợp các nghiên cứu liên quan đến mô phỏng tác tử ABM trong chăn nuôi và giám sát.	38
1.6	Các nghiên cứu liên quan tới mô hình mô phỏng lây lan dịch bệnh.	40
1.7	So sánh các nghiên cứu liên quan mô phỏng tác tử (ABM) trên cloud.	42
1.8	So sánh các công nghệ/giải pháp chuồng trại số.	44
2.1	Mô tả tổng hợp các thuộc tính và phương thức của tác tử lợn	55
2.2	Các thuộc tính và phương thức trong mô hình <i>DiseasePig</i>	58
2.3	Các thuộc tính và phương thức bổ sung trong mô hình <i>MultiDiseasePig</i>	60
2.4	Các phương thức chuyển trạng thái hành vi của tác tử lợn	61
2.5	Thuộc tính và phương thức bổ sung trong lớp <i>TransmitDiseaseFactor</i>	62
2.6	Bảng trạng thái của lợn	75
2.7	Bảng hệ số mức độ tương quan	84
2.8	Hệ số chống chịu và hệ số phục hồi của các kịch bản DON	86
3.1	Xác suất truyền nhiễm	100
3.2	Tỷ lệ tiếp xúc giữa các trang trại	101
3.3	Các thông số đầu vào được sử dụng trong NAADSM [102]	105
3.4	Bậc trung bình sử dụng	121
3.5	Kết quả số trang trại nhiễm bệnh khi loại bỏ các tiếp xúc trực tiếp và tiếp xúc của trang trại lớn	128
3.6	Kết quả khi hạn chế di chuyển của trang trại bị nhiễm bệnh	128
3.7	Kết quả khi hạn chế di chuyển của tất cả các trang trại	129

3.8	Kết quả khi nâng cao an toàn sinh học cho các trang trại vừa và nhỏ	130
3.9	Kết quả tiêu hủy lợn bị nhiễm bệnh	131
3.10	Kết quả chạy mô phỏng ở các mức độ kết nối	131
3.11	Kết quả chạy mô phỏng khi áp dụng các chiến lược tiêu hủy	134
3.12	Kết quả phân tích độ nhạy đối với các tỷ lệ tiếp xúc	135
3.13	Kết quả chạy mô phỏng duy trì kết nối	136
3.14	Kết quả chạy mô phỏng với hàm kernel truyền nhiễm	137
4.1	So sánh các nền tảng và khung mô phỏng	148

MỞ ĐẦU

Bối cảnh và động lực nghiên cứu

Trong những năm gần đây, sự phát triển của các công nghệ như Internet vạn vật (Internet of Things – IoT), trí tuệ nhân tạo (Artificial Intelligence – AI) và mô hình hóa tính toán đã mở ra nhiều hướng tiếp cận mới trong quản lý và vận hành các hệ thống phức hợp là hệ thống mà trong đó gồm nhiều thành phần tác nhân tương tác với nhau theo thời gian (Complex systems) [130]. Trong lĩnh vực chăn nuôi quy mô lớn, các công nghệ này đang từng bước làm thay đổi cách thức giám sát và ra quyết định, từ các phương pháp truyền thống dựa chủ yếu vào kinh nghiệm sang các phương pháp hiện đại dựa trên dữ liệu. Theo đó, khái niệm chăn nuôi chính xác (Precision Livestock Farming – PLF) ngày càng được nhìn nhận như một bài toán hệ thống thông tin, trong đó dữ liệu thu thập từ vật nuôi được xử lý, phân tích và chuyển hóa thành tri thức phục vụ hỗ trợ ra quyết định [14].

Khi xem chăn nuôi quy mô lớn như một hệ thống thông tin phức hợp, giám sát sức khỏe đàn gia súc có thể được coi là một quá trình xử lý dữ liệu liên tục và phân tán. Dữ liệu được thu thập thông qua các cảm biến gắn trên vật nuôi, truyền qua hạ tầng mạng và được xử lý trên các nền tảng tính toán nhằm phục vụ phân tích và hỗ trợ ra quyết định. Cách tiếp cận này cho phép theo dõi thường xuyên các chỉ số sinh lý và hành vi, qua đó hỗ trợ phát hiện sớm những biến đổi bất thường có thể liên quan đến nguy cơ phát sinh dịch bệnh.

Tuy nhiên, có thể nhận thấy rằng phần lớn các nghiên cứu hiện nay vẫn tập trung vào phân tích và đánh giá trạng thái sức khỏe ở mức cá thể, chủ yếu dựa trên các mô hình học máy hoặc thị giác máy tính. Những cách tiếp cận này thường đòi hỏi các bộ dữ liệu lớn, đầy đủ và được thu thập liên tục từ thực tế trong khi đó, trong bối cảnh chăn nuôi, dữ liệu đầu vào lại phụ thuộc đáng kể vào hạ tầng cảm biến, quy trình thu nhận và khả năng xử lý tại từng thời điểm, khiến việc bảo đảm tính đầy đủ và nhất quán của dữ liệu trở nên khó khăn.

Bên cạnh đó, một số nền tảng và phương pháp hiện tại chủ yếu tập trung vào khía cạnh trực quan hóa hệ thống, mô phỏng trạng thái chuồng trại hoặc các quy trình vận hành thông qua hình ảnh và các kịch bản được định nghĩa sẵn. Trong các mô hình này, hành động của cá thể thường mang tính biểu diễn ở mức quy trình, chưa gắn chặt với sự thay đổi trạng thái dịch bệnh, mức độ miễn dịch hay các phản ứng sinh học theo thời gian của từng cá thể. Do đó, các nền tảng này khó có thể được sử dụng hiệu quả cho mục tiêu dự báo dịch bệnh, phân tích các kịch bản can

thiệt hoặc đánh giá chính sách kiểm soát dịch ở quy mô đàn hoặc khu vực.

Theo cách tiếp cận hệ thống, đây là một hạn chế mang tính nền tảng, bởi các hiện tượng ở cấp độ đàn không chỉ là sự tổng hợp đơn giản của các cá thể riêng lẻ, mà còn là kết quả của các tương tác phức tạp và động lực phát sinh trong toàn bộ hệ thống. Trong bối cảnh đó, mô hình hóa dựa trên tác tử (Agent-Based Modeling – ABM) được xem là một hướng tiếp cận phù hợp, cho phép mô tả chi tiết hành vi cá thể, các mối quan hệ tiếp xúc và cơ chế lan truyền theo thời gian. Thông qua cách tiếp cận từ dưới lên (tức là từ mức độ cá thể), ABM tạo nền tảng cho việc phân tích động lực học dịch bệnh ở cấp độ hệ thống và đánh giá các kịch bản can thiệp chính sách trong những bối cảnh phức tạp [121].

Cùng với sự phát triển của ABM, nhiều công cụ và nền tảng mô phỏng đã được đề xuất nhằm hỗ trợ xây dựng và thực thi các mô hình đa tác tử với mức độ phức tạp ngày càng cao, trong đó có thể kể đến các nền tảng tiêu biểu như NetLogo, Repast, AnyLogic và GAMA [65]. Đặc biệt, GAMA cung cấp khả năng mô hình hóa không gian, tích hợp dữ liệu và thực thi các mô hình ABM quy mô lớn, phù hợp với các bài toán mô phỏng hệ thống phức hợp [115].

Song song với đó, các nền tảng và dịch vụ điện toán đám mây đã trở thành một hạ tầng tính toán phổ biến cho các bài toán quy mô lớn, nhờ khả năng cấp phát tài nguyên linh hoạt, mở rộng theo nhu cầu và hỗ trợ triển khai các hệ thống phân tán [26]. Tuy nhiên, phần lớn các nền tảng điện toán đám mây hiện nay được thiết kế cho mục đích sử dụng chung, thay vì hướng tới các yêu cầu đặc thù của bài toán mô phỏng, đặc biệt là mô phỏng đa tác tử. Các kiến trúc phân tán, cơ chế điều phối và phương thức triển khai dành riêng cho mô phỏng ABM quy mô lớn vẫn chưa được tích hợp sẵn và chưa được nghiên cứu một cách toàn diện.

Trong bối cảnh nhu cầu tiêu thụ thịt lợn toàn cầu tiếp tục duy trì ở mức cao, như được chỉ ra trong các báo cáo của OECD và FAO [97, 43], lợn giữ vai trò quan trọng trong hệ thống an ninh lương thực, đặc biệt tại các quốc gia châu Á. Tại Việt Nam, thịt lợn chiếm tỷ trọng lớn trong cơ cấu tiêu dùng thực phẩm và ngành chăn nuôi lợn đóng vai trò quan trọng đối với sinh kế của nhiều hộ gia đình [98]. Tuy nhiên, các bệnh truyền nhiễm nguy hiểm như dịch tả lợn Châu Phi đã và đang gây ra những thiệt hại nghiêm trọng về kinh tế, đồng thời ảnh hưởng trực tiếp đến sức khỏe và phúc lợi của đàn lợn.

Từ các phân tích trên có thể nhận thấy rằng, mặc dù đã có nhiều nghiên cứu tiếp cận bài toán chăn nuôi chính xác và mô phỏng hệ thống, vẫn còn tồn tại những khoảng trống nghiên cứu liên quan đến việc mô hình hóa đồng thời động lực học dịch bệnh và hành vi sinh học của vật nuôi ở cấp độ hệ thống, cũng như thiết kế

các kiến trúc mô phỏng phân tán phù hợp cho các mô hình ABM quy mô lớn trong môi trường điện toán đám mây. Xuất phát từ những khoảng trống đó, luận án này tập trung nghiên cứu các hệ thống chăn nuôi chính xác phục vụ phát hiện và cảnh báo lây lan dịch bệnh trên đàn gia súc, với đối tượng nghiên cứu cụ thể là đàn lợn.

Thách thức

Mặc dù các hệ thống chăn nuôi chính xác đã đạt được nhiều tiến bộ, việc phát triển các giải pháp có khả năng phát hiện và cảnh báo sớm dịch bệnh trên đàn lợn vẫn phải đối mặt với một số thách thức đáng kể, bao gồm:

- Sự phân mảnh và không đồng nhất của dữ liệu trong hệ thống chăn nuôi chính xác là một thách thức đáng kể. Dữ liệu có thể được thu thập từ nhiều nguồn khác nhau như cảm biến môi trường, thiết bị theo dõi hành vi, hệ thống quản lý trang trại và các báo cáo thủ công. Các nguồn dữ liệu này thường sử dụng định dạng, tần suất và mức độ chi tiết khác nhau, gây khó khăn cho việc tích hợp, đồng bộ và khai thác dữ liệu một cách hiệu quả trong một hệ thống thông tin thống nhất. Việc lắp đặt các thiết bị IoT nhằm thu thập dữ liệu trong chăn nuôi còn gặp nhiều khó khăn do các rào cản pháp lý, cùng với những yêu cầu nghiêm ngặt về bảo mật thông tin và an toàn sinh học.
- Khó khăn trong việc ánh xạ dữ liệu quan sát sang các trạng thái dịch tễ trừu tượng cũng đặt ra thách thức lớn cho các hệ thống hiện nay. Các mô hình dịch tễ, chẳng hạn như yêu cầu dữ liệu ở dạng trạng thái (nhảy cảm, phơi nhiễm, nhiễm bệnh, hồi phục), trong khi dữ liệu thu thập từ thực tế thường là các chỉ số gián tiếp như nhiệt độ, mức ăn, hoạt động hay tiếng kêu. Việc chuyển đổi các quan sát này thành thông tin có ý nghĩa về trạng thái bệnh là một bài toán phức tạp, vượt ra ngoài khả năng của nhiều hệ thống giám sát truyền thống.
- Thiếu các nền tảng mô phỏng có tính tổng quát và khả năng tái sử dụng cao cũng là một hạn chế phổ biến. Nhiều hệ thống mô phỏng hiện nay được xây dựng cho một bệnh cụ thể, một loại trang trại hoặc một mục tiêu nghiên cứu nhất định, dẫn đến khó khăn khi mở rộng hoặc áp dụng cho các bối cảnh khác. Điều này làm giảm giá trị lâu dài của các hệ thống thông tin và hạn chế khả năng chia sẻ, kế thừa và phát triển các kết quả nghiên cứu.
- Thiếu các kiến trúc hệ thống thông tin có khả năng mở rộng và thích ứng linh hoạt. Các hệ thống hiện tại thường được thiết kế cho một quy mô hoặc một cấu

hình trang trại cụ thể, dẫn đến hạn chế khi cần mở rộng lên quy mô lớn hơn hoặc áp dụng cho các bối cảnh khác nhau. Trong bối cảnh chăn nuôi lợn quy mô lớn và phân tán, hệ thống thông tin cần có khả năng thích ứng linh hoạt với sự thay đổi về số lượng cá thể, cấu trúc trang trại và các kịch bản dịch bệnh.

- Khả năng hỗ trợ ra quyết định và diễn giải kết quả mô phỏng còn hạn chế trong các hệ thống hiện có. Nhiều hệ thống cung cấp kết quả mô phỏng dưới dạng số liệu hoặc đồ thị phức tạp, khó hiểu đối với người sử dụng cuối như chủ trang trại hoặc cán bộ quản lý. Việc chuyển đổi kết quả mô phỏng thành các thông tin dễ diễn giải, có thể hỗ trợ trực tiếp cho quá trình ra quyết định vẫn là một thách thức lớn đối với các hệ thống thông tin trong chăn nuôi.
- Khoảng cách giữa các nghiên cứu học thuật và khả năng ứng dụng thực tế trong chăn nuôi lợn vẫn còn tồn tại. Các mô hình nghiên cứu thường có cấu trúc phức tạp, khó tích hợp với các hệ thống quản lý trang trại hiện có và yêu cầu kiến thức chuyên sâu để vận hành. Trong khi đó, các trang trại và cơ quan quản lý cần những công cụ đơn giản, dễ sử dụng và cung cấp kết quả rõ ràng, có khả năng hỗ trợ ra quyết định trong thời gian ngắn.
- Vấn đề hiệu năng và quản lý tài nguyên tính toán cũng là một rào cản đáng kể. Các mô hình mô phỏng ở cấp độ cá thể và hệ thống phân tán đòi hỏi năng lực tính toán lớn, đặc biệt khi thực hiện nhiều kịch bản mô phỏng song song. Việc đảm bảo hệ thống thông tin có thể vận hành ổn định, hiệu quả và tiết kiệm tài nguyên trong môi trường đám mây vẫn là một thách thức chưa được giải quyết triệt để trong nhiều nghiên cứu hiện nay.

Để làm rõ khái niệm dự báo trong nghiên cứu này: Dự báo ở đây là mô phỏng kịch bản (scenario forecasting) để hỗ trợ cảnh báo, không phải dự báo thời gian thực dựa trên dữ liệu liên tục từ thực tế. Cách tiếp cận này dựa trên các mô hình như SEIR và ABM để phân tích các kịch bản 'what-if' (ví dụ: tác động của tỷ lệ tiếp xúc đến lan truyền ASF), nhằm cung cấp cơ sở cho việc ra quyết định quản lý rủi ro mà không cần hạ tầng cảm biến đầy đủ.

Những thách thức trên cho thấy rằng việc phát triển các hệ thống phát hiện và cảnh báo sớm dịch bệnh trên đàn lợn không chỉ là bài toán dữ liệu hay cảm biến, mà là một bài toán hệ thống thông tin phức tạp. Điều này tạo ra nhu cầu cấp thiết đối với các nền tảng mô phỏng linh hoạt, có khả năng mở rộng và hỗ trợ phân tích kịch bản, làm cơ sở cho nghiên cứu được trình bày trong luận án này.

Khoảng trống nghiên cứu

Mặc dù đã có nhiều nghiên cứu về chăn nuôi chính xác và mô phỏng dịch bệnh, vẫn tồn tại một số khoảng trống đáng kể, đặc biệt từ góc độ hệ thống thông tin:

- Các mô hình mô phỏng hiện tại chưa tích hợp đầy đủ hành vi cho ăn chính xác (PFS) với mô hình đa tác tử (ABM) để dự báo dịch tả lợn Châu Phi (ASF) ở cấp độ nội bộ đàn, dẫn đến thiếu khả năng phân tích động lực học dịch bệnh.
- Thiếu mô hình lan truyền dịch bệnh giữa các trang trại phù hợp với bối cảnh chăn nuôi phân tán tại Việt Nam, đặc biệt là việc kết hợp mô hình NAADSM và mạng lưới động (STERGMs) với mô hình ABM để đánh giá các chiến lược kiểm soát.
- Các hệ thống mô phỏng chưa được triển khai phân tán trên đám mây một cách tối ưu, dẫn đến hạn chế về hiệu năng tính toán cho các kịch bản quy mô lớn.

Những khoảng trống này làm giảm hiệu quả của hệ thống thông tin trong việc hỗ trợ quản lý và cảnh báo dịch bệnh, đặc biệt ở các quốc gia đang phát triển như Việt Nam.

Câu hỏi nghiên cứu

Để lấp đầy các khoảng trống trên, luận án tập trung trả lời các câu hỏi nghiên cứu chính sau:

- Câu hỏi 1: Làm thế nào để xây dựng mô hình để biểu diễn và mô phỏng hành vi sinh học của lợn ở cấp cá thể dựa trên ABM, tích hợp PFS và mô hình dịch tễ SEIR, nhằm mô phỏng lây lan dịch bệnh ASF trong nội bộ đàn lợn theo thời gian?
- Câu hỏi 2: Các mô hình lan truyền dịch bệnh giữa trang trại (dựa trên NAADSM và STERGMs) có thể được thiết kế như thế nào để đánh giá hiệu quả các chiến lược kiểm soát ở quy mô lớn?
- Câu hỏi 3: Kiến trúc hệ thống mô phỏng phân tán trên đám mây cần được triển khai ra sao để tối ưu hiệu năng và hỗ trợ cảnh báo dịch bệnh trên đàn lợn?

Mục tiêu và nội dung nghiên cứu

Mục tiêu của luận án:

Luận án nhằm nghiên cứu và phát triển các hệ thống mô phỏng chăn nuôi chính xác, dựa trên mô hình đa tác tử và mô hình dịch tễ, phục vụ phát hiện và cảnh báo sự lây lan dịch bệnh trên đàn gia súc từ góc độ Hệ thống thông tin. Để đạt được mục tiêu này luận án đặt ra các mục tiêu cụ thể sau:

- Phân tích tổng quan nghiên cứu liên quan và xác định khoảng trống, làm cơ sở đề xuất hướng tiếp cận xây dựng mô hình mô phỏng cho chăn nuôi chính xác và cảnh báo lây lan dịch bệnh.
- Phát triển mô hình mô phỏng nội bộ đàn lợn dựa trên mô hình đa tác tử (ABM), tích hợp hệ thống cho ăn chính xác (PFS) và mô hình dịch tễ SEIR để mô phỏng lan truyền dịch bệnh ASF.
- Xây dựng mô hình mô phỏng lan truyền dịch bệnh giữa các trang trại, sử dụng các mô hình như NAADSM, STERGMs kết hợp với ABM và mô hình dịch tễ để đánh giá chiến lược kiểm soát ở quy mô lớn.
- Thiết kế và triển khai hệ thống mô phỏng phân tán trên nền tảng điện toán đám mây, nhằm tối ưu hiệu năng tính toán và hỗ trợ cảnh báo lây lan dịch bệnh cho đàn gia súc.

Nội dung nghiên cứu: Để đạt được mục tiêu của luận án, nghiên cứu sinh xác lập các nội dung nghiên cứu chính sau:

- Nội dung 1: Tập trung nghiên cứu tổng quan các công trình trong và ngoài nước liên quan đến chăn nuôi chính xác, Digital Twin trong nông nghiệp, mô hình đa tác tử, mô hình dịch tễ và các hệ thống mô phỏng trên nền tảng đám mây. Trên cơ sở đó, luận án phân tích các phương pháp tiếp cận hiện có, chỉ ra những hạn chế và khoảng trống nghiên cứu. Từ các phân tích này, luận án đề xuất các nội dung nghiên cứu cụ thể và định hướng tiếp cận nhằm giải quyết bài toán mô phỏng, phân tích và hỗ trợ cảnh báo sớm dịch bệnh trên đàn lợn trong bối cảnh chăn nuôi quy mô lớn.
- Nội dung 2: Nghiên cứu, phân tích các phương pháp mô hình hóa hành vi vật nuôi và mô hình dịch tễ hiện có trong mô phỏng dịch bệnh. Từ đó, luận án đề xuất mô hình đa tác tử kết hợp với mô hình dịch tễ nhằm mô phỏng hành vi, trạng thái sức khỏe và quá trình lây lan dịch bệnh trong nội bộ đàn lợn. Qua

đó xây dựng và phát triển một mô hình mô phỏng trên môi trường máy tính. Mô hình mô phỏng được sử dụng để phân tích tác động của các yếu tố chăn nuôi và các kịch bản quản lý khác nhau đến diễn biến dịch bệnh trong đàn.

- Nội dung 3: Dựa trên mô hình mô phỏng trong nội bộ đàn, nội dung này phân tích các cơ chế lây lan dịch bệnh ở cấp độ liên trang trại và các yếu tố trung gian ảnh hưởng đến quá trình này. Trên cơ sở đó, luận án đề xuất và xây dựng mô hình mô phỏng lây lan dịch bệnh giữa các trang trại, cho phép đánh giá tác động của các kịch bản kiểm soát và can thiệp dịch bệnh ở quy mô lớn hơn. Nội dung này góp phần mở rộng phạm vi mô phỏng từ cấp đàn sang cấp hệ thống chăn nuôi.
- Nội dung 4: Trước những yêu cầu về mô phỏng quy mô lớn và độ phức tạp ngày càng tăng của các mô hình được đề xuất, nội dung này tập trung phân tích các hạn chế của mô phỏng trên máy đơn lẻ. Trên cơ sở đó, luận án đề xuất một kiến trúc hệ thống thông tin cho phép triển khai mô phỏng theo hướng phân tán trên nền tảng điện toán đám mây nhằm tối ưu hiệu năng và khả năng mở rộng. Kiến trúc được triển khai và đánh giá thông qua các thí nghiệm so sánh trong các môi trường thực thi khác nhau.

Đối tượng và phạm vi nghiên cứu

Với các mục tiêu đặt ra như trên, đối tượng và phạm vi nghiên cứu của luận án được xác định như sau:

Đối tượng nghiên cứu:

- Các thực thể số đại diện cho cá thể lợn là các tác tử trong môi trường mô phỏng, phản ánh hành vi, tương tác và trạng thái sức khỏe thông qua các thuộc tính và quy tắc được mô hình hóa.
- Mô hình đa tác tử dùng để xây dựng và quản lý các thực thể số ở cấp cá thể.
- Mô hình dịch tễ học tích hợp vào các tác tử nhằm mô phỏng quá trình lây lan dịch bệnh.
- Mô hình lây lan dịch bệnh trong nội bộ đàn lợn và giữa các trang trại trong môi trường mô phỏng.
- Kiến trúc hệ thống thông tin triển khai mô phỏng theo hướng phân tán, bao gồm cơ chế phân phối tác tử, đồng bộ mô phỏng và quản lý tài nguyên.

- Các nền tảng điện toán đám mây được sử dụng làm môi trường triển khai và đánh giá hệ thống, phục vụ phân tích hiệu năng và khả năng mở rộng của mô phỏng.

.

Phạm vi nghiên cứu:

- Luận án tập trung nghiên cứu và phát triển các hệ thống mô phỏng chăn nuôi chính xác phục vụ phát hiện và cảnh báo sớm lây lan dịch bệnh trên đàn gia súc, tiếp cận từ góc độ Hệ thống thông tin. Trong phạm vi thực nghiệm, luận án sử dụng đàn lợn làm trường hợp nghiên cứu điển hình để xây dựng, triển khai và đánh giá các mô hình mô phỏng, do đây là đối tượng chăn nuôi có nguy cơ cao về dịch bệnh và có sự ảnh hưởng lớn tới kinh tế mà an ninh lương thực.
- Tập trung vào thiết kế, xây dựng và đánh giá hệ thống mô phỏng phân tán, tích hợp mô hình đa tác tử và mô hình dịch tễ, phục vụ phân tích và cảnh báo sớm dịch bệnh trên đàn lợn.
- Nghiên cứu kiến trúc triển khai mô phỏng trên nền tảng điện toán đám mây nhằm đánh giá hiệu năng và khả năng mở rộng của hệ thống, không đi sâu vào các vấn đề tối ưu hạ tầng, chi phí hay bảo mật đám mây.
- Nghiên cứu không tập trung vào việc thu thập và xử lý dữ liệu thực tế từ cảm biến hoặc trang trại, mà sử dụng một bộ dữ liệu có sẵn và dữ liệu giả lập và các tham số tham khảo từ tài liệu nghiên cứu để phục vụ mô phỏng.
- Các kịch bản thực nghiệm của nghiên cứu được thực hiện trong các môi trường máy đơn lẻ và nền tảng đám mây, nhằm so sánh và đánh giá hiệu năng thực thi của hệ thống mô phỏng.

Phương pháp nghiên cứu

Các phương pháp nghiên cứu được sử dụng trong luận án nhằm nghiên cứu, thiết kế và đánh giá một hệ thống mô phỏng phân tán phục vụ phân tích và cảnh báo sớm dịch bệnh trên đàn lợn, với trọng tâm là mô hình hóa, kiến trúc hệ thống và khả năng triển khai trong môi trường điện toán đám mây. Cụ thể, luận án kết hợp các phương pháp nghiên cứu sau:

- Phương pháp nghiên cứu tổng quan và phân tích tài liệu: Là bước nền tảng để xây dựng cơ sở lý thuyết, phương pháp này không chỉ tổng hợp mà còn phân

tích phê phán các công trình liên quan, xác định khoảng trống nghiên cứu và định hướng tiếp cận [106]. Luận án tiến hành nghiên cứu tổng quan các công trình khoa học trong và ngoài nước liên quan đến chăn nuôi chính xác, Digital Twin, mô hình đa tác tử, mô hình dịch tễ và các hệ thống mô phỏng trên nền tảng điện toán đám mây. Trên cơ sở phân tích, so sánh và tổng hợp các phương pháp tiếp cận hiện có, luận án xác định các hạn chế và khoảng trống nghiên cứu, từ đó định vị bài toán và định hướng nội dung nghiên cứu.

- Phương pháp mô hình hóa và mô phỏng: Luận án sử dụng phương pháp mô hình hóa và mô phỏng để xây dựng các thực thể số đại diện cho cá thể lợn và mô phỏng quá trình lây lan dịch bệnh. Cụ thể, mô hình đa tác tử được kết hợp với mô hình dịch tễ SEIR nhằm biểu diễn hành vi [23], trạng thái sức khỏe và cơ chế lây lan dịch bệnh trong nội bộ đàn lợn và mô hình NAADSM [102] giữa các trang trại.
- Phương pháp thiết kế hệ thống thông tin: Trên cơ sở yêu cầu bài toán, luận án áp dụng phương pháp thiết kế khoa học (Design Science Research Methodology - DSRM) để đề xuất kiến trúc mô phỏng phân tán [127]. Phương pháp này bao gồm việc phân tích yêu cầu hệ thống, thiết kế kiến trúc tổng thể, xác định các thành phần chức năng và cơ chế phối hợp giữa các thành phần trong môi trường phân tán, nhằm đảm bảo tính khả thi và hiệu quả của hệ thống.
- Phương pháp triển khai và thực nghiệm: Luận án triển khai hệ thống mô phỏng trên các môi trường thực thi khác nhau, bao gồm máy đơn lẻ và nền tảng điện toán đám mây. Các thí nghiệm được thiết kế nhằm đánh giá hiệu năng, khả năng mở rộng và tính ổn định của hệ thống thông qua các chỉ số như thời gian thực thi và mức sử dụng tài nguyên.
- Phương pháp so sánh và đánh giá: Luận án sử dụng phương pháp so sánh và đánh giá để phân tích sự khác biệt về hiệu năng giữa các phương án triển khai mô phỏng trong các môi trường thực thi khác nhau. Bên cạnh đó, luận án đánh giá mô hình mô phỏng và mô hình lây lan dịch bệnh ở góc độ tính nhất quán logic, khả năng tái hiện các kịch bản lây lan và độ ổn định của kết quả mô phỏng, thay vì đánh giá độ chính xác sinh học tuyệt đối. Kết quả thực nghiệm được sử dụng để đánh giá hiệu quả của kiến trúc phân tán được đề xuất, đồng thời minh họa khả năng ứng dụng của hệ thống trong hỗ trợ phân tích và ra quyết định trong môi trường mô phỏng.

Đóng góp chính

Với mục tiêu nghiên cứu và phạm vi nghiên cứu được xác định rõ ràng, luận án có những đóng góp sau:

- Đóng góp 1: Đề xuất và xây dựng mô hình mô phỏng dựa trên hướng tác tử cho hệ thống cho ăn chính xác và mô hình mô phỏng dựa trên hướng tác tử tích hợp máy trạng thái hai lớp, gồm lớp hành vi và lớp bệnh lý, kết hợp với mô hình SEIR ở cấp cá thể. Từ đó mô hình mô phỏng quá trình lây lan dịch bệnh trong nội bộ đàn lợn, cho phép phân tích các kịch bản lây nhiễm khác nhau trong môi trường giả lập.
- Đóng góp 2: Phát triển mô hình mô phỏng lan truyền dịch bệnh giữa các trang trại bằng cách kết hợp mô hình NAADSM, STERGMs và hàm kernel truyền nhiễm, chuyển bài toán từ mức đơn trang trại sang mức đa trang trại với các chiến lược kiểm soát, hỗ trợ phân tích các kịch bản lây lan ở quy mô lớn.
- Đóng góp 3: Đề xuất và triển khai kiến trúc hệ thống mô phỏng phân tán trên nền tảng điện toán đám mây. Kiến trúc này nhằm khắc phục các hạn chế của mô phỏng trên máy đơn lẻ, nâng cao hiệu năng và khả năng mở rộng của hệ thống, đồng thời được đánh giá thông qua các thí nghiệm so sánh trong các môi trường thực thi khác nhau.

Cấu trúc luận án

Luận án có bốn chương chính, đi kèm với phần mở đầu và kết luận. Các phần có nội dung cụ thể như sau:

- Chương 1 trình bày tổng quan các công trình nghiên cứu liên quan đến chăn nuôi chính xác, mô hình đa tác tử, mô hình dịch tễ và các hệ thống mô phỏng trên nền tảng điện toán đám mây. Trên cơ sở phân tích và so sánh các hướng tiếp cận hiện có, chương này chỉ ra các hạn chế và khoảng trống nghiên cứu, làm cơ sở cho việc định hướng nội dung nghiên cứu của luận án.
- Chương 2 tập trung xây dựng mô hình mô phỏng hành vi của cá thể lợn trong đàn dựa trên phương pháp mô hình đa tác tử, kết hợp với mô hình dịch tễ nhằm mô phỏng quá trình lây lan dịch bệnh trong nội bộ đàn. Mô hình được sử dụng để phân tích các kịch bản cho ăn chính xác và đánh giá ảnh hưởng của hành vi cá thể đến động lực lan truyền dịch bệnh trong môi trường mô phỏng.

- Chương 3 mở rộng phạm vi mô phỏng từ cấp độ đàn sang cấp độ liên trang trại, trong đó mỗi trang trại được xem như một thực thể trong hệ thống. Chương này cho phép mô phỏng các cơ chế lây lan dịch bệnh giữa các trang trại thông qua nhiều kênh tương tác khác nhau, từ đó phân tích các kịch bản lan truyền dịch bệnh ở quy mô lớn.
- Chương 4 trình bày thiết kế và triển khai kiến trúc hệ thống mô phỏng phân tán trên nền tảng điện toán đám mây nhằm hỗ trợ thực thi các mô hình đa tác tử ở quy mô lớn. Hệ thống được đánh giá thông qua các thí nghiệm so sánh trong các môi trường thực thi khác nhau, qua đó phân tích hiệu năng, khả năng mở rộng và tính khả thi của giải pháp đề xuất.
- Kết luận và hướng phát triển tổng hợp các kết quả chính đạt được của luận án, làm rõ các đóng góp về mô hình mô phỏng và kiến trúc hệ thống, đồng thời chỉ ra các hạn chế còn tồn tại và đề xuất các hướng nghiên cứu tiếp theo.

Chương 1

TỔNG QUAN NGHIÊN CỨU VÀ CƠ SỞ LÝ THUYẾT

Trong chương này luận án tập trung trình bày tổng quan các công trình nghiên cứu và các kiến thức liên quan đến bài toán mô phỏng trong chăn nuôi chính xác, với trọng tâm là việc sử dụng mô phỏng như một công cụ phân tích và hỗ trợ phát hiện, cảnh báo lây lan dịch bệnh trên đàn gia súc. Nội dung chương nhằm làm rõ cách tiếp cận mà các nghiên cứu trong lĩnh vực hiện nay đang sử dụng để mô hình hóa, mô phỏng và phân tích động lực lây lan dịch bệnh trong các hệ thống chăn nuôi.

1.1 Bài toán mô phỏng chăn nuôi chính xác để cảnh báo lây lan dịch bệnh

Chăn nuôi gia súc đang phát triển theo hướng quy mô lớn, chuyên môn hóa và liên kết chuỗi cung ứng, tạo ra giá trị kinh tế đáng kể nhưng đồng thời làm gia tăng rủi ro bùng phát và lan rộng dịch bệnh do mật độ nuôi cao, luân chuyển con giống – thức ăn – phương tiện thường xuyên và sự phụ thuộc vào các mắt xích liên vùng. Với các bệnh truyền nhiễm nguy hiểm, khả năng lây lan nhanh và thiệt hại kéo dài có thể gây tác động nghiêm trọng tới an toàn sinh học và ổn định sản xuất, điển hình như dịch tả lợn Châu Phi (African Swine Fever – ASF) là một ví dụ được nghiên cứu rộng rãi do mức độ nguy hiểm và khó kiểm soát [17]. Vì vậy, giám sát và ứng phó dịch bệnh không chỉ là yêu cầu tác nghiệp ở cấp trang trại mà còn là bài toán quản trị rủi ro ở cấp vùng và quốc gia, gắn với nhu cầu thông tin dịch bệnh và cảnh báo sớm.

Cùng với quá trình chuyển đổi số trong nông nghiệp, các hướng tiếp cận chăn nuôi thông minh, chăn nuôi số đã và đang thúc đẩy việc khai thác dữ liệu lớn, cảm biến IoT và phân tích dữ liệu nhằm nâng cao năng suất và tối ưu vận hành [130]. Trong đó, chăn nuôi chính xác PLF nhấn mạnh giám sát ở mức cá thể hoặc nhóm nhỏ dựa trên dữ liệu có độ chi tiết cao, qua đó phát hiện sớm các thay đổi bất thường và hỗ trợ ra quyết định kịp thời [14, 15]. Nhiều nghiên cứu cũng cho thấy xu hướng kết hợp dữ liệu và mô hình số, bao gồm các ý tưởng bản sao số (digital twin) trong chăn nuôi, nhằm mô tả, đánh giá và thử nghiệm các phương án quản lý trong môi

trường ảo [63]. Đồng thời, trí tuệ nhân tạo AI ngày càng được ứng dụng mạnh mẽ trong PLF để trích xuất thông tin và hỗ trợ ra quyết định [133].

Tuy nhiên, đối với bài toán dịch bệnh, các hệ thống giám sát thuần dữ liệu thường thể hiện ưu thế ở việc nhìn thấy hiện trạng, nhưng còn hạn chế trong dự báo – phân tích kịch bản – cảnh báo sớm theo lan truyền. Lây lan dịch bệnh là một hiện tượng động, phụ thuộc vào tiếp xúc, hành vi và quy trình vận hành, cấu trúc đàn cũng như các yếu tố không gian và thời gian. Do đó, cần đến các mô hình có khả năng tái hiện cơ chế lan truyền và cho phép thử nghiệm các kịch bản “nếu ... thì ...” (what-if). Mô hình hóa và mô phỏng dịch bệnh trong quần thể vật nuôi đã được nghiên cứu như một công cụ quan trọng để dự báo diễn biến dịch và so sánh các chiến lược kiểm soát [8, 9]. Bên cạnh đó, các tổng quan về mô phỏng mạng lưới tiếp xúc trong dịch tễ học chăn nuôi cũng nhấn mạnh vai trò của việc mô phỏng cấu trúc tiếp xúc trong đánh giá lan truyền và can thiệp [74].

Trong các hướng tiếp cận mô phỏng, các mô hình dịch tễ học dạng ngăn (compartmental models) là nhóm mô hình toán học dùng để mô tả sự lây lan của bệnh truyền nhiễm bằng cách chia quần thể thành các ngăn, mỗi ngăn đại diện cho một trạng thái dịch tễ của cá thể, và mô tả sự chuyển dịch giữa các ngăn theo thời gian) cung cấp nền tảng rõ ràng và có khả năng diễn giải tốt. Tuy nhiên, khi áp dụng cho bối cảnh chăn nuôi thực tế, các mô hình này thường phát sinh nhu cầu mô tả dị biệt cá thể, hành vi, không gian và các tương tác phức tạp. Khi đó, các mô hình dựa trên mạng (network-based) và mô hình trên mạng phức trở thành công cụ phù hợp để biểu diễn cấu trúc tiếp xúc và động lực lan truyền theo kết nối [100]. Đồng thời, mô phỏng dựa trên tác tử ABM là một hướng tiếp cận thuận lợi khi cần gắn trạng thái dịch tễ với các quy tắc hành vi và tương tác trong môi trường chăn nuôi, từ đó xây dựng các kịch bản can thiệp sát với điều kiện vận hành thực tế.

Ở cấp hệ thống, bài toán mô phỏng phục vụ cảnh báo sớm cũng đặt ra những thách thức về quy mô tính toán và khả năng mở rộng. Việc thực hiện mô phỏng nhiều lần (đa kịch bản, đa tham số, đánh giá bất định) hoặc mô phỏng trên các quần thể lớn có thể nhanh chóng trở thành “nút cổ chai” nếu chỉ triển khai trên một máy đơn cục bộ. Trong bối cảnh đó, điện toán đám mây với khả năng cung cấp tài nguyên linh hoạt theo nhu cầu được xem là nền tảng phù hợp cho các tác vụ tính toán cường độ cao [11], và đã được chuẩn hóa trong các tài liệu nền tảng như định nghĩa điện toán đám mây của NIST [79]. Bên cạnh đó, các mô hình edge – fog (mô hình kiến trúc tính toán phân tán trong đó xử lý dữ liệu và ra quyết định được đưa gần nguồn sinh dữ liệu) cũng là một xu hướng liên quan khi xét đến hệ sinh thái IoT và dữ liệu gần nguồn, mặc dù trọng tâm của luận án vẫn tập trung vào hệ

thông, mô hình mô phỏng và hạ tầng tính toán phục vụ mô phỏng [25].

Xuất phát từ các vấn đề nêu trên, luận án tập trung vào bài toán: “Nghiên cứu phát triển các hệ thống mô phỏng chăn nuôi chính xác để phát hiện và cảnh báo lây lan dịch bệnh trên đàn gia súc”. Trọng tâm của nghiên cứu là phát triển lõi mô hình mô phỏng có khả năng (i) tái hiện động lực lây lan theo thời gian trong điều kiện chăn nuôi; (ii) hỗ trợ phân tích kịch bản và trích xuất các chỉ báo phục vụ cảnh báo sớm; và (iii) đáp ứng yêu cầu mở rộng tính toán thông qua các kiến trúc triển khai phù hợp trên hạ tầng hiện đại, đặc biệt là điện toán đám mây [11, 79]. Các nội dung tiếp theo của luận án sẽ lần lượt hệ thống hóa cơ sở lý thuyết và các hướng tiếp cận mô phỏng, đề xuất các mô hình mô phỏng ở các mức khác nhau (nội bãi và liên trang trại), đồng thời thiết kế kiến trúc hệ thống mô phỏng nhằm nâng cao năng lực phát hiện và cảnh báo lây lan dịch bệnh trong bối cảnh chăn nuôi chính xác.

1.2 Cơ sở lý thuyết

Trong phần này, nghiên cứu sinh trình bày các cơ sở lý thuyết cốt lõi liên quan đến chăn nuôi chính xác, hệ thống thông tin hỗ trợ quản lý dịch bệnh, và đặc biệt nhấn mạnh vai trò của mô hình mô phỏng như một công cụ chính để tái hiện và phân tích động lực lây lan dịch bệnh.

1.2.1 Chăn nuôi thông minh và chăn nuôi chính xác

Chăn nuôi thông minh (Smart Livestock Farming – SLF) được xem là xu hướng phát triển tất yếu của ngành chăn nuôi hiện đại [101], hướng tới nâng cao hiệu quả sản xuất, phúc lợi vật nuôi và năng lực quản lý rủi ro thông qua việc ứng dụng các công nghệ số. Trong bối cảnh này, hệ thống thông tin giữ vai trò trung tâm trong việc thu thập, tích hợp và xử lý dữ liệu phát sinh từ các hoạt động chăn nuôi ở nhiều cấp độ khác nhau.

Về mặt khái niệm, chăn nuôi thông minh mang tính bao trùm, đề cập đến việc ứng dụng công nghệ số, hệ thống thông tin và các phương pháp phân tích dữ liệu nhằm hỗ trợ quản lý hoạt động chăn nuôi từ cấp cá thể vật nuôi, trang trại cho đến các hệ thống chăn nuôi quy mô vùng hoặc quốc gia. Mục tiêu của chăn nuôi thông minh không chỉ dừng lại ở tự động hóa các quy trình sản xuất, mà còn hướng tới hỗ trợ ra quyết định dựa trên dữ liệu và tri thức.

Trong khuôn khổ đó, chăn nuôi chính xác (Precision Livestock Farming – PLF) [16] được xem là một hướng tiếp cận cốt lõi của chăn nuôi thông minh, tập trung

vào giám sát và quản lý ở cấp cá thể vật nuôi. PLF khai thác các dữ liệu có độ phân giải cao được thu thập từ cảm biến, thiết bị IoT và các hệ thống theo dõi tự động nhằm phát hiện sớm những thay đổi bất thường về hành vi, sinh lý hoặc môi trường sống của vật nuôi, từ đó hỗ trợ các quyết định quản lý kịp thời ở cấp trang trại.

Tuy nhiên, trên thực tế, PLF hiện nay chủ yếu tập trung vào tầng thu thập dữ liệu và giám sát ở cấp cá thể, trong khi các bài toán ở cấp hệ thống chẳng hạn như động lực lan truyền dịch bệnh trong đàn lớn hoặc giữa các trang trại đòi hỏi các phương pháp tiếp cận bổ sung dựa trên mô hình hóa và mô phỏng. Do đó, PLF cần được mở rộng và tích hợp với các mô hình mô phỏng, trong đó dữ liệu không chỉ được lưu trữ và phân tích mô tả, mà còn được kết hợp để phục vụ dự báo và cảnh báo sớm.

1.2.2 Môi quan hệ dữ liệu – mô hình – quyết định trong chăn nuôi chính xác

Một đặc trưng cốt lõi của chăn nuôi chính xác (PLF) là mối quan hệ chặt chẽ và chu kỳ giữa dữ liệu, mô hình và quyết định. PLF tập trung thu thập dữ liệu có độ phân giải cao ở mức cá thể hoặc nhóm nhỏ từ cảm biến môi trường, thiết bị theo dõi vật nuôi, hệ thống quản lý trang trại và các nguồn dữ liệu ngoại sinh. Dựa trên dữ liệu này, các mô hình được xây dựng nhằm trừu tượng hóa quy trình chăn nuôi và sức khỏe vật nuôi, hỗ trợ phân tích, mô phỏng và dự báo các kịch bản có thể xảy ra.

Kết quả phân tích và mô phỏng trở thành đầu vào quan trọng cho quá trình ra quyết định, giúp người quản lý đánh giá các phương án can thiệp và lựa chọn chiến lược tối ưu. Đặc biệt trong giám sát và cảnh báo dịch bệnh, sự kết hợp giữa dữ liệu thực tế và mô hình mô phỏng cho phép đánh giá nguy cơ lây lan và đưa ra cảnh báo sớm thay vì chỉ phản ứng thụ động sau khi dịch đã bùng phát.

Mối quan hệ dữ liệu – mô hình – quyết định tạo thành một chu trình khép kín liên tục, trong đó dữ liệu được cập nhật thường xuyên để tinh chỉnh mô hình, và kết quả mô hình hỗ trợ ra quyết định hiệu quả hơn. Chất lượng của quyết định phụ thuộc trực tiếp vào độ tin cậy của dữ liệu, mức độ phù hợp của mô hình và khả năng phản ánh đúng động lực thực tế của hệ thống chăn nuôi.

Từ góc độ hệ thống thông tin, vai trò then chốt là tổ chức, tích hợp và điều phối toàn bộ chu trình này. Các hệ thống thông tin trong chăn nuôi chính xác thường được thiết kế theo kiến trúc nhiều lớp nhằm tách biệt mối quan tâm và thuận lợi cho mở rộng, gồm: (i) lớp miền nghiệp vụ, (ii) lớp mô hình hóa và mô phỏng, (iii) lớp quản lý và phân tích thông tin, (iv) lớp hạ tầng tính toán.

1.2.3 Hệ thống thông tin hỗ trợ quản lý và cảnh báo dịch bệnh

Có thể thấy trong chăn nuôi chính xác PLF, các hệ thống thông tin IS đóng vai trò quan trọng trong việc tích hợp và xử lý dữ liệu để hỗ trợ quản lý sức khỏe đàn vật nuôi và cảnh báo sớm lây lan dịch bệnh. Các hệ thống này không chỉ lưu trữ dữ liệu mà còn hỗ trợ phân tích, mô phỏng và dự báo, giúp tối ưu hóa quy trình chăn nuôi. Ví dụ, Hệ thống Thông tin Bệnh Động vật Liên minh Châu Âu (Animal Diseases Information System - ADIS) và Hệ thống Thông tin Sức khỏe Động vật Thế giới (World Animal Health Information System - WAHIS) là những nền tảng đang được sử dụng rộng rãi để tích hợp dữ liệu địa lý từ Hệ thống Thông tin Địa lý (Geographic Information Systems - GIS) và dữ liệu thời gian thực từ Internet vạn vật (Internet of Things - IoT), nhằm giám sát dịch bệnh toàn cầu một cách hiệu quả [125][46]. ADIS cung cấp trung tâm tập trung cho dữ liệu sức khỏe động vật ở châu Âu, trong khi WAHIS hoạt động như một hệ thống dựa trên internet để xử lý dữ liệu bệnh động vật thời gian thực và chia sẻ thông tin giữa các quốc gia [131].

Thêm vào đó, IS trong PLF không chỉ giới hạn ở việc lưu trữ dữ liệu mà còn hỗ trợ mô phỏng lan truyền dịch bệnh, chẳng hạn như trong các Hệ thống Hỗ trợ Ra quyết định (Decision Support Systems - DSS) dành cho chăn nuôi lợn. Các hệ thống này sử dụng IoT để thu thập dữ liệu từ cảm biến (như theo dõi hành vi và môi trường), kết hợp với GIS để phân tích không gian địa lý, từ đó mô phỏng kịch bản lây lan và đề xuất biện pháp can thiệp kịp thời, giúp giảm thiểu thiệt hại từ dịch bệnh như dịch tả lợn Châu Phi (ASF) [89][57]. Theo các nghiên cứu tiên bộ trong giám sát bệnh động vật, IS tích hợp DSS đang được áp dụng để phát hiện sớm, giám sát bệnh lưu hành và xác định bệnh mới nổi, góp phần nâng cao phúc lợi động vật và giảm khí thải nhà kính [46]. Những ứng dụng này đang được sử dụng rộng rãi trong các hệ thống toàn cầu như WAHIS, giúp các quốc gia như Việt Nam cải thiện quản lý dịch bệnh trong bối cảnh chăn nuôi phân tán.

1.2.4 Vai trò của hệ thống thông tin trong hỗ trợ quản lý và cảnh báo

Trong bối cảnh chăn nuôi hiện đại, hệ thống thông tin (Information System – IS) không chỉ được xem là một tập hợp các công cụ công nghệ, mà là một hệ thống xã hội-kỹ thuật (socio-technical system) bao gồm con người, quy trình, dữ liệu và công nghệ, nhằm hỗ trợ các hoạt động quản lý và ra quyết định [6, 69]. Đối với các bài toán phức tạp và giàu tính bất định như giám sát sức khỏe đàn vật nuôi và cảnh

báo dịch bệnh, vai trò của hệ thống thông tin càng trở nên quan trọng do yêu cầu tích hợp và xử lý thông tin từ nhiều nguồn khác nhau.

Một trong những chức năng cốt lõi của hệ thống thông tin trong chăn nuôi hiện đại là tích hợp dữ liệu dị thể phát sinh từ các hoạt động chăn nuôi. Các nghiên cứu trong lĩnh vực PLF cho thấy dữ liệu thu thập từ cảm biến, thiết bị IoT và hệ thống quản lý trang trại thường có độ phân giải cao, tần suất lớn và không đồng nhất về cấu trúc [14, 124]. Hệ thống thông tin đóng vai trò chuẩn hóa, lưu trữ và tổ chức các nguồn dữ liệu này, tạo nền tảng cho các bước phân tích và mô hình hóa tiếp theo.

Bên cạnh chức năng quản lý dữ liệu, hệ thống thông tin còn đóng vai trò trung gian trong việc kết nối dữ liệu với các mô hình phân tích và mô phỏng. Theo quan điểm của các hệ thống hỗ trợ ra quyết định (Decision Support Systems – DSS), giá trị của dữ liệu chỉ được hiện thực hóa khi chúng được chuyển hóa thành tri thức phục vụ ra quyết định [75]. Trong bối cảnh này, các mô hình mô phỏng, đặc biệt là mô phỏng đa tác tử và các mô hình dịch tễ, được tích hợp như một thành phần của hệ thống thông tin nhằm phân tích kịch bản, đánh giá rủi ro và hỗ trợ dự báo.

Đối với bài toán cảnh báo dịch bệnh, hệ thống thông tin cho phép triển khai các cơ chế cảnh báo sớm dựa trên mô hình (model-based early warning), thay vì chỉ dựa vào các chỉ báo quan sát được sau khi dịch bệnh đã bùng phát. Các nghiên cứu gần đây cho thấy việc kết hợp dữ liệu vận hành với các mô hình mô phỏng trong một hệ thống thông tin thống nhất có thể cải thiện đáng kể khả năng phát hiện sớm và hỗ trợ ra quyết định trong quản lý dịch bệnh [35, 105, 126]. Cách tiếp cận này đặc biệt phù hợp với các hệ thống chăn nuôi quy mô lớn, nơi các tương tác phức tạp và yếu tố bất định làm giảm hiệu quả của các phương pháp giám sát truyền thống.

1.2.5 Mô hình mô phỏng đa tác tử

Mô phỏng đa tác tử ABM là một phương pháp mô phỏng hệ thống phức tạp dựa trên biểu diễn từng cá thể riêng lẻ (agents) và các quy tắc tương tác của chúng. Mỗi tác tử được định nghĩa như một thực thể tự trị với trạng thái và hành vi cụ thể, có khả năng tương tác với các tác tử khác và môi trường xung quanh. Điều này cho phép mô phỏng các hệ thống trong đó các hành vi lớn cấp hệ thống xuất hiện từ các tương tác vi mô giữa các đơn vị độc lập, một hiện tượng thường được gọi là hành vi phát sinh (Emergent Behavior) [122, 20].

Trong bối cảnh mô phỏng hệ thống phức tạp và không tuyến tính, ABM được đánh giá có lợi thế vượt trội so với các phương pháp mô phỏng tổng quát hoặc phương trình vi phân truyền thống. Cụ thể, ABM thể hiện rõ khả năng mô tả dị thể giữa các tác tử, cho phép mỗi tác tử có các thuộc tính, hành vi và phản ứng khác

nhau theo điều kiện môi trường, điều mà các mô hình tổng quát hóa thường bỏ qua [122]. Ngoài ra, khả năng mô phỏng vòng phản hồi (feedback loops) giữa hành vi tác tử và trạng thái hệ thống giúp ABM phản ánh chính xác hơn các quá trình phi tuyến vốn khó nắm bắt bằng các mô hình tuyến tính hoặc thống kê thuần túy.

Một điểm đặc trưng khác của ABM là khả năng kiểm tra các kịch bản “what-if” trong môi trường mô phỏng. Bằng cách điều chỉnh các quy tắc hành vi của tác tử, điều kiện môi trường hoặc các chính sách điều chỉnh, nhà nghiên cứu có thể quan sát và so sánh hiệu quả của các tình huống giả định khác nhau mà không cần thực hiện các thử nghiệm thực tế tốn kém và có rủi ro. Điều này đặc biệt hữu ích cho các nghiên cứu chính sách và ra quyết định, trong đó kết quả mô phỏng giúp đánh giá hiệu quả của các biện pháp can thiệp trước khi triển khai thực thi [122].

Trong lĩnh vực mô phỏng dịch bệnh, ABM đã được áp dụng để mô phỏng sự lây lan và kiểm soát các bệnh truyền nhiễm trong cộng đồng người, động vật và đa loài. So với các mô hình dịch tễ theo ngăn như SEIR, ABM cung cấp khả năng thao tác trên từng tác tử, cho phép biểu diễn chi tiết hơn sự di chuyển, tương tác và quyết định của mỗi cá thể [20]. Gần đây, các nghiên cứu về mô hình lai ABM – mô hình phân đoạn đã chứng minh cách kết hợp ưu thế chi tiết của ABM với hiệu quả tính toán của các mô hình tổng quát để đạt được mô phỏng quy mô lớn hơn mà vẫn giữ được độ chính xác đáng kể trong việc dự đoán động lực dịch bệnh [20, 77].

Đối với mô phỏng vật nuôi, ABM đặc biệt phù hợp bởi vì mỗi cá thể vật nuôi có thể được đại diện như một tác tử độc lập với trạng thái sức khỏe, hành vi và phản ứng khác nhau theo môi trường và tương tác với các cá thể khác. Các nghiên cứu ứng dụng ABM trong nghề chăn nuôi đã cho thấy mô phỏng có thể dùng để đánh giá chiến lược quản lý, thăm dò các biện pháp phòng ngừa dịch bệnh hoặc tối ưu hóa các chính sách vận hành trang trại. Nhờ đó, ABM không chỉ mô phỏng sự phát triển dịch bệnh, mà còn giúp đánh giá các chiến lược can thiệp hiệu quả trong hệ thống quản lý chăn nuôi [110, 74].

Không thể phủ nhận rằng ABM cũng gặp một số giới hạn, trong đó chi phí tính toán tăng nhanh theo số lượng tác tử và thách thức trong xác thực mô hình là hai điểm chính. Tuy nhiên, với sự phát triển của hạ tầng GPU, mô phỏng phân tán và thiết kế mô hình lai, các hạn chế này ngày càng được khắc phục, mở rộng khả năng áp dụng ABM trong các bài toán mô phỏng quy mô lớn và phức tạp, bao gồm các bài toán trong chăn nuôi và dịch bệnh động vật.

1.2.6 Mô hình dịch tễ SEIR trong mô phỏng lan truyền dịch bệnh

Trong mô phỏng lan truyền dịch bệnh truyền nhiễm, các mô hình phân ngăn đóng vai trò quan trọng trong việc mô tả sự chuyển đổi trạng thái sức khỏe của cá thể theo thời gian. Mô hình SEIR (*Susceptible-Exposed-Infectious-Recovered*) được sử dụng rộng rãi cho các bệnh có giai đoạn ủ bệnh rõ ràng, trong đó trạng thái R có thể được hiểu là *Removed* (bao gồm hồi phục, cách ly hoặc loại bỏ) [56, 85]. Mô hình phân chia quần thể thành bốn trạng thái dịch tễ và mô tả động lực lây lan thông qua các tham số tiếp xúc, ủ bệnh và hồi phục.

Đối với chăn nuôi lợn, mô hình SEIR đặc biệt phù hợp với lan truyền nội bầy đàn nhờ mật độ tiếp xúc cao và không gian khép kín. Nhiều nghiên cứu thú y đã chứng minh hiệu quả của SEIR và các biến thể trong việc mô phỏng động lực lan truyền cũng như đánh giá các biện pháp kiểm soát ở cấp nội bầy đàn (within-herd/intra-herd transmission - nơi các cá thể sống trong không gian tương đối khép kín, có mật độ tiếp xúc cao và các tương tác lặp lại theo chu kỳ chăn nuôi) và cấp trang trại [107, 8].

Ưu điểm nổi bật của SEIR là khả năng mô hình hóa rõ ràng giai đoạn phơi nhiễm (E), giúp cải thiện độ chính xác dự báo, đặc biệt với các bệnh do virus có thời gian ủ bệnh tương đối dài [29]. Từ góc độ hệ thống thông tin, SEIR không chỉ là mô hình dịch tễ thuần túy mà còn là cơ chế suy luận trạng thái có thể tích hợp trực tiếp với dữ liệu cảm biến, lịch sử tiếp xúc và điều kiện môi trường, hỗ trợ cập nhật thời gian thực và cảnh báo sớm dịch bệnh [88].

Tuy nhiên, trong chăn nuôi thực tế, quần thể lợn thường có tính không đồng nhất cao về hành vi và mức độ tiếp xúc. Do đó, việc kết hợp SEIR với mô phỏng đa tác tử (ABM) được xem là hướng tiếp cận cần thiết nhằm nâng cao khả năng biểu diễn và mở rộng của mô hình trong các hệ thống giám sát dịch bệnh quy mô lớn.

1.2.7 Mô hình lan truyền dịch bệnh NAADSM

Bên cạnh các mô hình dịch tễ học theo quy tắc và mô phỏng đa tác tử, nhiều hệ thống mô phỏng quy mô lớn đã được phát triển nhằm hỗ trợ phân tích và ra quyết định trong quản lý dịch bệnh vật nuôi. Một trong những mô hình tiêu biểu là NAADSM (North American Animal Disease Spread Model), được thiết kế để mô phỏng sự lan truyền của các bệnh truyền nhiễm nguy hiểm trong quần thể vật nuôi ở cấp trang trại (inter-herd/ between-herd transmission), vùng và quốc gia [102]. Mô hình này được phát triển với mục tiêu hỗ trợ đánh giá các kịch bản bùng phát

dịch và hiệu quả của các biện pháp kiểm soát, phục vụ công tác hoạch định chính sách thú y.

Về mặt mô hình hóa, NAADSM là một mô hình mô phỏng ngẫu nhiên theo sự kiện rời rạc (stochastic discrete-event simulation), trong đó mỗi trang trại được xem như một đơn vị mô hình. Quá trình lan truyền dịch bệnh được mô phỏng thông qua nhiều cơ chế tiếp xúc khác nhau, bao gồm tiếp xúc trực tiếp giữa các đàn, vận chuyển động vật, phương tiện, con người và các con đường lây nhiễm gián tiếp khác. Trạng thái dịch bệnh của từng trang trại được cập nhật theo thời gian dựa trên các tham số dịch tễ, cho phép mô phỏng động lực lan truyền dịch bệnh ở quy mô lớn [102].

Một điểm mạnh nổi bật của NAADSM là khả năng tích hợp linh hoạt các kịch bản can thiệp và kiểm soát dịch bệnh, chẳng hạn như tiêu hủy, cách ly, hạn chế vận chuyển hoặc tiêm phòng. Nhờ đó, mô hình này đã được sử dụng rộng rãi để đánh giá hiệu quả của các chiến lược kiểm soát đối với nhiều bệnh truyền nhiễm nguy hiểm trên vật nuôi. Trong lĩnh vực chăn nuôi lợn, NAADSM đã được áp dụng để mô phỏng sự lan truyền của hội chứng rối loạn sinh sản và hô hấp ở lợn (PRRS) giữa các trang trại tại Canada và một số quốc gia khác, cho phép phân tích tác động của các biện pháp kiểm soát ở cấp hệ thống [118, 54].

Gần đây, NAADSM cũng đã được sử dụng để mô phỏng sự lan truyền của dịch tả lợn Châu Phi (ASF) trong hệ thống trang trại lợn tại Việt Nam. Các kết quả mô phỏng cho thấy vai trò quan trọng của các con đường lây nhiễm gián tiếp và sự di chuyển giữa các trang trại trong việc thúc đẩy lan truyền dịch bệnh [72]. Những nghiên cứu này khẳng định tính phù hợp của NAADSM trong việc phân tích lan truyền dịch bệnh vật nuôi ở quy mô vùng và quốc gia.

1.2.8 Mô hình lan truyền dịch bệnh dựa trên mạng lưới ngẫu nhiên (Stochastic Network-Based Models)

Trong nghiên cứu mô phỏng lan truyền dịch bệnh, các mô hình dựa trên mạng lưới ngẫu nhiên theo cơ chế xác suất (stochastic network-based models) được phát triển nhằm khắc phục hạn chế của các mô hình dịch tễ học giả định sự tiếp xúc đồng đều trong quần thể. Thay vì coi quần thể như một khối đồng nhất, cách tiếp cận này biểu diễn hệ thống dưới dạng một mạng lưới, trong đó các nút đại diện cho cá thể hoặc đơn vị chăn nuôi, còn các cạnh biểu diễn mối quan hệ tiếp xúc có khả năng dẫn đến lây nhiễm. Quá trình lan truyền dịch bệnh được mô hình hóa như một tiến trình ngẫu nhiên, phụ thuộc vào cấu trúc mạng và các xác suất lây truyền gắn với từng mối quan hệ tiếp xúc [100].

Đặc trưng cốt lõi của các mô hình stochastic network-based nằm ở việc kết hợp cấu trúc mạng với các quy luật ngẫu nhiên để mô phỏng động lực lan truyền dịch bệnh. Ở mỗi bước thời gian, trạng thái dịch tễ của một nút có thể thay đổi dựa trên xác suất lây nhiễm từ các nút lân cận đang ở trạng thái nhiễm bệnh. Cách tiếp cận này cho phép phản ánh sự bất định vốn có trong quá trình lây lan dịch bệnh, đồng thời làm rõ vai trò của cấu trúc tiếp xúc trong việc hình thành các ngưỡng bùng phát và các mô hình lan truyền phức tạp [91].

Trong bối cảnh chăn nuôi, cấu trúc tiếp xúc giữa vật nuôi thường không đồng nhất và chịu ảnh hưởng bởi bố trí chuồng trại, phân nhóm nuôi, hoạt động chăm sóc và di chuyển. Các mô hình stochastic network-based cho phép biểu diễn những tương tác này một cách linh hoạt thông qua mạng lưới tiếp xúc, qua đó mô phỏng chính xác hơn lan truyền dịch bệnh trong nội bầy đàn so với các mô hình quần thể tổng hợp. Đặc biệt, cách tiếp cận này có khả năng làm nổi bật vai trò của các cá thể hoặc nhóm có mức độ tiếp xúc cao, vốn có thể trở thành các điểm then chốt trong quá trình lan truyền dịch bệnh [31].

Từ góc độ Hệ thống thông tin, mô hình stochastic network-based cung cấp một khung mô hình hóa phù hợp để tích hợp dữ liệu tiếp xúc và dữ liệu hành vi thu thập từ các hệ thống chăn nuôi chính xác. Thông tin về đồng chuồng, di chuyển hoặc tiếp xúc gián tiếp có thể được ánh xạ thành cấu trúc mạng và cập nhật theo thời gian, cho phép hệ thống thông tin phân tích động lực lan truyền dịch bệnh dựa trên dữ liệu thực. Nhờ đó, mô hình không chỉ phục vụ mô phỏng, mà còn hỗ trợ phân tích rủi ro và cảnh báo sớm trong quản lý sức khỏe vật nuôi [109].

Tuy nhiên, các mô hình stochastic network-based thường đối mặt với thách thức về độ phức tạp tính toán và yêu cầu dữ liệu chi tiết để xây dựng cấu trúc mạng đáng tin cậy. Ngoài ra, khi quy mô hệ thống lớn, việc mô phỏng mạng lưới chi tiết có thể ảnh hưởng đến khả năng mở rộng của hệ thống thông tin. Do đó, trong các nghiên cứu gần đây, cách tiếp cận này thường được kết hợp với các mô hình khác, chẳng hạn như mô phỏng đa tác tử hoặc mô hình dịch tễ học theo quy tắc, nhằm cân bằng giữa độ chi tiết, khả năng diễn giải và hiệu năng tính toán của hệ thống mô phỏng.

1.2.9 Các công cụ hỗ trợ mô phỏng dựa trên mô hình đa tác tử

Sự phát triển của mô hình mô phỏng đa tác tử ABM đã thúc đẩy sự ra đời của nhiều công cụ và nền tảng phần mềm nhằm hỗ trợ xây dựng, thực thi và phân tích các hệ thống mô phỏng phức tạp. Các công cụ này đóng vai trò như những hệ thống

thông tin mô phỏng, cho phép tích hợp dữ liệu đầu vào, biểu diễn hành vi tác tử, mô phỏng tương tác và phân tích kết quả nhằm hỗ trợ ra quyết định. Trong bối cảnh nghiên cứu các hệ thống phức hợp như chăn nuôi chính xác và lan truyền dịch bệnh vật nuôi, việc lựa chọn công cụ ABM phù hợp có ảnh hưởng trực tiếp đến khả năng mở rộng, tính hiện thực và hiệu quả ứng dụng của mô hình.

1.2.9.1 Các công cụ ABM phổ biến

NetLogo là một trong những công cụ ABM được sử dụng rộng rãi trong nghiên cứu và giảng dạy nhờ môi trường mô phỏng trực quan và ngôn ngữ lập trình bậc cao, cho phép xây dựng nhanh các mô hình mô phỏng dựa trên tác tử [129]. Tuy nhiên, NetLogo còn hạn chế về hiệu năng, khả năng xử lý dữ liệu lớn và tích hợp với các hệ thống thông tin bên ngoài, do đó chủ yếu phù hợp với các mô hình quy mô nhỏ hoặc mang tính minh họa.

Repast là một nền tảng mô phỏng đa tác tử hướng đối tượng, cho phép phát triển các mô hình phức tạp với khả năng mở rộng cao [28]. Repast hỗ trợ tích hợp với các thư viện phân tích dữ liệu và mô hình hóa nâng cao, song yêu cầu kỹ năng lập trình chuyên sâu, làm tăng chi phí phát triển và hạn chế khả năng tiếp cận đối với các nhà nghiên cứu không chuyên về kỹ thuật phần mềm.

AnyLogic là một nền tảng mô phỏng thương mại hỗ trợ đa phương pháp, kết hợp giữa ABM, mô phỏng sự kiện rời rạc và mô phỏng hệ động lực [19]. Nhờ khả năng tích hợp linh hoạt, AnyLogic được ứng dụng trong nhiều lĩnh vực quản lý và công nghiệp. Tuy nhiên, chi phí bản quyền cao và tính đóng của nền tảng là những rào cản đối với các nghiên cứu học thuật dài hạn và các hệ thống mô phỏng mở.

1.2.9.2 Nền tảng GAMA trong mô phỏng hệ thống phức hợp

GAMA Platform là một nền tảng mô phỏng đa tác tử mã nguồn mở được thiết kế chuyên biệt cho việc mô hình hóa các hệ thống phức hợp ở quy mô lớn. GAMA cho phép mô tả tác tử, môi trường và các mức tổ chức khác nhau trong cùng một mô hình thống nhất, hỗ trợ mạnh mẽ mô hình hóa đa cấp (multi-level modeling) [115]. Đặc điểm này đặc biệt phù hợp với các hệ thống chăn nuôi, nơi các quá trình diễn ra đồng thời ở nhiều cấp độ từ cá thể vật nuôi đến đàn, trang trại và vùng địa lý.

Một ưu điểm quan trọng của GAMA là khả năng tích hợp dữ liệu không gian và thời gian, cho phép xây dựng các mô hình mô phỏng gắn với dữ liệu GIS, dữ liệu cảm biến và dữ liệu quản lý thực tế [48]. Nhờ đó, GAMA giúp thu hẹp khoảng cách

giữa mô hình lý thuyết và hệ thống thông tin vận hành, nâng cao khả năng ứng dụng của mô hình trong các bài toán giám sát và cảnh báo dịch bệnh.

Bên cạnh đó, GAMA hỗ trợ mô phỏng quy mô lớn và tính toán song song, cho phép triển khai các mô hình ABM phức tạp trên môi trường máy chủ và hạ tầng điện toán đám mây [115]. Khả năng này đặc biệt quan trọng đối với các nghiên cứu mô phỏng lan truyền dịch bệnh vật nuôi, nơi cần thực hiện nhiều kịch bản mô phỏng nhằm đánh giá hiệu quả của các chiến lược can thiệp khác nhau.

1.2.9.3 Vai trò của GAMA trong nghiên cứu hệ thống thông tin và mô phỏng vật nuôi

Dưới góc nhìn của Hệ thống thông tin, GAMA không chỉ là một công cụ mô phỏng mà còn có thể được xem như một nền tảng lõi cho hệ thống hỗ trợ ra quyết định dựa trên mô phỏng. Việc kết hợp GAMA với các nguồn dữ liệu thời gian thực, các mô hình dịch tễ học và hạ tầng điện toán đám mây cho phép xây dựng các hệ thống giám sát và cảnh báo sớm dịch bệnh có khả năng mở rộng và thích ứng cao.

Những đặc điểm trên cho thấy GAMA đặc biệt phù hợp với hướng nghiên cứu mô phỏng vật nuôi trong bối cảnh chăn nuôi chính xác, nơi yêu cầu đồng thời về mức độ chi tiết ở cấp cá thể, khả năng mở rộng hệ thống và tích hợp dữ liệu. Đây chính là cơ sở khoa học cho việc lựa chọn GAMA làm nền tảng mô phỏng trong luận án này và là tiền đề cho việc thiết kế kiến trúc hệ thống thông tin giám sát và cảnh báo dịch bệnh ở các chương tiếp theo.

1.2.10 Các mô hình triển khai hệ thống phân tán

Trong bối cảnh các hệ thống thông tin ngày càng mở rộng về quy mô và mức độ phức tạp, mô hình triển khai hệ thống phân tán đã trở thành một thành tố nền tảng quyết định cách thức tổ chức, vận hành và phát triển các ứng dụng hiện đại. Theo cách tiếp cận này, các thành phần phần mềm và dữ liệu không còn được tập trung tại một điểm duy nhất mà được phân bố trên nhiều nút tính toán độc lập, phối hợp với nhau thông qua hạ tầng mạng nhằm cung cấp một dịch vụ thống nhất [116, 30].

Đối với các ứng dụng mô phỏng quy mô lớn, đặc biệt là các hệ thống mô phỏng có cường độ tính toán cao và tương tác phức tạp giữa các thực thể, mô hình triển khai không chỉ ảnh hưởng đến hiệu năng xử lý mà còn chi phối khả năng mở rộng, mức độ linh hoạt và độ tin cậy của toàn bộ hệ thống. Do đó, việc khảo sát các mô hình triển khai hệ thống phân tán ở mức độ khái niệm là cần thiết nhằm hình thành cơ sở lý thuyết cho việc thiết kế các hệ thống mô phỏng phù hợp với bối cảnh nghiên cứu của luận án.

1.2.10.1 Mô hình triển khai Client–Server và Multi-tier

Mô hình Client–Server đại diện cho cách tiếp cận triển khai hệ thống phân tán theo hướng tập trung chức năng xử lý tại phía máy chủ, trong khi phía khách đóng vai trò tương tác và hiển thị. Trên nền tảng đó, mô hình Multi-tier được phát triển nhằm tách biệt hệ thống thành các lớp chức năng khác nhau, qua đó cải thiện khả năng tổ chức, bảo trì và phát triển hệ thống [30].

Trong các hệ thống thông tin truyền thống, mô hình Multi-tier cho phép quản lý hiệu quả các ứng dụng nghiệp vụ và dữ liệu. Tuy nhiên, khi xét trong bối cảnh các ứng dụng mô phỏng quy mô lớn, cách tiếp cận này bộc lộ những hạn chế nhất định liên quan đến khả năng phân bổ linh hoạt tài nguyên và mở rộng theo chiều ngang, đặc biệt khi khối lượng tính toán và số lượng thực thể mô phỏng gia tăng nhanh chóng.

1.2.10.2 Mô hình triển khai hướng dịch vụ (Service-Oriented Architecture – SOA)

Kiến trúc hướng dịch vụ SOA tiếp cận việc triển khai hệ thống phân tán thông qua việc tổ chức các chức năng của hệ thống thành các dịch vụ độc lập, giao tiếp với nhau bằng các giao thức chuẩn. Mô hình này góp phần nâng cao khả năng tái sử dụng, tích hợp và thích ứng của hệ thống thông tin trong các môi trường triển khai khác nhau [36].

Trong bối cảnh các hệ thống mô phỏng, SOA cho phép tách rời các chức năng xử lý dữ liệu, thực thi mô hình và phân tích kết quả. Tuy nhiên, việc phối hợp giữa các dịch vụ phân tán thường phát sinh độ trễ và chi phí giao tiếp, từ đó đặt ra những thách thức đối với các mô phỏng yêu cầu tính toán song song chặt chẽ và đồng bộ trạng thái giữa nhiều thành phần.

1.2.10.3 Mô hình triển khai Microservices

Microservices là sự phát triển tiếp theo của SOA, trong đó hệ thống được triển khai dưới dạng các dịch vụ có quy mô nhỏ, độc lập và có khả năng được mở rộng một cách tự chủ. Cách tiếp cận này cho phép hệ thống thích ứng linh hoạt với sự thay đổi về quy mô và tải xử lý, đặc biệt trong môi trường điện toán đám mây [92].

Đối với các hệ thống mô phỏng phân tán, mô hình microservices tạo điều kiện cho việc tổ chức các thành phần xử lý độc lập, qua đó mở ra khả năng phân bổ và điều phối linh hoạt các tác vụ tính toán. Tuy nhiên, việc duy trì tính nhất quán của trạng thái mô phỏng và đảm bảo sự phối hợp hiệu quả giữa các dịch vụ vẫn là

những vấn đề mang tính thách thức, nhất là đối với các mô hình mô phỏng có mức độ tương tác cao giữa các thực thể.

1.2.10.4 Mô hình triển khai hướng sự kiện và Serverless

Kiến trúc hướng sự kiện và mô hình serverless đại diện cho xu hướng triển khai hệ thống phân tán hiện đại, trong đó việc thực thi các chức năng được kích hoạt bởi các sự kiện thay vì tuân theo luồng xử lý cố định. Các mô hình này góp phần giảm thiểu gánh nặng quản lý hạ tầng và hỗ trợ khả năng mở rộng tự động theo nhu cầu sử dụng [12].

Trong lĩnh vực mô phỏng, kiến trúc hướng sự kiện phù hợp với các bài toán xử lý sự kiện rời rạc hoặc phân tích dữ liệu sau mô phỏng. Tuy nhiên, đối với các hệ thống mô phỏng dài hạn, yêu cầu duy trì trạng thái liên tục và tương tác phức tạp giữa các thực thể, việc áp dụng mô hình serverless cần được xem xét thận trọng nhằm đảm bảo khả năng kiểm soát luồng thực thi và hiệu quả vận hành của hệ thống.

Từ các mô hình triển khai hệ thống phân tán đã phân tích, có thể nhận thấy rằng mỗi mô hình đều phản ánh những nguyên lý thiết kế và giả định khác nhau, phù hợp với những bối cảnh ứng dụng nhất định. Đối với các hệ thống mô phỏng vật nuôi và giám sát dịch bệnh quy mô lớn, bài toán đặt ra không chỉ liên quan đến khả năng mở rộng và hiệu năng xử lý, mà còn gắn liền với yêu cầu quản lý trạng thái mô phỏng, điều phối các thực thể và tích hợp dữ liệu theo thời gian thực.

Những phân tích trên cho thấy nhu cầu về một mô hình triển khai hệ thống phân tán có tính linh hoạt cao, có khả năng mở rộng khai thác hiệu quả tài nguyên điện toán đám mây và đồng thời hỗ trợ tốt cho các nền tảng mô phỏng đa tác tử đặc biệt trong các bài toán mô phỏng quy mô lớn

1.2.11 Các nền tảng điện toán đám mây hỗ trợ triển khai ứng dụng phân tán

Điện toán đám mây đã trở thành nền tảng hạ tầng quan trọng cho việc triển khai các hệ thống thông tin phân tán hiện đại. Theo cách tiếp cận này, tài nguyên tính toán, lưu trữ và mạng được cung cấp dưới dạng dịch vụ, cho phép hệ thống mở rộng linh hoạt theo nhu cầu sử dụng và giảm thiểu chi phí đầu tư hạ tầng ban đầu [79, 25]. Đối với các ứng dụng quy mô lớn, đặc biệt là các hệ thống mô phỏng có cường độ tính toán cao, điện toán đám mây đóng vai trò then chốt trong việc hiện thực hóa các mô hình triển khai hệ thống phân tán đã được trình bày ở phần trước.

Mô hình dịch vụ điện toán đám mây

Các nền tảng điện toán đám mây thường được phân loại theo ba mô hình dịch vụ chính, bao gồm Infrastructure as a Service (IaaS), Platform as a Service (PaaS) và Software as a Service (SaaS). Trong đó, mô hình IaaS cung cấp quyền kiểm soát cao đối với hạ tầng ảo hóa, cho phép người dùng chủ động cấu hình và triển khai các hệ thống phân tán phức tạp. Mô hình PaaS tập trung vào việc hỗ trợ phát triển và triển khai ứng dụng, trong khi SaaS hướng đến việc cung cấp các ứng dụng hoàn chỉnh cho người dùng cuối [11].

Đối với các hệ thống mô phỏng phân tán, đặc biệt là mô phỏng đa tác tử và mô phỏng dịch bệnh, mô hình IaaS và PaaS thường được ưu tiên do khả năng kiểm soát tài nguyên, cấu hình môi trường thực thi và tích hợp linh hoạt với các nền tảng mô phỏng chuyên biệt.

Các nền tảng điện toán đám mây thương mại

Hiện nay, các nhà cung cấp dịch vụ điện toán đám mây thương mại như Amazon Web Services (AWS), Microsoft Azure và Google Cloud Platform (GCP) giữ vai trò chủ đạo trong việc cung cấp hạ tầng và dịch vụ cho các hệ thống phân tán quy mô lớn. Các nền tảng này cung cấp hệ sinh thái phong phú bao gồm máy ảo, lưu trữ phân tán, dịch vụ mạng, cũng như các công cụ hỗ trợ triển khai và giám sát hệ thống [99].

Trong bối cảnh các ứng dụng mô phỏng, các nền tảng đám mây thương mại cho phép triển khai linh hoạt các cụm tính toán, hỗ trợ mở rộng tài nguyên theo nhu cầu và tạo điều kiện cho việc thực thi song song các tác vụ mô phỏng. Tuy nhiên, việc phụ thuộc vào các dịch vụ độc quyền và chi phí vận hành dài hạn là những yếu tố cần được cân nhắc trong các nghiên cứu và ứng dụng thực tế.

Nền tảng đám mây mã nguồn mở và đám mây riêng

Bên cạnh các nền tảng thương mại, các giải pháp đám mây mã nguồn mở như OpenStack đóng vai trò quan trọng trong việc xây dựng các môi trường đám mây riêng (private cloud) và đám mây lai (hybrid cloud). OpenStack cho phép triển khai hạ tầng đám mây với mức độ kiểm soát cao, phù hợp với các tổ chức nghiên cứu và các hệ thống yêu cầu tùy biến sâu [45].

Trong các nghiên cứu mô phỏng, đám mây mã nguồn mở tạo điều kiện cho việc thử nghiệm, đánh giá và so sánh các mô hình triển khai hệ thống phân tán trong những môi trường khác nhau, đồng thời giảm sự phụ thuộc vào các nhà cung cấp dịch vụ thương mại.

Vai trò của điện toán đám mây đối với ứng dụng mô phỏng phân tán

Từ góc độ hệ thống thông tin, điện toán đám mây không chỉ đóng vai trò là hạ tầng triển khai, mà còn là yếu tố thúc đẩy các mô hình tổ chức và vận hành hệ

thông phân tán. Khả năng mở rộng động, phân bổ tài nguyên linh hoạt và hỗ trợ tính toán song song của điện toán đám mây là những yếu tố then chốt giúp hiện thực hóa các hệ thống mô phỏng quy mô lớn, đặc biệt là các mô hình mô phỏng đa tác tử với số lượng lớn thực thể và tương tác phức tạp [25].

Từ những phân tích trên cho thấy rằng các nền tảng điện toán đám mây cung cấp cơ sở hạ tầng cần thiết để triển khai các mô hình hệ thống phân tán một cách linh hoạt và hiệu quả. Tuy nhiên, để khai thác tối đa tiềm năng của điện toán đám mây trong các bài toán mô phỏng, cần có các nền tảng mô phỏng chuyên biệt có khả năng quản lý tác tử, điều phối tương tác và hỗ trợ mở rộng quy mô.

1.3 Tổng quan nghiên cứu liên quan

1.3.1 Các hệ thống giám sát và cảnh báo dịch bệnh cho vật nuôi

1.3.1.1 Nền tảng giám sát dựa trên dữ liệu sản xuất và mô hình thống kê

Các hệ thống giám sát và cảnh báo dịch bệnh động vật ngày càng trở thành công cụ thiết yếu bảo đảm an ninh y tế, lương thực và thương mại toàn cầu. Ba nền tảng tiêu biểu được các tổ chức quốc tế phát triển là:

- **WAHIS** (*World Animal Health Information System*) do WOAHA (trước là OIE) xây dựng từ năm 2005, cung cấp dữ liệu chính thức, chuẩn hóa về các bệnh có ý nghĩa dịch tễ ở động vật nuôi và hoang dã, đồng thời hỗ trợ phát cảnh báo sớm [132]. Ưu điểm nổi bật là tính thẩm quyền và chuẩn mực toàn cầu; tuy nhiên, hệ thống phụ thuộc nặng vào chất lượng và độ kịp thời của báo cáo quốc gia, dữ liệu chủ yếu ở mức sự kiện/ổ dịch, thiếu chi tiết vi mô về hành vi cá thể, tiếp xúc và di chuyển.
- **EMPRES-i** của FAO tập trung cung cấp thông tin dịch bệnh theo không gian–thời gian, hỗ trợ giám sát diễn biến và ra quyết định can thiệp ở cấp khu vực và quốc gia [42]. Hệ thống có ưu điểm về khả năng phân tích không gian, song hiệu quả vẫn bị hạn chế bởi chất lượng dữ liệu đầu vào và quy trình xác minh.
- **ADIS** (*Animal Disease Information System*) của Liên minh châu Âu ra mắt năm 2021, chuyên ghi nhận và theo dõi các bệnh truyền nhiễm quan trọng, đồng thời đã được liên kết với WAHIS [38]. ADIS mang lại tính thống nhất trong

khu vực châu Âu, nhưng cũng bị giới hạn phạm vi địa lý và phụ thuộc vào dữ liệu sự kiện.

Nhìn chung, dù có mức độ hoàn thiện cao, ba hệ thống trên đều chia sẻ những hạn chế chung: phạm vi địa lý hạn chế, phụ thuộc mạnh vào chất lượng và độ kịp thời của dữ liệu đầu vào, cùng với việc thiếu độ chi tiết vi mô (hành vi cá thể, mạng lưới tiếp xúc, di chuyển thực tế). Do đó, chúng chưa đủ khả năng hỗ trợ dự báo cơ chế lan truyền và đánh giá can thiệp một cách chính xác ở cấp độ hệ thống. Các đặc điểm so sánh được tóm tắt chi tiết trong Bảng 1.1.

Bảng 1.1: So sánh ba nền tảng giám sát, cảnh báo dịch bệnh động vật cấp quốc tế và khu vực.

Nền tảng (năm)	Phạm vi	Nguồn dữ liệu	Chức năng và luồng chính	Ưu điểm và hạn chế cốt lõi
WOAH-WAHIS (2005)	Toàn cầu	Báo cáo <i>chính thức</i> từ cơ quan thú y quốc gia (thành viên WOAH)	Cảnh báo sớm; giám sát định kỳ (6-tháng/năm); theo dõi bệnh xuyên biên giới (ASF, FMD, ...)	Ưu: thẩm quyền cao, chuẩn hóa, so sánh xuyên quốc gia. Hạn: phụ thuộc kịp thời/chất lượng báo cáo; có độ trễ xác minh; dữ liệu chủ yếu mức sự kiện/ổ dịch, thiếu vi mô.
FAO-EMPRES-i+ (2021)	Toàn cầu	Dữ liệu tổng hợp phục vụ thông tin về dịch bệnh và xác minh theo quy trình FAO	Logic <i>phát hiện-xác minh-phân tích</i> ; cảnh báo sớm; tổng hợp tín hiệu theo vùng	Ưu: mạnh về tổng hợp và phân tích cảnh báo theo vùng; hỗ trợ ưu tiên can thiệp sớm. Hạn: phụ thuộc chất lượng nguồn vào và khâu xác minh; độ chi tiết thường không đến mức cá thể/tiếp xúc/di chuyển.

EU-ADIS (2021)	Khu vực (EU)	Thông báo và báo cáo của cơ quan thẩm quyền các nước EU theo khung pháp lý EU	Thông báo và báo cáo; theo dõi ổ dịch theo bệnh/quốc gia; điều phối nội khối	Ưu: chuẩn hóa cao trong EU; hỗ trợ phản ứng nhanh và điều phối nội khối. Hạn: giới hạn địa lý EU; phụ thuộc nhập liệu; dữ liệu thiên về ổ dịch/đơn vị hành chính, thiếu cơ chế vi mô.
----------------	--------------	---	--	--

1.3.1.2 Cảnh báo thời gian thực và báo cáo tích hợp

Hai hệ thống giám sát sức khỏe đàn lợn tiêu biểu tại Mỹ thể hiện hai cách tiếp cận hỗ trợ cho giám sát dịch bệnh:

- **SDRS** (*Swine Disease Reporting System*), được phát triển năm 2017 [114], là hệ thống tình báo dịch tễ dựa trên luồng dữ liệu xét nghiệm chẩn đoán quy mô lớn. Hệ thống cung cấp tín hiệu gần thời gian thực, giúp phát hiện sớm dịch chuyển bất thường và ưu tiên các biện pháp can thiệp (giám sát bổ sung, tăng cường an toàn sinh học) dựa trên bằng chứng tổng hợp. Tuy nhiên, hạn chế cốt lõi của SDRS là dữ liệu xét nghiệm không phải mẫu ngẫu nhiên đại diện cho quần thể, nên suy luận định lượng dễ bị nhiễu bởi hành vi gửi mẫu và thực hành xét nghiệm, đòi hỏi diễn giải thận trọng.
- **MSHMP** (*Morrison Swine Health Monitoring Project*), khởi xướng từ năm 2011 bởi Đại học Minnesota [86], là mô hình giám sát chủ động dựa trên báo cáo tự nguyện của doanh nghiệp. Hệ thống cung cấp chuỗi thời gian gần thời gian thực ở quy mô ngành, hỗ trợ nhận diện sớm biến động theo vùng và nhóm hệ thống, đồng thời làm nền tảng cho phân tích dịch tễ vi mô. Tuy nhiên, MSHMP cũng tồn tại những hạn chế cấu trúc: dữ liệu phụ thuộc vào mức độ tham gia và tuân thủ báo cáo, có nguy cơ thiên lệch chọn mẫu (không đại diện ngẫu nhiên), và độ phân giải chủ yếu ở mức trang trại/đơn vị sản xuất thay vì mức cá thể hoặc tiếp xúc, do đó hạn chế khả năng suy luận cơ chế lây truyền vi mô.

Hai hệ thống trên hỗ trợ lẫn nhau về phạm vi và mức độ kịp thời, song đều chia sẻ hạn chế chung là tính đại diện của dữ liệu và độ phân giải vi mô. Các đặc điểm so sánh được tóm tắt chi tiết trong Bảng 1.2.

Bảng 1.2: So sánh hai sáng kiến/chương trình giám sát sức khỏe đàn lợn: SDRS, MSHMP.

Chương trình (năm)	Bản chất	Nguồn dữ liệu	Đầu ra/sản phẩm	Điểm mạnh	Hạn chế điển hình
SDRS (2017) [114]	Hệ thống báo cáo dựa trên xét nghiệm	Kết quả xét nghiệm từ nhiều VDLs; phân tầng theo tác nhân/nhóm tuổi/địa lý	Báo cáo xu hướng; baseline/độ lệch để phát hiện bất thường	Tín hiệu gần thời gian thực; chuẩn hóa theo tác nhân và phân tầng phân tích	Thiên lệch do hành vi gửi mẫu/xét nghiệm; ít phản ánh cơ chế vi mô
MSHMP (2011/2012) [86]	Chương trình giám sát dựa trên báo cáo định kỳ	Báo cáo tình trạng bệnh ở mức hệ thống/trang trại.)	Biểu đồ/báo cáo định kỳ theo bệnh và xu hướng thời gian	Theo dõi xu hướng quy mô ngành; hỗ trợ phản ứng với dịch mới nổi	Phụ thuộc tham gia/tuân thủ; độ phân giải thường ở mức trang trại/hệ thống

1.3.1.3 Hệ thống giám sát và cảnh báo dịch bệnh trên đàn lợn

Ứng dụng trí tuệ nhân tạo (AI) trong giám sát sức khỏe đàn lợn đã phát triển mạnh mẽ, tập trung vào hai hướng chính: chẩn đoán dựa trên triệu chứng và phát hiện sớm bất thường từ dữ liệu sản xuất. Các nghiên cứu tiêu biểu bao gồm:

- **Mairittha và cộng sự [76]** đề xuất hệ thống AI đa tác tử hỗ trợ chẩn đoán bệnh lợn (ASF, PRRS, PED, FMD. . .) dựa trên mô tả triệu chứng và truy hồi kiến thức thú y. Hệ thống có khả năng hỏi đáp thích ứng theo trạng thái triệu chứng, song hạn chế lớn là phụ thuộc nặng vào dữ liệu đầu vào do người mô tả (dễ mơ hồ, thiếu chuẩn hóa) và chưa tích hợp giám sát thời gian thực từ cảm biến, hình ảnh hay âm thanh, cũng như chưa mô hình hóa động lực lây lan ở cấp đàn/trang trại.
- **Halev và cộng sự [53]** xây dựng mô hình học máy dự báo xác suất nhiễm bệnh theo ngày tại trại lợn, cung cấp tín hiệu tiên khởi phát hữu ích cho phòng ngừa. Nghiên cứu xác định được nhóm đặc trưng đóng góp lớn, tuy nhiên vẫn bị hạn chế bởi thiếu dữ liệu và chưa đạt độ tin cậy cao ở quy mô thực địa.
- **Solikhah và cộng sự [112]** tổng hợp và đánh giá hệ thống giám sát ASF theo định hướng thực hành an toàn sinh học và chính sách, đồng thời gợi ý hướng

nghiên cứu vắc-xin và mô hình dự báo ổ dịch. Nghiên cứu chỉ ra rõ những rào cản nền tảng vẫn tồn tại trong kiểm soát ASF.

- **Merca và cộng sự [80]** đề xuất hệ thống giám sát hội chứng sử dụng chuỗi thời gian và biểu đồ kiểm soát EWMA cùng Shewhart để phát hiện sớm bất thường dịch bệnh. Cách tiếp cận này phù hợp cho giám sát vĩ mô nhưng độ phân giải vi mô còn hạn chế.
- **Mil-Homens và cộng sự [83]** áp dụng học máy không giám sát để phát hiện tín hiệu bất thường từ chỉ số năng suất sinh sản ở trại nái, đóng vai trò cảnh báo sớm kích hoạt điều tra bổ sung thay vì xác định nguyên nhân bệnh.

Nhìn chung, các nghiên cứu trên đều góp phần nâng cao khả năng phát hiện sớm dịch bệnh trên đàn lợn, song vẫn tồn tại những hạn chế chung: phụ thuộc dữ liệu đầu vào, thiếu tích hợp đa kênh thời gian thực, độ phân giải vi mô thấp và chưa mô hình hóa đầy đủ cơ chế lây lan ở cấp hệ thống. Các đặc điểm so sánh được tóm tắt chi tiết trong Bảng 1.3.

Bảng 1.3: So sánh các nghiên cứu về ứng dụng AI và phân tích dữ liệu trong giám sát sức khỏe đàn lợn.

Tác giả, năm	Nơi công bố	Cách tiếp cận	Công nghệ chính	Trọng tâm
Mairittha et al., 2025 [76]	arXiv	AI đa tác tử hỗ trợ phát hiện/chẩn đoán dựa trên mô tả triệu chứng và truy hồi tri thức	Đa tác tử; RAG; hội thoại hỏi–đáp; hợp nhất độ tin cậy/OOD	Hỗ trợ quyết định theo ca: phân luồng truy vấn, thu thập triệu chứng, khuyến nghị dựa tri thức
Halev et al., 2023 [53]	Scientific Reports	Dự báo xác suất nhiễm bệnh theo ngày ở cấp trại để cảnh báo sớm	Học máy dự báo nguy cơ; chọn đặc trưng	Chấm điểm rủi ro cấp trại từ dữ liệu vận hành; hỗ trợ cảnh báo sớm

Tác giả, năm	Nơi công bố	Cách tiếp cận	Công nghệ chính	Trọng tâm
Solikhah et al., 2025 [112]	Veterinary World	Tổng quan ASFV phục vụ định hướng giám sát, an toàn sinh học và chính sách	Tổng quan (review) vi rút học–miễn dịch–chẩn đoán–kiểm soát	Khung tri thức/yêu cầu hệ thống cho thiết kế giám sát; không phải hệ thống triển khai
Merca et al., 2022 [80]	Prev. Vet. Med.	Giám sát hội chứng từ dữ liệu sản xuất để phát hiện bất thường	Chuỗi thời gian; EWMA; Shewhart; mức độ nghiêm trọng	Pipeline giám sát chuỗi thời gian và quản trị cảnh báo (ngưỡng/severity)
Mil-Homens et al., 2025 [83]	Frontiers Vet. Sci.	Học máy không giám sát phát hiện bất thường từ chỉ số năng suất sinh sản	Isolation forest; autoencoder; kNN	Cảnh báo sớm khi thiếu nhãn bệnh: gắn cờ bất thường để kích hoạt điều tra/chẩn đoán

Khác với các nền tảng giám sát hiện có [131, 38, 130] chủ yếu tập trung vào thu thập và báo cáo dữ liệu dịch bệnh ở mức quốc gia/khu vực với độ trễ cao và thiếu cơ chế vi mô, nghiên cứu sinh đề xuất khung mô phỏng dựa trên ABM tích hợp hành vi cá thể và dịch tễ học để hỗ trợ cảnh báo sớm tại cấp trang trại và liên trang trại.

1.3.2 Hệ thống chăn nuôi thông minh và chăn nuôi chính xác trong chăn nuôi lợn

Nghiên cứu gần đây cho thấy PLF ngày càng có xu hướng tích hợp AI và IoT để nâng cao quản lý dữ liệu, nhưng vẫn tồn tại khoảng trống trong tiêu chuẩn hóa và xác thực, có thể ảnh hưởng đến việc áp dụng rộng rãi [120]. Bằng chứng chỉ ra rằng các công nghệ như cảm biến và học sâu có tiềm năng cải thiện phân tích hành vi và sức khỏe, song các rào cản về chi phí và quyền riêng tư dữ liệu làm giảm động lực áp dụng ở một số khu vực [5, 3]. Quan điểm của các bên liên quan thường lạc quan về lợi ích dữ liệu, nhưng nhấn mạnh nhu cầu quản trị dữ liệu mạnh mẽ để giải quyết

lo ngại về an ninh và sở hữu [4, 5].

Các nghiên cứu gần đây đã nhấn mạnh vai trò ngày càng quan trọng của các công nghệ IoT, trí tuệ nhân tạo (AI) và phân tích dữ liệu lớn trong hệ thống chăn nuôi chính xác PLF đối với lợn. Cụ thể, các cảm biến IoT được triển khai để giám sát liên tục các yếu tố môi trường và điều kiện chuồng trại, trong khi các thuật toán học sâu được ứng dụng để phân tích hành vi, phát hiện sớm các dấu hiệu bất thường và hỗ trợ quản lý đàn hiệu quả hơn [133, 15]. Những hệ thống này hỗ trợ xử lý dữ liệu thời gian thực, giảm can thiệp thủ công và tối ưu hóa quản lý. Chi phí triển khai cao và vấn đề kết nối internet là thách thức chính, trong khi cơ hội nằm ở hợp nhất dữ liệu đa phương thức và điện toán biên cho ứng dụng từ xa [15].

Trong bối cảnh chuyển đổi số hóa trong nông nghiệp, chăn nuôi chính xác PLF cho lợn đã trở thành một lĩnh vực nghiên cứu quan trọng, tập trung vào việc tích hợp các công nghệ thông tin để nâng cao hiệu quả quản lý và bền vững. Trong nghiên cứu của Hasan và cộng sự cung cấp một đánh giá toàn diện về sự chuyển đổi sang hoạt động quy mô lớn chính xác trong ngành chăn nuôi lợn Trung Quốc, nhấn mạnh vai trò của IoT và AI trong quản lý dữ liệu thời gian thực [55]. Nghiên cứu chỉ ra rằng các cảm biến môi trường và máy ảnh, kết hợp với mô hình học sâu như mạng nơ-ron tích chập, đạt độ chính xác cao lên đến 98% trong phát hiện bệnh và kiểm soát môi trường, dự báo nhu cầu 70,12 triệu cảm biến vào năm 2035. Về mặt hệ thống thông tin, tích hợp dữ liệu với mô hình kỹ thuật số cho phép mô phỏng ảo, nâng cao dự đoán mà không cần thử nghiệm vật lý, nhưng thách thức lớn là xử lý khối lượng dữ liệu lớn và đảm bảo quyền riêng tư dữ liệu trong bối cảnh chi phí cao và thiếu kỹ năng chuyên môn.

Akinyemi và cộng sự đã sử dụng một phương pháp để phân tích quan điểm của các bên liên quan ngành lợn tại Hoa Kỳ, các nghiên cứu về công nghệ chăn nuôi chính xác PLF đã xác định ba nhóm nhận thức chính: (i) PLF góp phần cải thiện hiệu quả quản lý và nâng cao phúc lợi vật nuôi; (ii) PLF chưa giải quyết được các vấn đề cốt lõi của ngành chăn nuôi; và (iii) việc triển khai PLF còn tồn tại những hạn chế, đặc biệt là nguy cơ phát sinh xung đột liên quan đến quyền sở hữu và sử dụng dữ liệu [4]. Các công nghệ như công cụ thu thập dữ liệu liên tục và học máy được nhấn mạnh, nhưng lo ngại về tích hợp dữ liệu với hệ thống hiện có, quyền riêng tư và đào tạo người dùng nổi bật, cho thấy nhu cầu các giao thức dữ liệu tiêu chuẩn để tăng khả năng sử dụng.

Trabachini và cộng sự đã tiến hành một đánh giá tổng quan hệ thống đối với 75 công trình công bố trong giai đoạn 2019–2024, qua đó phân loại các công nghệ chăn nuôi chính xác (PLF) thành nhiều nhóm chức năng, nổi bật là nhận dạng cá thể vật

nuôi (37%) và giám sát phúc lợi động vật (28%). Các nghiên cứu này chủ yếu tập trung vào việc ứng dụng cảm biến IoT, công nghệ RFID và các mô hình mạng nơ-ron trong phân tích hình ảnh và tín hiệu giọng nói [120]. Kết quả phân tích SWOT cho thấy điểm mạnh cốt lõi của PLF nằm ở khả năng tự động hóa và thu thập dữ liệu thời gian thực; tuy nhiên, những hạn chế đáng kể vẫn tồn tại, đặc biệt là sự thiếu hụt các tiêu chuẩn chung và quy trình xác thực, khi chỉ có ba nghiên cứu đề cập trực tiếp đến hệ thống thông tin. Bên cạnh đó, các cơ hội nghiên cứu được xác định bao gồm việc tích hợp sâu hơn các kỹ thuật AI nhằm phát hiện bất thường, trong khi thách thức lớn nhất là chuyển hóa khối lượng dữ liệu lớn thành các tri thức có thể hỗ trợ ra quyết định, từ đó đặt ra nhu cầu cấp thiết về nghiên cứu chuyên sâu trong lĩnh vực quản trị dữ liệu.

Zhu và cộng sự đã đề xuất ứng dụng AI trong nhân giống di truyền và đo lường kiểu hình đa chiều, nhấn mạnh hợp nhất dữ liệu đa phương thức từ cảm biến (âm thanh, mùi) và học sâu để dự đoán di truyền [133]. Các mô hình học máy vượt trội hơn mô hình tuyến tính trong xử lý dữ liệu phức tạp, tạo vòng lặp phản hồi giữa dữ liệu kiểu hình thông lượng cao và chọn lọc di truyền, nâng cao hệ thống thông tin PLF qua khai thác dữ liệu dựa trên AI. Akinyemi và cộng sự đã khảo sát quan điểm bên liên quan ngoài trang trại, ưu tiên dữ liệu thời gian thực về sức khỏe và phúc lợi, nhưng lo ngại về an ninh dữ liệu và sở hữu [5]. Các cảm biến như micro, gia tốc kế và máy ảnh hồng ngoại, kết hợp học máy, hỗ trợ phân tích hành vi và chỉ số phúc lợi, nhấn mạnh nhu cầu giao thức dữ liệu tương tác và công cụ trực quan hóa để tạo các tri thức hỗ trợ ra quyết định hành động.

Trong nghiên cứu của Bernabucci và cộng sự cung cấp tổng quan về PLF trong hệ thống mở rộng, áp dụng cho lợn qua cảm biến đeo, GPS và điện toán biên với LPWAN như LoRaWAN cho trao đổi dữ liệu từ xa [15]. Phân tích dữ liệu với học sâu và blockchain đảm bảo khả năng truy xuất nguồn gốc, nhưng thách thức là độ trễ trong xử lý dữ liệu lớn và thiếu kết nối ở khu vực nông thôn. Tổng hợp các nghiên cứu cho thấy PLF đang dần khẳng định vị thế như một lĩnh vực hệ thống thông tin chuyên biệt, nơi AI và IoT được tích hợp làm nền tảng cho quản trị dữ liệu quy mô lớn và có khả năng mở rộng, phân tích so sánh chi tiết được trình bày trong Bảng 1.4.

Bảng 1.4: Các nghiên cứu về hệ thống chăn nuôi lợn thông minh và chăn nuôi chính xác theo hướng dữ liệu.

Tác giả, năm	Nơi công bố	Cách tiếp cận	Công nghệ chính	Trọng tâm
Hasan et al., 2024 [55]	Journal of Advanced Veterinary and Animal Research	Chuyển đổi vận hành chăn nuôi quy mô lớn theo hướng chăn nuôi chính xác, nhấn mạnh kiến trúc tích hợp dữ liệu	Cảm biến; RFID; học sâu; ZigBee	Tích hợp dữ liệu với bản sao số (digital twins), phân tích dự đoán; thách thức: quyền riêng tư và quản trị dữ liệu khối lượng lớn
Akinyemi et al., 2025 [5]	Frontiers in Animal Science	Mở rộng PLF vượt khỏi phạm vi trang trại, nhấn mạnh hạ tầng dữ liệu và liên thông giữa các tác nhân trong chuỗi	Cảm biến vi mô; gia tốc kế; học máy	Giao thức dữ liệu tương tác và quản trị dữ liệu; thách thức: an ninh và kiểm soát truy cập dữ liệu
Trabachini et al., 2025 [120]	Animals	Tổng quan có hệ thống về ứng dụng PLF tại trại lợn, nhấn mạnh luồng dữ liệu và kiến trúc triển khai	IoT; RFID; AI; phân tích hình ảnh	Trao đổi dữ liệu fog-to-cloud, phát hiện bất thường; thách thức: tiêu chuẩn hoá và xác thực dữ liệu

Tác giả, năm	Nơi công bố	Cách tiếp cận	Công nghệ chính	Trọng tâm
Zhu et al., 2025 [133]	Smart Agricultural Technology	Khung tăng cường PLF dựa trên AI cho giống/chọn lọc gen và đo lường kiểu hình đa chiều	Cảm biến đa phương thức; học sâu	Khai thác dữ liệu AI và hợp nhất đa phương thức; thách thức: xử lý dữ liệu phức tạp và không đồng nhất
Bernabucci et al., 2025 [15]	Italian Journal of Animal Science	Tổng quan PLF nhấn mạnh kiến trúc biên–đám mây và cơ chế tin cậy dữ liệu trong môi trường phân tán	Cảm biến đeo; GPS; điện toán biên	Phân tích dữ liệu AI, tích hợp blockchain; thách thức: trao đổi dữ liệu từ xa và độ trễ

Khác với các nghiên cứu về chăn nuôi chính xác [55, 5, 120] chủ yếu tối ưu hóa dinh dưỡng hoặc theo dõi chỉ số sinh học riêng lẻ mà chưa liên kết với mô hình dịch bệnh, trong luận án này nghiên cứu sinh tích hợp hệ thống cho ăn chính xác (PFS) với mô hình dịch tễ SEIR trong một khung ABM thống nhất, cho phép mô phỏng đồng thời hành vi và lan truyền dịch bệnh ở cấp cá thể.

1.3.3 Mô hình dựa trên ABM trong mô phỏng hành vi và Hệ thống liên quan đến Lợi

Trong lĩnh vực hệ thống thông tin, mô hình dựa trên tác nhân ABM là một cách tiếp cận mô phỏng theo hướng từ dưới lên, cho phép biểu diễn các tương tác động giữa các tác nhân trong hệ thống phức tạp. Thông qua việc đặc tả quy tắc hành vi cục bộ, ABM hỗ trợ phân tích sự hình thành các hiện tượng phát sinh hành vi mới và phục vụ đánh giá kịch bản, từ đó hỗ trợ ra quyết định dựa trên dữ liệu. ABM đặc biệt phù hợp khi cần mô tả tính dị thể của tác nhân, yếu tố ngẫu nhiên và các cơ chế tương tác tại mức vi mô, trong nhiều nghiên cứu, ABM được tích hợp với GIS (Geographic Information Systems), IoT và các nền tảng mô phỏng (ví dụ: NetLogo, GAMA) nhằm tăng khả năng liên kết dữ liệu theo không gian–thời gian và mở rộng

phân tích trong bối cảnh vận hành động. Trong giai đoạn 2017–2026, các nghiên cứu ứng dụng ABM cho mô phỏng hành vi vật nuôi và hệ thống trang trại cho thấy tiềm năng của phương pháp này trong tối ưu hóa quản lý, dự báo rủi ro và tích hợp dữ liệu đa nguồn; đồng thời gợi ý hướng tiếp cận phù hợp để nghiên cứu các hệ thống thích ứng phức tạp trong hệ thống [7].

Các nghiên cứu được tổng hợp cho thấy một xu hướng phát triển rõ rệt từ mô phỏng hành vi ở cấp độ cá thể sang mô phỏng hành vi ở cấp độ nhóm, như được đề xuất trong các công trình của Oumans và cộng sự [22, 21], tiếp tục mở rộng sang việc giải quyết các bài toán quản lý môi trường và xã hội trong các nghiên cứu của Ambrosius và cộng sự [7], và gần đây là Rahimifar và cộng sự [104] đề xuất ABM như một công cụ mô phỏng có tính ngẫu nhiên để mô tả các quá trình tăng trưởng và trao đổi chất, từ đó hỗ trợ tối ưu hóa ra quyết định trong các hệ thống sản xuất động. Tương tự Ambrosius và cộng sự [7] sử dụng ABM để phân tích sự lan tỏa thực hành xã hội, tích hợp mạng lưới xã hội-địa lý dựa trên lý thuyết nhận diện xã hội, qua đó hỗ trợ thiết kế hệ thống dự báo phục vụ chính sách. Trong khi đó, Boumans và cộng sự [22] và Boumans [21] tập trung vào động lực hành vi nhóm, sử dụng ABM để phân tích biến thiên và các đánh đổi giữa phúc lợi và năng suất, qua đó cung cấp cơ sở cho các hệ thống giám sát, dự báo dựa trên mô phỏng.

Tổng hợp các kết quả từ các nghiên cứu như trong Bảng 1.5 cho thấy ABM là một hướng tiếp cận phù hợp trong hệ thống khi cần mô hình hóa các hệ thống động có tương tác đa tác nhân và phát sinh các mẫu hành vi mới. Khác với các mô hình ABM trước đây [104, 7] thường chỉ mô tả hành vi đơn giản hoặc trạng thái sức khỏe ở mức quần thể, trong nghiên cứu này nghiên cứu sinh đề xuất mô hình máy trạng thái hai lớp (hành vi và bệnh lý) kết hợp PFS và SEIR, cho phép mô phỏng chi tiết tương tác giữa hành vi cá thể và quá trình lây lan dịch bệnh.

Bảng 1.5: Tổng hợp các nghiên cứu liên quan đến mô phỏng tác tử ABM trong chăn nuôi và giám sát.

Tác giả, năm	Nơi công bố	Cách tiếp cận	Công nghệ chính	Trọng tâm IT
Rahimifar et al., 2025 [104]	Journal of Animal Science	Mô phỏng hệ thống chăn nuôi bằng ABM để phân tích kịch bản và tối ưu hoá quản trị chính xác (precision management)	ABM trên Net-Logo; tiến trình ngẫu nhiên cho hành vi tác tử (chuyển hoá, tăng trưởng); tích hợp phân bố thống kê	Tối ưu hoá quyết định qua phân tích kịch bản; tích hợp dữ liệu đa chiều cho hệ thống dự báo động
Ambrosius et al., 2022 [7]	Agricultural Systems	ABM mô phỏng khuếch tán (diffusion) hành vi/công nghệ trong mạng xã hội-địa lý của nông dân	ABM với mạng xã hội-địa lý; social identity approach cho tương tác tác tử	Mô phỏng lan truyền trong mạng xã hội; thiết kế công cụ dự báo chính sách và phân tích thay đổi thái độ
Nguyen et al., 2021 [93]	Environmental Science and Pollution Research	ABM tích hợp không gian để mô phỏng phân bố theo kịch bản và đánh giá tác động môi trường/hành vi	ABM + GIS; Theory of Planned Behavior; mô phỏng phân bố không gian theo kịch bản	Tích hợp dữ liệu địa lý cho phân tích độ nhạy và dự báo môi trường; hỗ trợ hệ thống thông tin phân tán

Tác giả, năm	Nơi công bố	Cách tiếp cận	Công nghệ chính	Trọng tâm IT
Boumans et al., 2018 [22]	Physiology & Behavior	ABM mô hình hoá động lực nhóm và biến thiên hành vi để phân tích đánh đổi giữa năng suất và phúc lợi	ABM cho group dynamics và variability (ăn, tương tác xã hội)	Mô hình hoá trade-offs giữa productivity và welfare; nền tảng cho hệ thống giám sát dựa trên mô phỏng
Boumans, 2017 [21]	Thesis, Wageningen University	ABM mô phỏng động cơ và khuôn mẫu hành vi (ví dụ: cắn đuôi, ăn) để xác định chỉ báo và hỗ trợ quyết định bền vững	ABM cho motivations và behavioural patterns; mô hình cơ chế (mechanistic simulation)	Xác định chỉ báo cho các đánh đổi trong hệ thống phức tạp; hỗ trợ decision-making bền vững dựa trên mô phỏng

1.3.4 Mô hình mô phỏng lây lan dịch tả lợn Châu Phi trên đàn lợn

Việc mô hình hóa và mô phỏng lây lan dịch tả lợn Châu Phi (ASF) là một ứng dụng quan trọng của kỹ thuật xử lý dữ liệu lớn, mô hình hóa động học và phân tích mạng lưới, nhằm hỗ trợ ra quyết định dựa trên bằng chứng. Các nghiên cứu gần đây tập trung phát triển các mô hình ngẫu nhiên và cơ học, kết hợp dữ liệu mạng lưới động, ước lượng tham số Bayes và phân tích độ nhạy để nâng cao độ chính xác dự báo và giảm thiểu sai lệch do giả định đơn giản hóa.

Các mô hình dựa trên NAADSM và mạng lưới ngẫu nhiên đã được nhiều tác giả áp dụng. Lee et al. [72] xây dựng mô hình mô phỏng ngẫu nhiên sử dụng phân phối BetaPERT và Poisson để mô tả xác suất lây truyền và tần suất tiếp xúc, nhấn mạnh vai trò của lặp lại ngẫu nhiên trong đánh giá kịch bản can thiệp (giảm tiếp xúc gián tiếp 50–75%). Trong nghiên cứu tiếp theo, cùng tác giả sử dụng mô hình mạng lưới ngẫu nhiên STERGMs trong gói EpiModel của R với mật độ cạnh 0.75 và tỷ lệ tan rã, chứng minh rằng việc ổn định quan hệ mạng có thể giảm đáng kể số lượng nhiễm

mới [73]. Andraud et al. [9] kết hợp dữ liệu di chuyển thời gian thực từ cơ sở dữ liệu quốc gia với kernel Gaussian và mô hình SEIR ngẫu nhiên, đánh giá thời gian phát hiện dịch trong khoảng 8–21 ngày qua 1.000 lần mô phỏng. Ssematimba et al. [113] so sánh mô hình đồng nhất (homogeneous mixing với thuật toán Gillespie) và mô hình dị nhất (heterogeneous) qua 10.000 lần mô phỏng, chỉ ra rằng mô hình dị nhất dự báo tốc độ lan truyền chậm hơn khi tiếp xúc cục bộ chiếm ưu thế. Kim et al. [64] phát triển mô hình cơ học ngẫu nhiên không gian rõ ràng, sử dụng tính toán Bayes gần đúng để ước lượng tham số từ dữ liệu thực tế năm 2018 và đánh giá hiệu quả các kịch bản kiểm soát.

Tổng thể, các nghiên cứu trên thể hiện sự tiến bộ rõ rệt từ mô hình đơn giản sang phức tạp hơn, với trọng tâm ngày càng nhấn mạnh tính ngẫu nhiên, mạng lưới động và ước lượng tham số Bayes. Tuy nhiên, hầu hết các mô hình vẫn chủ yếu dừng ở mức quần thể hoặc mạng lưới ngẫu nhiên, thiếu sự kết hợp chặt chẽ giữa NAADSM và STERGMs với mô hình đa tác tử cùng mô hình dịch tễ chi tiết ở cấp cá thể. Luận án khắc phục hạn chế này bằng cách xây dựng mô hình kết hợp NAADSM và STERGMs với mô hình mô phỏng đa tác tử và cơ chế điều phối toàn hệ thống, cho phép đánh giá tối ưu các chiến lược kiểm soát ở quy mô liên trang trại. Các đặc điểm so sánh được tóm tắt chi tiết trong Bảng 1.6.

Bảng 1.6: Các nghiên cứu liên quan tới mô hình mô phỏng lây lan dịch bệnh.

Tác giả, năm	Loại mô hình	Phương pháp chính	Đóng góp chính (nội bộ đàn/giữa các trang trại)
Lee và cộng sự (2020)[71]	Ngẫu nhiên (stochastic)	NAADSM với BetaPERT/Poisson; 500 lần lặp; phân tích nhạy cảm	Đánh giá can thiệp giảm tiếp xúc gián tiếp 50–75% để kiểm soát lan rộng trong đàn và giữa các đơn vị/trang trại
Lee và cộng sự (2021)[73]	Mạng lưới ngẫu nhiên	STERGMs/EpiModel; mật độ cạnh 0.75; 200 lần lặp	Ước lượng giảm lan rộng 81–100% nhờ can thiệp ổn định mạng tiếp xúc nội bộ và quan hệ giữa các đơn vị

Tác giả, năm	Loại mô hình	Phương pháp chính	Đóng góp chính (nội bộ đàn/giữa các trang trại)
Andraud và cộng sự (2022) [9]	Metapopulation ngẫu nhiên	Kernel GaussianSEIR; dữ liệu di chuyển thời gian thực; 1,000 mô phỏng	Mô tả thời gian phát hiện 8–21 ngày theo ngưỡng; nhấn mạnh lây lan cục bộ trong đàn và lan truyền qua di chuyển giữa đơn vị
Ssematimba và cộng sự (2022) [113]	Đồng nhất vs. dị nhất	Thuật toán Gillespie; 10,000 mô phỏng; lực nhiễm SEIRD	Chỉ ra mô hình dị nhất dự báo tốt hơn khi tiếp xúc cục bộ chi phối trong đàn, giúp giảm sai lệch khi suy rộng giữa đơn vị/trang trại
Kim và cộng sự (2023) [64]	Cơ học ngẫu nhiên không gian rõ ràng (spatially explicit stochastic)	ước lượng; SIR sửa đổi	Phân tích tỷ lệ lây lan; gợi ý giảm quy mô dịch nhờ can thiệp cả trong đàn và giữa các đơn vị

1.3.5 Các kiến trúc, mô hình mô phỏng phân tán trên đám mây

Mô phỏng dựa trên mô hình đa tác tử (ABM) ngày càng trở thành xu hướng quan trọng nhằm hỗ trợ tự động hóa và phân tích hệ thống phức hợp. Tuy nhiên, các mô hình ABM thường đòi hỏi tài nguyên tính toán lớn do độ phức tạp và quy mô ngày càng tăng, dẫn đến nhu cầu triển khai phân tán trên nền tảng điện toán đám mây nhằm nâng cao hiệu năng và hỗ trợ ra quyết định dựa trên dữ liệu thời gian thực. Hiện nay vẫn còn thiếu các giải pháp cụ thể, tối ưu và chi tiết cho việc triển khai ABM phân tán trên đám mây.

Các nghiên cứu gần đây đã có những đóng góp quan trọng nhưng vẫn tồn tại một số hạn chế về hiệu năng cao và khả năng chạy đa mô phỏng song song. Dong và cộng sự [33] đề xuất kiến trúc ABM trên cloud tập trung vào quản lý tài nguyên động, chứng minh tính khả thi phân tán song phạm vi hẹp và chưa tối ưu cho đa mô phỏng. Antelmi và cộng sự [10] đã phát triển nền tảng ABM mã nguồn mở tích

hợp đo lường hiệu năng trên AWS EC2, nhấn mạnh khía cạnh độ tin cậy, tuy nhiên chưa hỗ trợ tốt việc thực thi đồng thời trên nhiều máy ảo độc lập. Habtemariam và cộng sự [52] đã giới thiệu WSim4ABM như một dịch vụ web với kiến trúc lớp trung gian hỗ trợ đa người dùng và phân tán tải, song ưu tiên khả năng tiếp cận hơn là hiệu năng cao và xử lý theo lô. Risco-Martín và cộng sự [108] đề xuất kiến trúc thống nhất cho mô phỏng sự kiện rời rạc trên đám mây, có thể mở rộng cho ABM nhưng chưa được thiết kế chuyên sâu. Merchant và cộng sự [81] thì tập trung vào mô phỏng ABM mật độ cao trên hệ thống tính toán hiệu năng cao với cơ chế đồng bộ hiệu quả, dễ dàng chuyển sang môi trường đám mây, song mang tính đặc thù và chưa tối ưu cho việc thực thi nhiều kịch bản song song.

Nhìn chung, các công trình trên đã đặt nền tảng quan trọng cho mô phỏng ABM phân tán, nhưng vẫn thiếu các giải pháp đồng thời đáp ứng hiệu năng cao và khả năng chạy đa mô phỏng song song quy mô lớn. Khác với các kiến trúc trước đây thường giới hạn ở môi trường đơn lẻ hoặc triển khai cloud cơ bản, luận án thiết kế và đánh giá hệ thống mô phỏng phân tán dựa trên GAMA-Headless trên nền tảng đám mây công cộng và riêng tư, cho phép mở rộng động theo quy mô trang trại và thực thi song song nhiều kịch bản mô phỏng lớn. Các đặc điểm so sánh được tóm tắt chi tiết trong Bảng 1.7.

Bảng 1.7: So sánh các nghiên cứu liên quan mô phỏng tác tử (ABM) trên cloud.

Tác giả, năm	Nơi công bố	Đóng góp chính	Hạn chế	So sánh với hướng nghiên cứu
Dong et al., 2023	TechRxiv / Journal of Cloud Computing	Đề xuất kiến trúc ABM trên cloud cho quản lý tài nguyên; mô phỏng dịch vụ, phòng máy chủ, di chuyển dịch vụ và chiến lược phân bổ	Phạm vi hẹp (quản lý tài nguyên); thiếu benchmark quy mô lớn và multi-simulations; mức độ phản biện học thuật còn hạn chế	Gần với hướng phân tán cloud nhưng chưa nhắm hiệu năng cao và chạy nhiều kịch bản; có thể mở rộng bằng tối ưu hoá và batch running
Antelmi et al., 2024	JASSS	Framework ABM phân tán có benchmark trên AWS EC2; nhấn mạnh hiệu năng, tin cậy, chạy song song và fault tolerance	Chưa hỗ trợ tốt multi-simulations đồng thời; overhead cloud đáng kể; chưa tích hợp mô hình web service	Phù hợp mục tiêu hiệu năng nhưng còn thiếu multi-simulations; có thể bổ sung batch processing và orchestration để vượt trội

Tác giả, năm	Nơi công bố	Đóng góp chính	Hạn chế	So sánh với hướng nghiên cứu
Habtemariam et al., 2025	SoftwareX	Dịch vụ web ABM triển khai trên HPC/cloud với middleware cho đa người dùng, phân phối workload và giao diện quản trị	Ưu tiên khả dụng hơn hiệu năng tối đa; thiếu batch simulations; phụ thuộc mạnh vào HPC stack	Có ý tưởng middleware/đa người dùng, nhưng kém về hiệu năng và multi-simulations; có thể tích hợp theo hướng tối ưu hoá và mở rộng quy mô
Risco-Martín et al., 2023	arXiv	Kiến trúc thống nhất cho mô phỏng sự kiện rời rạc (DES) song song/phân tán trên cloud; có thể áp dụng cho ABM qua đồng bộ và phân phối tải	Không chuyên ABM (DES-focused), cần chuyển hoá; thiếu multi-runs và benchmark đặc thù ABM	Là nền tảng phân tán tổng quát; có thể chuyên biệt hoá cho ABM với tối ưu hiệu năng và multi-simulations
Merchant et al., 2023	Frontiers	Mô phỏng ABM “dense” quy mô lớn (hàng triệu tác tử) với message passing và cơ chế đồng bộ trên HPC	Thiên về miền sinh học và HPC; chưa cloud-native; chưa tối ưu multi-simulations	Mạnh về quy mô và đồng bộ, hợp mục tiêu hiệu năng; có thể chuyển dịch sang cloud và bổ sung batch/multi-simulations

1.3.6 Các công nghệ Digital Twin trong chăn nuôi lợn

Các công nghệ bản sao kỹ thuật số (Digital Twin - DT) trong chăn nuôi lợn đã mang lại những ứng dụng đáng kể trong việc tối ưu hóa quản lý nông trại, nhưng vẫn tồn tại nhiều hạn chế, đặc biệt trong việc mô phỏng hành vi cá thể và lan truyền dịch bệnh, dẫn đến nhu cầu phát triển các mô hình tiên tiến hơn như mô phỏng dựa trên ABM. TRIPLET-P (Smart Safe Livestock Barn) là công cụ kết hợp AI và DT để phân tích hành vi lợn và nâng cao an toàn chuồng trại, hỗ trợ giám sát thời gian thực và cải thiện phúc lợi động vật [37, 63], tuy nhiên, nó chủ yếu tập trung vào môi trường chuồng trại mà thiếu khả năng dự đoán lan truyền bệnh dịch ở cấp độ cá thể.

Tương tự, trong khi đó công cụ Virtual Pig House áp dụng DT để tạo mô hình ảo của nhà của lợn, cho phép mô phỏng điều kiện môi trường và tối ưu hóa nông

trại kỹ thuật số [62], nhưng hạn chế ở việc không tích hợp hành vi động vật phức tạp hoặc mô hình dịch bệnh động, dẫn đến thiếu độ chính xác trong các tình huống thực tế biến động. Công cụ UutriOpt Swine Model là một mô hình dinh dưỡng cho lợn, khi kết hợp DT có thể dự đoán tăng trưởng dựa trên dữ liệu dinh dưỡng [123], song nó bị giới hạn bởi sự phụ thuộc vào dữ liệu tĩnh và không xử lý tốt các yếu tố bất ngờ như dịch bệnh lan truyền. IUMENTA là giải pháp cung cấp khung phần mềm chung để xây dựng DT động vật, tích hợp dữ liệu từ cá thể vào hệ thống quản lý nông trại, hỗ trợ mô phỏng hành vi và sức khỏe [90, 90], nhưng vẫn thiếu tính mô phỏng chi tiết về tương tác xã hội và dịch bệnh, đòi hỏi các công cụ mở rộng. Pig growth & behaviour DT phát triển tại KU Leuven tập trung vào mô hình tăng trưởng và hành vi cá nhân lợn, sử dụng cách tiếp cận lai để dự đoán trạng thái nội tại [68, 58], tuy nhiên, nó chưa bao quát lan truyền bệnh giữa các cá thể.

Cuối cùng phải nhắc tới Pig Farm Livestock Management Simulation sử dụng DT để mô phỏng quản lý nông trại toàn diện, tối ưu hóa sản xuất và phúc lợi [44, 62], nhưng hạn chế ở mức độ tổng quát, không hỗ trợ mô phỏng động học dịch bệnh phức tạp. Những hạn chế này từ những khảo sát nhấn mạnh khoảng trống nghiên cứu trong việc mô phỏng lợn bằng ABM, nơi các agent đại diện cho cá thể lợn có thể tương tác để mô phỏng lan truyền dịch, cung cấp cái nhìn sâu sắc hơn về động lực dịch bệnh và hỗ trợ quyết định chiến lược trong chăn nuôi heo. Bảng 1.8 là dữ liệu so sánh từ các công nghệ trên. Khác với các giải pháp Digital Twin hiện tại [37, 63, 62] chủ yếu tập trung vào việc tái tạo trạng thái chuồng trại hoặc theo dõi thời gian thực ở cấp đơn lẻ, nghiên cứu này sẽ phát triển khung mô phỏng dựa trên ABM đa cấp (nội bộ đàn, liên trang trại) để hỗ trợ dự báo và kiểm soát dịch bệnh.

Bảng 1.8: So sánh các công nghệ/giải pháp chuồng trại số.

Công nghệ	Ứng dụng chính	Hạn chế	Tích hợp mô hình dịch bệnh	Liên hệ với ABM/SEIR
TRIPLET-P (Smart Safe Livestock Barn)	Giám sát thời gian thực hành vi lợn, nâng cao an toàn và phúc lợi chuồng trại bằng AI và bản sao số (DT)	Tập trung vào môi trường chuồng; thiếu mô phỏng cá thể chi tiết và tương tác đàn	Thấp (không dự báo lan truyền bệnh ở mức cá thể)	Khoảng trống: ABM để mô phỏng tương tác cá thể; kết hợp SEIR để mô tả động lực lây nhiễm và đánh giá kịch bản can thiệp

Công nghệ	Ứng dụng chính	Hạn chế	Tích hợp mô hình dịch bệnh	Liên hệ với ABM/SEIR
Virtual Pig House	Mô phỏng ảo điều kiện môi trường nhà heo, tối ưu hoá “nông trại số”	Không tích hợp hành vi động vật phức tạp hoặc động học theo thời gian	Thấp (thiếu xử lý biến động dịch bệnh)	Khoảng trống: ABM bổ sung mô phỏng cá thể và tiếp xúc; SEIR hỗ trợ mô phỏng lây lan vượt qua hạn chế tĩnh
UutriOpt Swine Model	Dự đoán tăng trưởng dựa trên dữ liệu dinh dưỡng; có thể gắn với DT cho quản lý	Phụ thuộc dữ liệu tĩnh; khó xử lý cú sốc như bùng phát dịch	Trung bình (dự báo sức khoẻ cơ bản nhưng không mô phỏng lan truyền)	Khoảng trống: ABM/SEIR mở rộng để mô phỏng tác động dinh dưỡng lên nguy cơ nhiễm và lan truyền (kịch bản NADDN)
IUMENTA	Xây dựng DT cá thể, tích hợp dữ liệu cá thể vào hệ thống quản lý nông trại	Thiếu mô phỏng tương tác xã hội và dịch bệnh chi tiết	Thấp (không hỗ trợ động học phức tạp)	Khoảng trống: ABM/SEIR tích hợp hành vi–tiếp xúc của tác tử để cải thiện dự báo và đánh giá chính sách can thiệp
Pig Growth & Behaviour DT	Mô phỏng tăng trưởng và hành vi cá nhân theo cách tiếp cận lai	Chưa bao quát lan truyền bệnh giữa các cá thể	Thấp (tập trung trạng thái nội tại, không lan truyền)	Khoảng trống: ABM tổng quát hoá lên mức quần thể và kết hợp SEIR để mô tả lây lan theo mạng tiếp xúc
Pig Farm Livestock Management Simulation	Mô phỏng quản lý nông trại tổng quát để tối ưu hoá sản xuất và phức lợi	Mức độ tổng quát cao; thiếu chi tiết động học dịch bệnh	Thấp (không hỗ trợ mô phỏng lây lan phức tạp)	Khoảng trống: ABM/SEIR cung cấp mô phỏng chi tiết hơn về lây lan, hỗ trợ quyết định chiến lược và phân tích kịch bản

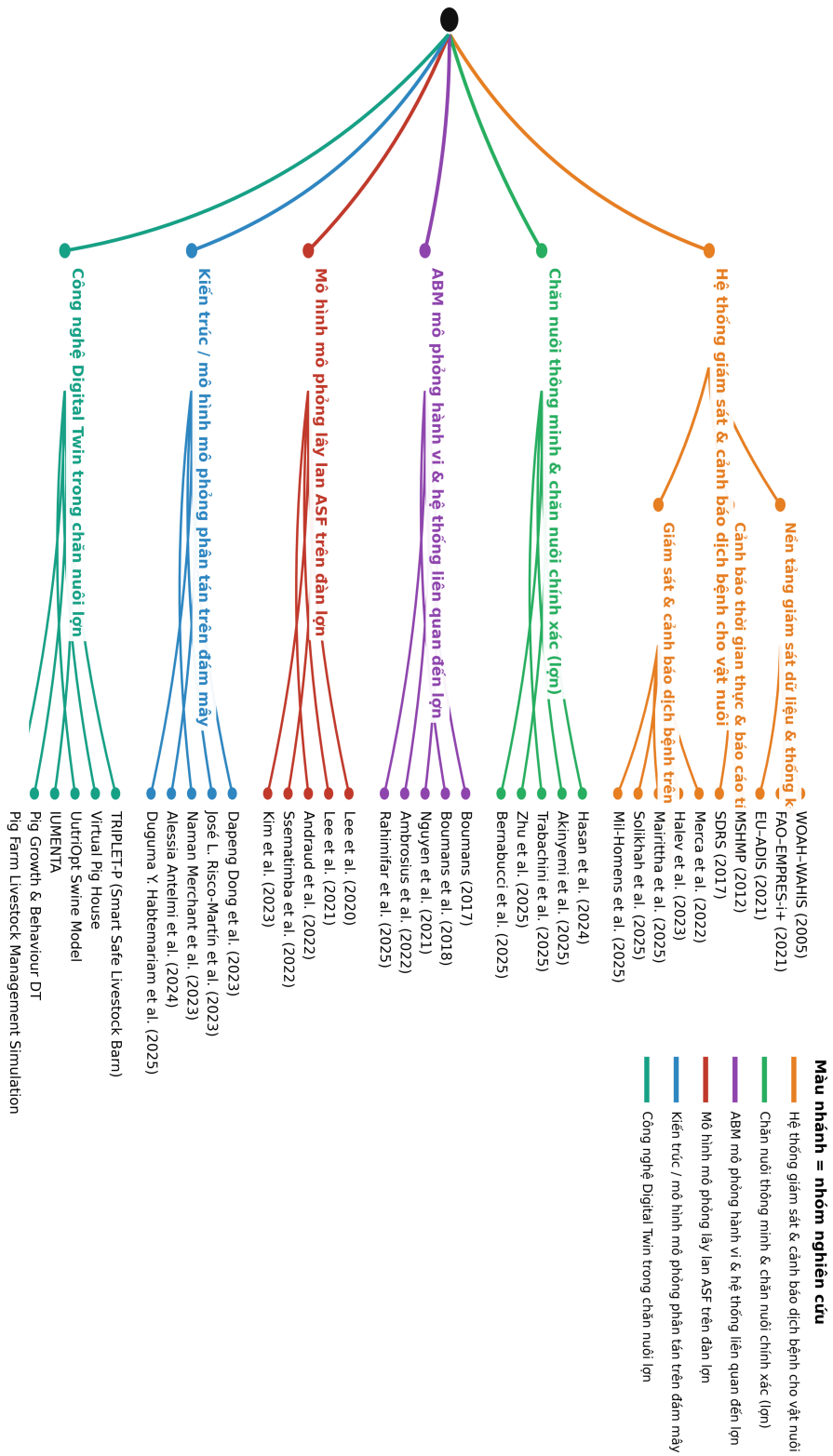
Toàn bộ nội dung của phần này cung cấp bức tranh tổng thể về các phương pháp

mô phỏng đã được áp dụng trong chăn nuôi chính xác (PLF) và mô hình hóa lây lan dịch bệnh. Dựa trên các khảo sát và tìm hiểu về hệ thống gần đây, luận án phân loại và phân tích các tiếp cận chính, đánh giá ưu nhược điểm, xu hướng phát triển, và ứng dụng trong bối cảnh dịch bệnh như ASF. Các phương pháp được nhóm theo ba loại chính: (1) Mô hình phân khoang (compartment models) là một loại mô hình toán học được sử dụng rộng rãi trong dịch tễ học và mô phỏng sinh học để mô tả động lực lan truyền của dịch bệnh trong quần thể, (2) Mô hình dựa trên tác tử (agent-based models - ABM) và (3) Mô hình mạng lưới và phân tán (network-based và cloud-based models).

1.4 Khoảng trống nghiên cứu

Từ những đánh giá, phân tích tổng quan về các mô hình mô phỏng, hệ thống chăn nuôi chính xác và giám sát sức khỏe đàn lợn, cũng như các phương pháp, kỹ thuật, kiến trúc đã được các nhóm nghiên cứu triển khai ở phần trên, cho chúng ta thấy một bức tranh toàn cảnh như Hình 1.1 từ đó nhận thấy một số khoảng trống nghiên cứu của các hệ thống chăn nuôi chính xác và giám sát sức khỏe lợn như sau:

1. Khoảng trống 1: Theo hướng tiếp cận mô hình mô phỏng dựa trên đa tác tử, các nghiên cứu hiện nay chủ yếu tập trung vào việc giám sát và mô phỏng trạng thái sức khỏe của lợn ở cấp độ quần thể hoặc thông qua các chỉ số trung bình. Tuy nhiên, các mô hình này thường được phát triển một cách tương đối độc lập, thiếu sự tích hợp chặt chẽ với cơ chế lan truyền dịch bệnh, đồng thời chưa được xem xét như một thành phần xử lý thông tin trong một hệ thống thông tin tổng thể. Cụ thể, phần lớn các nghiên cứu hiện tại [23, 102] chủ yếu sử dụng các mô hình như NAADSM hoặc mô hình SEIR ở cấp độ quần thể, mà chưa tích hợp hành vi cho ăn chính xác với mô hình dịch tễ thông qua một cấu trúc máy trạng thái hai lớp, kết hợp giữa hành vi và bệnh lý. Bên cạnh đó, các nghiên cứu này thường tập trung vào khía cạnh sinh học hoặc thú y của quá trình lây nhiễm, trong khi việc biểu diễn chi tiết hành vi, trạng thái và tương tác của từng cá thể lợn vẫn chưa được quan tâm đầy đủ. Hạn chế này cho thấy vẫn tồn tại khoảng trống nghiên cứu quan trọng trong việc xây dựng một mô hình mô phỏng ở cấp độ cá thể, tích hợp đồng thời hành vi và dịch tễ, được thiết kế và vận hành như một mô-đun chức năng của hệ thống thông tin giám sát và cảnh báo dịch bệnh.
2. Khoảng trống 2: Ở cấp độ không gian liên trang trại, nhiều nghiên cứu đã tiếp cận bài toán lây lan dịch bệnh thông qua các mô hình mạng hoặc mô hình dịch



Hình 1.1: Sơ đồ phân nhánh chi tiết toàn bộ nghiên cứu liên quan.

tế không gian. Tuy nhiên, trong phần lớn các tiếp cận này, trang trại thường được đơn giản hóa như các nút tĩnh với các tham số cố định, do đó chưa phản ánh đầy đủ sự đa dạng về hành vi quản lý, quy mô chăn nuôi cũng như cơ chế tương tác động giữa các trang trại. Cụ thể, các nghiên cứu hiện tại [66, 102] chủ yếu tập trung vào việc phân tích động lực lây lan dịch bệnh, trong đó các kênh truyền như vận chuyển, tiếp xúc gián tiếp qua môi trường hoặc các tương tác kinh tế - kỹ thuật thường được mô hình hóa ở mức khái quát. Cách tiếp cận này dẫn đến hạn chế trong việc biểu diễn chính xác cơ chế lan truyền giữa các trang trại, cũng như làm giảm khả năng dự báo và kiểm soát dịch bệnh ở quy mô khu vực. Hơn nữa, các mô hình hiện có chưa được tích hợp chặt chẽ với mục tiêu hỗ trợ ra quyết định trong các hệ thống thông tin, đặc biệt là trong việc khai thác dữ liệu phát sinh từ tương tác giữa các trang trại để phục vụ phân tích và điều hành hệ thống. Từ đó, có thể thấy tồn tại một khoảng trống nghiên cứu trong việc phát triển các mô hình mô phỏng lây lan dịch bệnh ở cấp độ liên trang trại, trong đó mỗi trang trại được biểu diễn như một tác tử, có khả năng tương tác, thích nghi và phát sinh dữ liệu phục vụ phân tích hệ thống ở quy mô lớn.

3. Khoảng trống 3: Mặc dù nhiều mô hình mô phỏng lây lan dịch bệnh đã được đề xuất và ứng dụng thực tế, hầu hết các nghiên cứu hiện nay vẫn triển khai trên môi trường tính toán đơn lẻ hoặc các kiến trúc phân tán hạn chế về khả năng mở rộng. Điều này tạo ra rào cản lớn khi thực hiện các kịch bản mô phỏng quy mô lớn (số lượng cá thể hoặc trang trại tăng cao) cũng như khi cần chạy đồng thời nhiều kịch bản song song nhằm phục vụ phân tích và dự báo. Trong khi điện toán đám mây cùng các kiến trúc phân tán đã được chứng minh hiệu quả trong nhiều lĩnh vực hệ thống thông tin, việc thiết kế và đánh giá một kiến trúc mô phỏng ABM phân tán trên nền tảng đám mây, được tối ưu hóa và gắn kết chặt chẽ với đặc thù của bài toán giám sát sức khỏe đàn lợn, vẫn chưa được nghiên cứu một cách hệ thống. Có thể thấy đây chính là khoảng trống là động lực chính để luận án đề xuất và triển khai hệ thống mô phỏng phân tán trên nền tảng đám mây, nhằm đáp ứng yêu cầu về hiệu năng cao và khả năng mở rộng quy mô lớn.

1.5 Hướng tiếp cận của nghiên cứu

Xuất phát từ các khoảng trống nghiên cứu đã phân tích, luận án tiếp cận bài toán giám sát và cảnh báo dịch bệnh trong chăn nuôi lợn dưới góc nhìn thiết kế và

phát triển hệ thống thông tin. Theo đó, trọng tâm nghiên cứu không đặt vào việc mô tả chi tiết các cơ chế sinh học hay thú y, mà tập trung vào việc mô hình hóa, tổ chức và xử lý thông tin phát sinh từ các thực thể và tương tác trong hệ thống chăn nuôi, nhằm phục vụ phân tích, dự báo và hỗ trợ ra quyết định. Trên cơ sở đó, ba hướng tiếp cận chính được phát triển trong luận án bao gồm:

- Hướng tiếp cận 1: Luận án tiếp cận bài toán ở cấp độ vi mô, trong đó mỗi cá thể lợn được biểu diễn như một thực thể số có hành vi và trạng thái sức khỏe biến đổi theo thời gian. Trên cơ sở đó, các mô hình mô phỏng được sử dụng để tái hiện động lực lan truyền dịch bệnh trong nội bộ đàn dưới các kịch bản giả định khác nhau. Cách tiếp cận này cho phép khai thác mô phỏng như một công cụ xử lý thông tin, giúp phân tích ảnh hưởng của hành vi cá thể và tương tác nội bộ đến diễn biến dịch bệnh.
- Hướng tiếp cận 2: Luận án mở rộng phạm vi tiếp cận sang cấp độ hệ thống, xem mỗi trang trại như một thực thể nghiệp vụ (tác tử) trong mạng lưới chăn nuôi. Mô hình mô phỏng lây lan dịch bệnh giữa các trang trại được xây dựng nhằm phản ánh các cơ chế tương tác và dòng lan truyền dịch bệnh ở quy mô lớn hơn. Qua đó, mô phỏng không chỉ phục vụ việc phân tích động lực lây lan, mà còn hỗ trợ đánh giá các kịch bản can thiệp và quản lý dịch bệnh ở cấp độ liên trang trại.
- Hướng tiếp cận 3: Luận án tiếp cận bài toán từ góc độ kiến trúc hệ thống thông tin, coi mô phỏng là một thành phần lõi trong hệ thống giám sát và cảnh báo dịch bệnh. Các mô hình được tích hợp và triển khai theo hướng phân tán trên nền tảng điện toán đám mây, nhằm đáp ứng yêu cầu về hiệu năng, khả năng mở rộng và tính linh hoạt khi quy mô mô phỏng tăng lên. Kiến trúc đề xuất cho phép tổ chức các thành phần xử lý, lưu trữ và phân tích dữ liệu mô phỏng một cách hiệu quả, đồng thời tạo điều kiện cho việc thực hiện nhiều kịch bản mô phỏng song song.

Với các hướng tiếp cận bài toán luận án áp dụng phương pháp đánh giá thực nghiệm để kiểm chứng tính hiệu quả của hướng tiếp cận đề xuất. Các thí nghiệm so sánh được thực hiện trong các môi trường triển khai khác nhau nhằm đánh giá cả hai khía cạnh: (i) khả năng mô phỏng và phản ánh hợp lý các kịch bản lan truyền dịch bệnh; và (ii) hiệu năng, khả năng mở rộng của kiến trúc hệ thống thông tin phân tán. Thông qua đó, luận án làm rõ giá trị của mô phỏng như một công cụ hỗ trợ phân tích và ra quyết định trong hệ thống giám sát và cảnh báo dịch bệnh cho chăn nuôi lợn.

1.6 Kết luận chương

Chương 1 đã trình bày tổng quan bài toán giám sát và cảnh báo sớm dịch bệnh trong chăn nuôi lợn trên nền tảng hệ thống chăn nuôi chính xác. Trên cơ sở đó, chương đã làm rõ bản chất của bài toán như một bài toán xử lý, mô hình hóa và phân tích thông tin trong một hệ thống phức tạp, bao gồm nhiều tác tử và tương tác động theo thời gian.

Bên cạnh việc giới thiệu các nền tảng lý thuyết và kỹ thuật liên quan, chương cũng đã tổng hợp và phân tích có hệ thống các hướng nghiên cứu tiêu biểu trong những năm gần đây, từ các hệ thống giám sát dựa trên dữ liệu và cảm biến, các mô hình mô phỏng dịch bệnh, đến các nền tảng triển khai mô phỏng và phân tích trên môi trường tính toán phân tán. Qua đó, các ưu điểm và hạn chế của từng hướng tiếp cận đã được chỉ ra một cách rõ ràng.

Từ kết quả tổng quan và phân tích, chương đã xác định các khoảng trống nghiên cứu còn tồn tại, đặc biệt liên quan đến việc thiếu các hệ thống mô phỏng tích hợp ở nhiều cấp độ, khả năng hỗ trợ phân tích kịch bản lây lan trong môi trường giả lập, cũng như hạn chế về hiệu năng và khả năng mở rộng của các hệ thống hiện có. Trên cơ sở đó, hướng tiếp cận nghiên cứu của luận án đã được xác lập, nhấn mạnh vai trò của mô phỏng như một thành phần cốt lõi trong hệ thống thông tin hỗ trợ giám sát và cảnh báo dịch bệnh. Những nội dung trình bày trong Chương 1 tạo nền tảng lý luận và định hướng nghiên cứu cho các chương tiếp theo của luận án. Trên cơ sở đó, Chương 2 sẽ tập trung vào việc phát triển các mô hình mô phỏng ở cấp độ nội bộ đàn lợn, nhằm biểu diễn hành vi cá thể và mô phỏng quá trình lan truyền dịch bệnh trong môi trường giả lập.

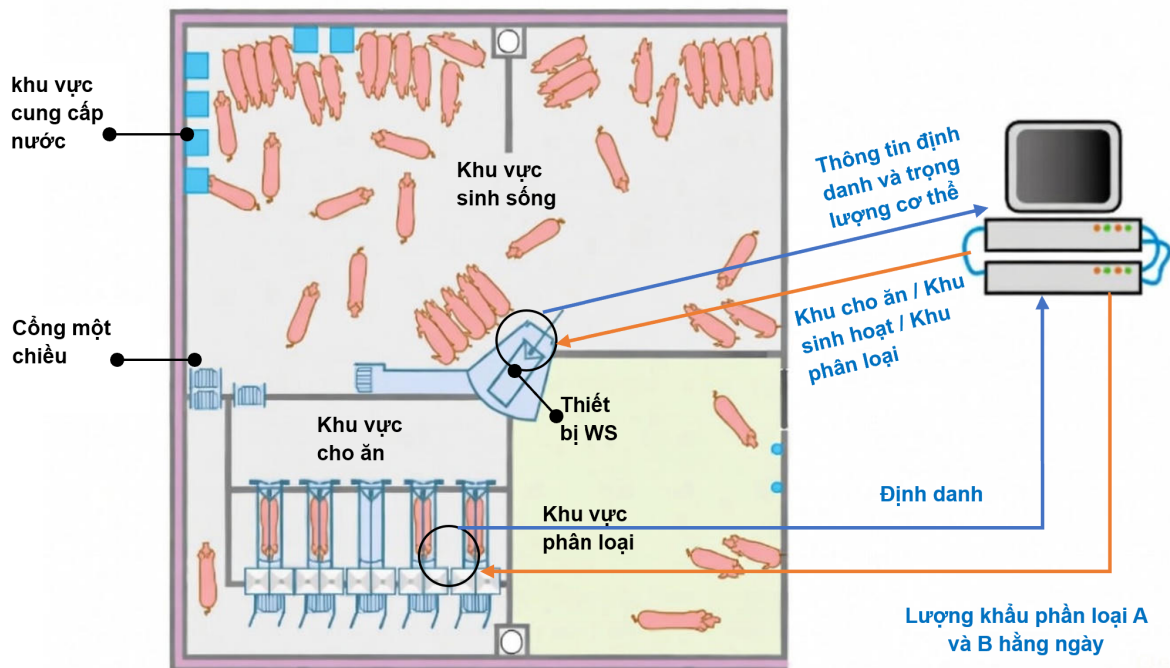
Chương 2

PHÁT TRIỂN CÁC MÔ HÌNH MÔ PHỎNG NỘI BẦY ĐÀN CHO ĐÀN LỢN DỰA TRÊN MÔ HÌNH ĐA TÁC TỬ: MÔ PHỎNG CHO ĂN CHÍNH XÁC VÀ LAN TRUYỀN DỊCH BỆNH

Chương này tập trung phát triển các mô hình mô phỏng ở cấp độ nội bộ đàn lợn, coi đây là lớp nền tảng của hệ thống mô phỏng và cảnh báo dịch bệnh được đề xuất. Trong chương này, mỗi cá thể lợn được biểu diễn như một thực thể số trong mô hình đa tác tử, cho phép mô phỏng hành vi, trạng thái sức khỏe và các tương tác trong môi trường chăn nuôi giả lập, đồng thời tích hợp các mô hình nghiệp vụ như cho ăn chính xác nhằm phản ánh sự khác biệt về điều kiện tiếp xúc giữa các cá thể. Trên cơ sở đó, mô hình dịch tễ được kết hợp để mô phỏng quá trình lan truyền dịch bệnh trong nội bộ đàn dưới nhiều kịch bản khác nhau. Từ góc độ hệ thống thông tin, các mô hình này không chỉ phản ánh động lực của hệ thống chăn nuôi mà còn đóng vai trò là các thành phần xử lý thông tin, tạo dữ liệu đầu vào cho phân tích, đánh giá và cho các mô hình mở rộng ở cấp độ liên trang trại và kiến trúc mô phỏng phân tán trong các chương tiếp theo. Các kết quả nghiên cứu trong chương này được công bố tại công trình [CT3, CT4, CT6].

2.1 Đặt vấn đề

Trong các hệ thống giám sát và cảnh báo dịch bệnh hiện đại, hoạt động cho ăn trong chăn nuôi lợn không chỉ là một quy trình sản xuất mang tính vật lý, mà còn là một quá trình nghiệp vụ tạo ra dữ liệu, tương tác và tri thức có giá trị đối với công tác quản lý và ra quyết định như có thể thấy trong Hình 2.1 là một mô hình chuồng trại áp dụng hệ thống máng ăn chính xác và luồng logic nghiệp vụ của nó. Đặc biệt, trong bối cảnh chăn nuôi quy mô lớn và hướng tới tự động hóa, hệ thống cho ăn chính xác trở thành một thành phần quan trọng trong kiến trúc hệ thống thông tin của trang trại, nơi tập trung các tương tác lặp lại với tần suất cao giữa các cá thể lợn và các thiết bị trung gian.



Hình 2.1: Mô hình chuồng trại áp dụng hệ thống máng ăn chính xác [50].

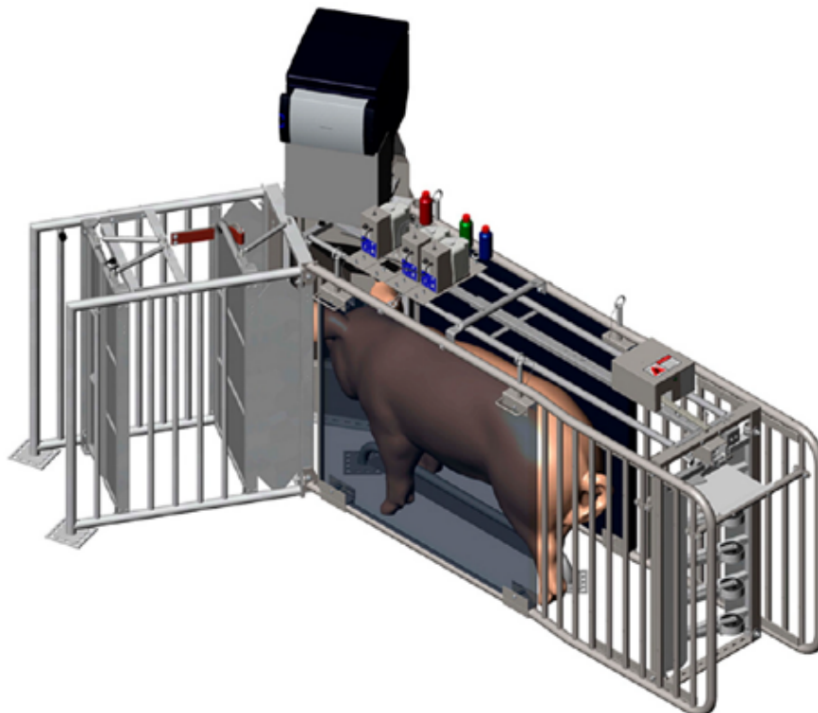
- Mục tiêu của chương này đề xuất xây dựng mô hình mô phỏng để: (i) tái hiện hành vi ăn theo phương pháp cho ăn chính xác ở cấp cá thể và (ii) mô tả động lực lây lan dịch bệnh trong đàn.
- Hướng tiếp cận phạm vi không gian: mô phỏng trong một trang trại, một đàn, tập trung vào lây lan nội đàn, không mở rộng sang cấp vùng, chuỗi cung ứng.
- Đối tượng mô phỏng: Tác tử lợn, tác tử máng ăn tự động (RFID, cổng vào-ra), thành phần dịch bệnh theo SEIR (ở cấp cá thể đàn).
- Phạm vi dịch bệnh: mô tả quá trình lây lan dịch tả lợn Châu Phi ASF bằng mô hình SEIR gồm: tham số dịch tễ được xem là đầu vào của mô hình và sẽ được dùng để chạy kịch bản.
- Phạm vi nền tảng triển khai mô phỏng: mô hình dựa trên hướng tác tử ABM, triển khai theo nền tảng mô phỏng chuyên dụng GAMA) để hỗ trợ mô hình đa tác tử và trực quan hoá.

Nhìn chung đóng góp chính của luận án tại chương này là phát triển mô hình mô phỏng nội bày đàn dựa trên mô hình đa tác tử (ABM), tích hợp đồng thời hệ thống cho ăn chính xác (PFS) và mô hình dịch tễ SEIR theo kiến trúc hai lớp (hành vi –

bệnh lý). Mô hình này cho phép mô phỏng chi tiết hành vi cá thể, quá trình tiêu thụ thức ăn và động lực lan truyền dịch bệnh ASF trong môi trường chuồng trại.

2.2 Tổng quan hệ thống cho ăn chính xác và nền tảng mô phỏng

2.2.1 Đặc tả hệ thống cho ăn chính xác cần mô phỏng



Hình 2.2: Máng ăn chính tự động cho lợn.

Hệ thống cho ăn chính xác (Precision Feeding System - PFS) cho phép kiểm soát lượng thức ăn theo cá thể hoặc nhóm nhỏ trong chuồng lợn. Mỗi máng ăn thường được thiết kế với một cổng vào và một cổng ra Hình 2.2. Máng ăn tự động sẽ được điều khiển bởi máy tính, cho phép lợn vào ăn theo thứ tự và ghi nhận lượng thức ăn tiêu thụ hàng ngày (Daily Feed Intake - DFI) cũng như lượng tích lũy (Cumulative Feed Intake - CFI) [78]. Hệ thống thường gồm nhiều máng ăn kết nối với một máy tính trung tâm, hỗ trợ theo dõi thời gian ăn, hành vi tiếp cận máng và các thông số sinh trưởng [41, 96]. Mô hình mô phỏng cần tái hiện chính xác các đặc trưng này để đánh giá tác động của chiến lược cho ăn đến tăng trưởng và lây lan dịch bệnh trong nội bầy đàn.

2.2.2 Nền tảng mô hình và ngôn ngữ mô phỏng

2.2.2.1 Nền tảng mô phỏng dựa trên tác tử

Bài toán mô phỏng chăn nuôi chính xác có đặc trưng theo cá thể và tương tác cục bộ theo không gian. Mỗi cá thể lợn có sự phát triển khác nhau và hành vi phụ thuộc vào trạng thái nội tại cũng như môi trường xung quanh. Do đó, mô hình dựa trên tác tử (ABM) là lựa chọn phù hợp vì cho phép mô hình hóa hệ thống như tập hợp các tác tử ra quyết định độc lập, với hành vi tổng thể nổi lên từ tương tác vi mô theo hướng từ cá thể đến quần thể (từ dưới lên). Tính linh hoạt và khả năng mở rộng cao của ABM rất thuận lợi khi cần bổ sung tác tử, điều chỉnh quy tắc hoặc mở rộng kịch bản mà không phải tái cấu trúc toàn bộ mô hình.

2.2.2.2 Nền tảng ứng dụng mô phỏng GAMA

Nền tảng GAMA (GIS & Agent-based Modeling Architecture) được lựa chọn làm môi trường phát triển chính. GAMA là nền tảng mã nguồn mở hỗ trợ xây dựng mô phỏng dựa trên tác tử với biểu diễn không gian tường minh và khả năng xử lý dữ liệu quy mô lớn. Nền tảng nổi bật với hệ sinh thái mô-đun hỗ trợ linh hoạt, tích hợp mạnh mẽ GIS và khả năng xử lý dữ liệu lớn, rất phù hợp cho mô phỏng hành vi và luồng di chuyển của đàn lợn trong chuồng trại.

2.2.2.3 Ngôn ngữ mô tả mô hình GAML

GAMA sử dụng ngôn ngữ mô hình hóa GAML (GAMA Modeling Language) – một ngôn ngữ bậc cao, trực quan và dễ sử dụng. GAML giúp nâng cao tính minh bạch của mô hình, thu hẹp khoảng cách giữa mô hình khái niệm và triển khai, đồng thời hỗ trợ mở rộng và điều chỉnh mô hình theo chu kỳ nghiên cứu một cách thuận tiện.

2.3 Mô hình tác tử cho hệ thống cho ăn chính xác

2.3.1 Tác tử và môi trường

Mô hình tác tử lợn (pig)

Trong ngôn ngữ mô hình hóa mỗi thành phần tham gia mô phỏng đều được định nghĩa như một loài có 15 thuộc tính, 9 phương thức chuyển trạng thái và 7 phương thức dùng tính toán, các phương thức này phục vụ tính toán các đại lượng như lượng thức ăn tiêu thụ hằng ngày mục tiêu (DFI mục tiêu), lượng thức ăn tiêu thụ

thu nhận mục tiêu (CFI mục tiêu), DFI thực tế, CFI thực tế, cũng như các hệ số chống chịu và phục hồi. Các giá trị tương ứng với các phương thức này được cập nhật vào cuối mỗi ngày mô phỏng như trong Bảng 2.1.

Bảng 2.1: Mô tả tổng hợp các thuộc tính và phương thức của tác tử lợn

Loại	Tên	Mô tả	Giá trị / Trạng thái
Thuộc tính của tác tử lợn			
Thuộc tính	id	Định danh duy nhất của một cá thể lợn trong mô phỏng.	Số nguyên
Thuộc tính	final_weight (<i>a</i>)	Hệ số ước lượng cân nặng tối đa của lợn trong mô hình sinh trưởng.	[312.0, 328.0]
Thuộc tính	weight_rate (<i>b</i>)	Hệ số tăng cân của lợn trong hàm động học sinh trưởng.	[0.0011448, 0.0013152]
Thuộc tính	fi	Hệ số chuyển dịch cân nặng; tại thời điểm bắt đầu mô phỏng được gán bằng 0.	Khởi tạo = 0
Thuộc tính	init_weight	Cân nặng ban đầu của lợn tại thời điểm khởi đầu mô phỏng.	[20, 25] kg
Thuộc tính	weight	Cân nặng hiện tại của lợn tại mỗi thời điểm mô phỏng.	kg
Thuộc tính	target_dfi	Lượng thức ăn tiêu thụ hằng ngày mục tiêu (DFI).	g/ngày
Thuộc tính	target_cfi	Lượng thức ăn tiêu thụ thu nhận mục tiêu (CFI).	g
Thuộc tính	dfi	Giá trị DFI thực tế của lợn trong quá trình mô phỏng.	g/ngày
Thuộc tính	cfi	Giá trị CFI thực tế của lợn trong quá trình mô phỏng.	g
Thuộc tính	current	Trạng thái hành vi hiện tại của lợn trong mô hình.	0 → 8
Thuộc tính	duration	Khoảng thời gian còn lại của trạng thái hiện tại.	phút
Thuộc tính	eat_count	Số lần lợn ăn trong một ngày.	lần/ngày
Thuộc tính	excrete_count	Số lần lợn bài tiết trong một ngày.	lần/ngày
Thuộc tính	excrete_each_day	Số lần bài tiết tối đa trong ngày; được lấy ngẫu nhiên và cập nhật mỗi ngày mô phỏng.	[2, 4]
Phương thức chuyển trạng thái hành vi			

Loại	Tên	Mô tả	Giá trị / Trạng thái
Phương thức	go_in()	Kiểm tra mức độ đói theo Công thức 2.2 và quyết định di chuyển tới khu cho ăn.	0 → 1
Phương thức	wait()	Sau khi đến cổng vào, lợn chuyển sang trạng thái chờ.	1 → 2
Phương thức	eat()	Lợn yêu cầu quyền truy cập máng ăn; nếu thành công, bắt đầu ăn và cập nhật thống kê.	2 → 3
Phương thức	go_out()	Lợn rời khu cho ăn sau khi ăn xong.	3 → 4
Phương thức	relax_after_eat()	Lợn nghỉ ngơi sau khi ăn trong khoảng 5–10 phút.	4 → 5
Phương thức	drink()	Lợn uống nước với xác suất 80% hoặc chuyển sang trạng thái tiếp theo nếu không uống.	5 → 6/7
Phương thức	relax_after_drink()	Sau khi uống nước, lợn quay lại khu nghỉ ngơi.	6 → 7
Phương thức	excrete()	Lợn bài tiết với xác suất 50%, có xét giới hạn số lần bài tiết trong ngày.	7 → 8/0
Phương thức	relax_after_excrete()	Sau khi bài tiết xong, lợn quay lại khu nghỉ ngơi và trở về trạng thái ban đầu.	8 → 0
Phương thức tính toán sinh trưởng và tiêu thụ thức ăn			
Phương thức	target_dfi()	Hàm cao nguyên tuyến tính dùng để xác định lượng thức ăn tiêu thụ hằng ngày mục tiêu (DFI) của lợn theo thời gian sinh trưởng.	Hàm xác định
Phương thức	target_cfi()	Hàm tính lượng thức ăn tiêu thụ thu nhận mục tiêu (CFI), trong đó giá trị được cộng dồn từ thời điểm bắt đầu mô phỏng đến thời điểm hiện tại.	Cộng dồn theo thời gian
Phương thức	dfi()	Hàm tính lượng thức ăn tiêu thụ hằng ngày (DFI) thực tế của lợn. Giá trị DFI trung bình được xác định theo công thức trình bày trong [84]. Từ giá trị trung bình này, DFI thực tế được sinh ngẫu nhiên theo phân bố Gauss với kỳ vọng bằng DFI trung bình và độ lệch chuẩn bằng 0.5.	Ngẫu nhiên (Gaussian)

Loại	Tên	Mô tả	Giá trị / Trạng thái
Phương thức	cfi()	Hàm tính lượng thức ăn tiêu thụ thu nhận (CFI) thực tế thông qua phép cộng dồn các giá trị DFI thực tế theo thời gian mô phỏng.	Cộng dồn
Phương thức	weight()	Hàm tính toán cân nặng của lợn dựa trên giá trị CFI thực tế, được xác định theo Công thức (2.5).	Hàm sinh trưởng
Phương thức	resistance()	Hàm biểu diễn mức độ chống chịu của lợn đối với tác nhân gây bệnh. Trong mô hình <i>Pig</i> , giá trị này được giả định bằng 0.	Pig: 0
Phương thức	resilience()	Hàm biểu diễn khả năng phục hồi của lợn sau khi chịu tác động của bệnh. Trong mô hình <i>Pig</i> , giá trị này được giả định bằng 0.	Pig: 0

Mô hình chịu tác động bởi một yếu tố gây bệnh

Mô hình *DiseasePig* được xây dựng nhằm mô phỏng các kịch bản trong đó cá thể lợn chịu tác động của một tác nhân gây bệnh. Mô hình này được phát triển trên cơ sở kế thừa từ mô hình *Pig*, đồng thời mở rộng và tích hợp các cơ chế liên quan đến động lực học bệnh. Điểm khác biệt cốt lõi giữa hai mô hình nằm ở việc *DiseasePig* tích hợp mô hình dịch tễ SEIR nhằm biểu diễn và theo dõi trạng thái nhiễm bệnh của từng cá thể lợn theo thời gian.

Trong mô hình *DiseasePig*, mô hình SEIR khai thác thông tin từ bản thân cá thể lợn cũng như từ môi trường xung quanh để xác định và cập nhật trạng thái dịch tễ tương ứng. Trên cơ sở trạng thái SEIR, mô hình cho phép điều chỉnh hành vi của lợn một cách động thông qua việc thay đổi giá trị biến trạng thái *current*, đồng thời ghi đè (*override*) các phương thức chuyển đổi hành vi đã được định nghĩa trong chín phương thức hành vi của mô hình *Pig*. Cách tiếp cận này cho phép mô hình phản ánh sự tương tác hai chiều giữa trạng thái bệnh và hành vi của cá thể trong suốt quá trình mô phỏng.

Bên cạnh việc mở rộng động lực hành vi, mô hình *DiseasePig* còn thực hiện ghi đè diện mạo (*aspect*) của mô hình *Pig* nhằm trực quan hóa trạng thái dịch tễ của tác tử trong không gian mô phỏng. Cụ thể, tại mỗi giai đoạn của mô hình SEIR, tác tử được biểu diễn bằng một màu sắc khác nhau: tác tử ở trạng thái nhiễm bệnh (giai đoạn ủ bệnh) được hiển thị bằng màu vàng; khi bước vào giai đoạn truyền bệnh,

tác tử chuyển sang màu đỏ; và khi đạt được trạng thái miễn dịch, tác tử được hiển thị bằng màu xanh. Cách biểu diễn này giúp người quan sát dễ dàng nhận diện sự phân bố không gian và diễn biến theo thời gian của các trạng thái dịch tễ trong mô hình các hành vi của mô hình được mô tả chi tiết như trong Bảng 2.2.

Bảng 2.2: Các thuộc tính và phương thức trong mô hình *DiseasePig*

Nhóm	Tên thuộc tính / phương thức	Ý nghĩa	Giá trị / Ghi chú
Thuộc tính	seir	Biểu diễn trạng thái nhiễm bệnh của lợn theo mô hình SEIR.	0-4
Thuộc tính	expose_time	Thời gian lợn ở trạng thái ủ bệnh, tính theo chu kỳ mô phỏng.	-
Thuộc tính	infect_time	Thời gian lợn ở trạng thái truyền bệnh.	-
Thuộc tính	shed_time	Thời gian lợn ở trạng thái miễn dịch.	-
Thuộc tính	expose_count_per_day	Số lần lợn chuyển từ trạng thái chưa nhiễm sang nhiễm bệnh trong một ngày.	-
Thuộc tính	recover_count	Số lần lợn chuyển sang trạng thái hồi phục.	-
Thuộc tính	max_expose_time	Thời gian ủ bệnh tối đa, dùng làm cận trên để giới hạn thời gian nhiễm bệnh.	-
Thuộc tính	avg_expose_time	Thời gian ủ bệnh trung bình, dùng để tính xác suất chuyển trạng thái.	-
Thuộc tính	max_infect_time	Thời gian truyền bệnh tối đa.	-
Thuộc tính	avg_infect_time	Thời gian truyền bệnh trung bình.	-
Thuộc tính	max_shed_time	Thời gian miễn dịch tối đa.	-
Thuộc tính	avg_shed_time	Thời gian miễn dịch trung bình.	-
Thuộc tính	u	Xác suất lợn chết do bệnh.	[0, 1]
Thuộc tính	k1	Hệ số chống chịu của lợn tại chu kỳ hiện tại.	-
Thuộc tính	k2	Hệ số phục hồi của lợn tại chu kỳ hiện tại.	-
Phương thức	expose()	Biểu diễn cơ chế lợn chuyển từ trạng thái bình thường sang trạng thái nhiễm bệnh. Do cơ chế lây nhiễm phụ thuộc từng tác nhân gây bệnh cụ thể, phương thức này được thiết kế ở dạng trừu tượng.	Trừu tượng

Nhóm	Tên thuộc tính / phương thức	Ý nghĩa	Giá trị / Ghi chú
Phương thức	<code>infect()</code>	Mô phỏng quá trình lợn chuyển từ trạng thái ủ bệnh sang trạng thái truyền bệnh. Xác suất chuyển trạng thái được tính theo Công thức (2.3.3); nếu không chuyển trạng thái, biến <i>expose_time</i> tăng thêm một đơn vị.	Có thể ghi đè
Phương thức	<code>recover()</code>	Mô phỏng quá trình lợn chuyển từ trạng thái truyền bệnh sang trạng thái hồi phục. Phương thức sử dụng Công thức (2.3.4) cùng các tham số thời gian truyền bệnh.	Có thể ghi đè
Phương thức	<code>shed()</code>	Biểu diễn cơ chế lợn chuyển từ trạng thái miễn dịch về trạng thái bình thường hoặc tử vong, phụ thuộc đặc điểm miễn dịch của từng bệnh và kịch bản mô phỏng.	Tùy biến / ghi đè
Phương thức	<code>seir_routine()</code>	Thực hiện cập nhật trạng thái SEIR theo từng chu kỳ mô phỏng bằng cách lần lượt gọi các phương thức <i>expose()</i> , <i>infect()</i> , <i>recover()</i> hoặc <i>shed()</i> tương ứng với giá trị của biến <i>seir</i> .	Vòng lặp trạng thái
Phương thức	<code>seir_refresh_per_day()</code>	Làm mới và cập nhật các thuộc tính SEIR theo ngày, phục vụ cho thống kê và phân tích kết quả mô phỏng.	Thống kê

Các mô hình bổ sung cho nhiều tác nhân gây bệnh

Nhằm mô phỏng các kịch bản trong đó một cá thể lợn đồng thời chịu tác động của nhiều tác nhân gây bệnh khác nhau, mô hình được mở rộng bằng việc bổ sung hai mô hình mới là *AbstractDiseasePig* và *MultiDiseasePig*.

Mô hình *AbstractDiseasePig* được xây dựng trên cơ sở kế thừa từ mô hình *DiseasePig*, tuy nhiên không bao gồm diện mạo hiển thị (*aspect*) trên giao diện mô phỏng và không có khả năng trực tiếp điều chỉnh hành vi của lợn. Mục đích chính của mô hình này là thực hiện tính toán và cập nhật trạng thái nhiễm bệnh của cá thể lợn theo mô hình SEIR đối với một tác nhân gây bệnh cụ thể. Do đó, *AbstractDiseasePig* đóng vai trò như một mô-đun chuyên biệt, độc lập với hành vi, chỉ tập trung vào động lực học bệnh của từng bệnh riêng lẻ.

Trên cơ sở đó, mô hình *MultiDiseasePig* cũng được kế thừa từ mô hình *DiseasePig* và được sử dụng để biểu diễn các tác tử lợn có khả năng đồng nhiễm nhiều bệnh. Khác với *AbstractDiseasePig*, mô hình *MultiDiseasePig* có diện mạo hiển thị trên giao diện mô phỏng và có khả năng thay đổi hành vi của lợn trong quá trình mô

phỏng. Mô hình này theo dõi trạng thái dịch tễ tổng hợp bằng cách thu thập và tổng hợp thông tin SEIR từ các mô hình *AbstractDiseasePig* được gắn bên trong nó, mỗi mô hình tương ứng với một tác nhân gây bệnh. Tại mỗi chu kỳ mô phỏng, mô hình *MultiDiseasePig* lựa chọn một mô hình *AbstractDiseasePig* đại diện để điều khiển hành vi của cá thể lợn, dựa trên trạng thái dịch tễ hiện tại và mức độ nghiêm trọng của bệnh tương ứng. Đồng thời, mô hình sử dụng Công thức 2.9 để tính toán sự thay đổi trong lượng thức ăn tiếp nhận hằng ngày của lợn, trên cơ sở tổng hợp ảnh hưởng của tất cả các tác nhân gây bệnh đang tác động.

So với mô hình *DiseasePig*, mô hình *MultiDiseasePig* được bổ sung thêm ba thuộc tính mới nhằm phục vụ cho việc quản lý, tổng hợp và điều phối thông tin từ nhiều mô hình bệnh thành phần. Chi tiết các thuộc tính này sẽ được trình bày trong Bảng 2.3.

Bảng 2.3: Các thuộc tính và phương thức bổ sung trong mô hình *MultiDiseasePig*

Nhóm	Tên thuộc tính / phương thức	Ý nghĩa	Giá trị / Ghi chú
Thuộc tính	abstracts	Mảng chứa các tác tử <i>AbstractDiseasePig</i> , trong đó mỗi tác tử đại diện cho một tác nhân gây bệnh cụ thể mà cá thể lợn có thể mắc phải.	Danh sách các <i>AbstractDiseasePig</i>
Thuộc tính	resistances	Mảng lưu trữ các bệnh mà lợn đang ở trạng thái nhiễm bệnh hoặc truyền bệnh. Một tác tử trong <i>abstracts</i> được thêm vào mảng này khi <i>seir</i> = 1 hoặc <i>seir</i> = 2, và bị loại bỏ khi chuyển sang trạng thái hồi phục.	Bệnh đang hoạt động
Thuộc tính	resiliences	Mảng lưu trữ các bệnh mà lợn đã mắc và đã hồi phục. Mỗi khi một tác tử trong <i>abstracts</i> chuyển sang trạng thái hồi phục (<i>seir</i> = 3), tác tử đó được thêm vào mảng này.	Bệnh đã hồi phục
Phương thức	sync_to_abstracts()	Thực hiện đồng bộ dữ liệu một chiều từ mô hình <i>MultiDiseasePig</i> xuống các mô hình <i>AbstractDiseasePig</i> . Dữ liệu được đồng bộ bao gồm trạng thái hành vi, vị trí, cân nặng, DFI, CFI, số lần ăn và số lần bài tiết trong ngày.	Đồng bộ xuống
Phương thức	aggregate_from_abstracts()	Tổng hợp thông tin từ các mô hình <i>AbstractDiseasePig</i> . Phương thức kiểm tra trạng thái SEIR của từng tác tử để thêm hoặc loại bỏ chúng khỏi các mảng <i>resistances</i> và <i>resiliences</i> , từ đó xác định trạng thái SEIR tổng hợp của cá thể lợn.	Tổng hợp SEIR

Nhóm	Tên thuộc tính / phương thức	Ý nghĩa	Giá trị / Ghi chú
Phương thức	<code>sync_from_resistance()</code>	Đồng bộ ngược dữ liệu hành vi từ một mô hình <i>AbstractDiseasePig</i> có ảnh hưởng chi phối hành vi của lợn về mô hình <i>MultiDiseasePig</i> . Các thông tin liên quan đến hành vi, vị trí và thống kê được cập nhật trở lại mô hình chính.	Đồng bộ ngược

Mô hình tác nhân gây bệnh Các nguồn lây bệnh được biểu diễn bằng các tác tử trong chương trình mô phỏng. Ở đây nghiên cứu mô tả nguồn lây bệnh cũng được xây dựng theo nguyên tắc kế thừa. Các mầm bệnh khác nhau kế thừa từ lớp tác nhân gây bệnh cơ bản (Factor). Lớp tác nhân gây bệnh cơ bản bao gồm ba thuộc tính và hai phương thức như trong Bảng 2.4.

Bảng 2.4: Các phương thức chuyển trạng thái hành vi của tác tử lợn

Phương thức	Mô tả	Trạng thái
<code>go_in()</code>	Thực thi tại trạng thái nghỉ ngơi. Lợn được kiểm tra mức độ đói theo Công thức 2.2. Nếu thỏa điều kiện, lợn di chuyển tới cổng vào khu cho ăn.	0 → 1
<code>wait()</code>	Sau khi đến cổng vào khu cho ăn, lợn chuyển sang trạng thái chờ.	1 → 2
<code>eat()</code>	Lợn yêu cầu quyền truy cập máng ăn. Nếu có máng trống, lợn nhận vị trí, bắt đầu ăn, tính thời gian ăn và cập nhật số lần ăn trong ngày.	2 → 3
<code>go_out()</code>	Sau khi ăn xong, lợn rời khu cho ăn qua cổng ra.	3 → 4
<code>relax_after_eat()</code>	Lợn nghỉ ngơi sau khi ăn trong khoảng 5–10 phút.	4 → 5
<code>drink()</code>	Lợn uống nước với xác suất 80%. Nếu uống nước, trạng thái thay đổi tương ứng.	5 → 6/7
<code>relax_after_drink()</code>	Sau khi uống nước, lợn quay lại khu nghỉ ngơi.	6 → 7
<code>excrete()</code>	Lợn bài tiết với xác suất 50%, có xét số lần bài tiết tối đa trong ngày. Nếu bài tiết, trạng thái kéo dài 1–2 phút.	7 → 8/0
<code>relax_after_excrete()</code>	Sau khi bài tiết xong, lợn quay lại khu nghỉ ngơi và trở về trạng thái ban đầu.	8 → 0

Mô hình bổ sung để mô tả việc lây lan dịch bệnh

Lớp Factor biểu diễn các yếu tố gây bệnh đơn giản không có khả năng di chuyển và lan truyền giữa các cá thể lợn. Để mô phỏng những loại bệnh có khả năng lây nhiễm phức tạp trong đàn lợn thì cần bổ sung một lớp mới là *TransmitDiseaseFactor*. Lớp này kế thừa từ lớp Factor và bổ sung thêm những thuộc tính và hàm để mô tả việc lây lan dịch bệnh. Lớp *TransmitDiseaseFactor* bổ sung thêm một thuộc tính và hai phương thức như trong Bảng 2.5.

Bảng 2.5: Thuộc tính và phương thức bổ sung trong lớp *TransmitDiseaseFactor*

Thuộc tính / Phương thức	Mô tả	Ghi chú
victim	Thuộc tính biểu diễn cá thể lợn mà tác tử gây bệnh đang trú ngụ. Giá trị có thể bằng <i>nil</i> khi tác tử tồn tại ngoài môi trường và khác <i>nil</i> khi tác tử nằm trong một cá thể lợn nhiễm bệnh.	Có thể rỗng
follow()	Phương thức mô tả hành vi bám theo vật chủ của tác tử gây bệnh. Khi thuộc tính <i>victim</i> khác rỗng, tác tử gây bệnh sẽ cập nhật vị trí của mình trùng với vị trí của cá thể lợn nhiễm bệnh tương ứng.	Đồng bộ vị trí
remove()	Phương thức dùng để xoá bỏ bản thân tác tử gây bệnh khỏi mô phỏng. Khi được gọi, tác tử sẽ thông báo tới hệ thống mô phỏng để loại bỏ các tác động của nó lên môi trường và tự huỷ.	Huỷ tác tử

Cơ chế tồn tại của tác tử gây bệnh trong vật chủ: Đối với các tác tử gây bệnh có thuộc tính *victim* khác rỗng, giá trị *duration* luôn được duy trì lớn hơn 0 bằng cách tăng thêm một đơn vị tại mỗi chu kỳ mô phỏng. Cơ chế này đảm bảo sự nhất quán giữa trạng thái trong mô hình SEIR của cá thể lợn và sự tồn tại của tác tử gây bệnh bên trong vật chủ. Tác tử gây bệnh chỉ bị loại bỏ khi cá thể lợn chuyển sang trạng thái hồi phục; tại thời điểm đó, lợn sẽ yêu cầu tác tử gây bệnh thực thi phương thức *remove()*.

2.3.2 Các biến tham số hóa mô hình và hàm tăng trưởng

2.3.2.1 Cân nặng của lợn

Cân nặng của lợn trong một tuần được ước lượng dựa trên biểu thức Mitscherlich (Công thức 2.1) được mô tả trong [119]. Đây là một phương trình phổ biến được sử dụng để mô hình hoá sự tăng trưởng ở động vật. Hàm tăng trưởng này biểu diễn mối quan hệ giữa lượng thức ăn tiếp nhận và sự gia tăng trọng lượng của lợn

$$W = W_f - (W_f - W_0)e^{-kI} \quad (2.1)$$

Trong đó, W là cân nặng của lợn tại thời điểm tính toán, W_f là cân nặng cuối cùng, W_0 là cân nặng ban đầu, I là giá trị lượng thức ăn tiêu thụ thu nhận (CFI), và k là tham số biểu diễn mức độ tác động của CFI đến sự tăng trưởng cân nặng.

2.3.2.2 Hệ số xác suất lợn ăn trong ngày

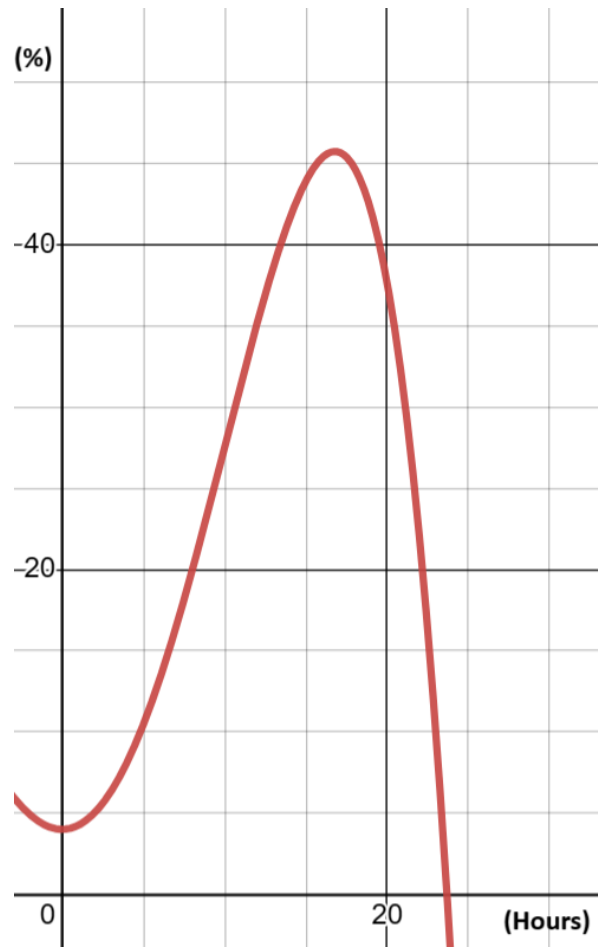
Các cá thể lợn không ăn theo nhóm mà ăn độc lập với nhau. Lợn có thể ăn nhiều lần trong một ngày. Tại mỗi giờ, chương trình mô phỏng sẽ tính xác suất lợn ăn tại giờ đó theo Công thức 2.2. Phương trình trong công thức này được nội suy từ dữ liệu thực tế thời điểm ăn của đàn lợn trong môi trường tự do [24].

$$y = -0.0007x^4 + 0.0059x^3 + 0.2453x^2 + 0.0173x + 4.0051 \quad (2.2)$$

Trong đó, y biểu diễn xác suất lợn ăn tại mỗi giờ, còn x là thời gian trong ngày, được biểu diễn theo định dạng từ 0 giờ đến 24 giờ. Hình 2.3 minh họa Công thức (2.2) dưới dạng đồ thị. Xác suất ăn của lợn tăng dần trong khoảng thời gian từ 0 giờ đến 14 giờ và đạt giá trị cao nhất, trên 40%, trong khoảng từ 14 giờ đến 20 giờ. Sau mốc 20 giờ, xác suất ăn của lợn giảm nhanh theo thời gian. Thời gian ăn của lợn tại mỗi lần được lấy ngẫu nhiên theo phân bố đều trong khoảng từ 5 phút đến 15 phút.

2.3.2.3 Công thức tính giá trị DFI và CFI khi lợn chịu tác nhân gây căng thẳng

Chống chịu (*resilience*) và phục hồi (*recovery*) là hai khái niệm cốt lõi trong nghiên cứu các về khả năng sinh học, phản ánh năng lực của một cá thể động vật trong việc duy trì, thích nghi và khôi phục các chức năng sinh lý và hành vi thiết yếu khi đối mặt với các tác nhân gây hại, cú sốc hoặc gián đoạn. Theo Janssens de Bisthoven [60], chống chịu được hiểu là khả năng của một thực thể hấp thụ các nhiễu động mà không chuyển sang trạng thái suy thoái mới; các nghiên cứu sau đó



Hình 2.3: Hàm phân phối thời gian lợn ăn.

đã mở rộng khái niệm này bằng cách nhấn mạnh vai trò của thích nghi và điều chỉnh cấu trúc nhằm đảm bảo khả năng tồn tại dài hạn, có thể được diễn giải ở cấp độ cá thể động vật [82, 40]. Ngược lại, phục hồi tập trung vào quá trình và tốc độ mà cá thể quay trở lại trạng thái sinh lý hoặc hành vi ổn định sau khi bị gián đoạn, thường được đánh giá thông qua thời gian và mức độ khôi phục [128]. Sự cần thiết của các cơ chế chống chịu và phục hồi ở cấp độ cá thể xuất phát từ thực tế rằng động vật nuôi, đặc biệt là lợn trong các hệ thống chăn nuôi chính xác, liên tục chịu tác động của nhiều yếu tố môi trường và quản lý không chắc chắn; do đó, các phản ứng này không thể được loại bỏ hoàn toàn mà cần được đặc trưng hóa và quản lý thông qua các chỉ số định lượng phù hợp [39].

Dựa trên nghiên cứu tại Nguyen-Ba và cộng sự [96] nghiên cứu sinh sử dụng công thức 2.3 biểu diễn cách tính giá trị DFI tại thời điểm t dựa trên giá trị DFI mục tiêu, mức độ chống chịu và mức độ phục hồi. Trong đó, Resistance có giá trị không đổi bằng k_1 tại thời điểm lợn chịu tác động của tác nhân gây hại (dịch bệnh), và bằng 0 tại các thời điểm còn lại. Theo cách tiếp cận này, resistance mô tả mức độ chống chịu của lợn trước các tác nhân gây hại, trong khi resilience đặc trưng cho mức độ hồi phục của lợn sau thời gian chịu tác nhân gây hại.

$$\frac{d}{dt} \text{CFI}(t) = \text{DFI}_t(t) \left(1 - \text{Resistance}(t) + \text{Resilience}(t) \right) \quad (2.3)$$

2.3.2.4 Công thức tính hệ số phục hồi với một tác nhân gây hại

Để tính hệ số phục hồi, mô hình xác định giá trị CFI_t là giá trị CFI mục tiêu tại thời điểm t thông qua việc cộng dồn các giá trị DFI mục tiêu từ thời điểm bắt đầu mô phỏng đến thời điểm hiện tại. Hệ số phục hồi Resilience phụ thuộc vào tỉ lệ giữa giá trị CFI thực tế và giá trị CFI_t mục tiêu, và được xác định theo Công thức 2.4 như sau:

$$\text{Resilience}(t) = k_2 \times \left(1 - \frac{\text{CFI}(t)}{\text{CFI}_t(t)} \right) \quad (2.4)$$

Giá trị DFI sau khi áp dụng Công thức 2.4 tiếp tục được lấy ngẫu nhiên theo phân phối đều để thu được giá trị DFI thực tế mà lợn tiêu thụ. Do lợn ăn nhiều bữa một ngày nên giá trị DFI, CFI và cân nặng sẽ không tính sau mỗi bữa ăn mà được tính vào cuối mỗi ngày.

2.3.2.5 Công thức tính xác suất lây nhiễm

Xác suất lây nhiễm được cập nhật theo Công thức 2.5. Trong đó, β là hệ số lây nhiễm của bệnh, I là số cá thể lợn đã nhiễm bệnh và có khả năng truyền bệnh, và

N là tổng số lợn trong đàn. \exp là hàm mũ tự nhiên, được sử dụng để mô tả xác suất không xảy ra sự kiện lây nhiễm trong bối cảnh quá trình ngẫu nhiên tuân theo phân bố Poisson. Xác suất này được tính theo chu kỳ ngày cho các cá thể lợn chưa bị nhiễm bệnh, nhằm xác định khả năng cá thể đó bị lây nhiễm trong ngày tương ứng.

$$P_e = 1 - \exp\left(-\beta \times \frac{I}{N}\right) \quad (2.5)$$

2.3.2.6 Công thức biểu diễn tương quan chuyển từ trạng thái Susceptible sang trạng thái Exposed

Trong mô hình nghiên cứu sinh thấy mỗi khi cá thể lợn tiếp xúc với tác nhân gây bệnh, xác suất nhiễm bệnh của lợn được tính theo Công thức 2.6. Trong đó, β là hệ số lây nhiễm của mầm bệnh. Đối với các bệnh có tính truyền nhiễm, khi một cá thể lợn tiếp xúc với mầm bệnh và bị nhiễm bệnh, một tác tử đại diện cho mầm bệnh sẽ được khởi tạo và gán cho cá thể lợn đó. Tác tử mầm bệnh này có xác suất lây nhiễm bằng 0 trong giai đoạn ủ bệnh, và có xác suất lây nhiễm bằng với nguồn bệnh mà lợn đã mắc phải trong giai đoạn truyền bệnh.

$$P_e = 1 - \exp(-\beta) \quad (2.6)$$

2.3.2.7 Công thức tính xác suất chuyển từ trạng thái ủ bệnh sang lây nhiễm

Xác suất chuyển trạng thái được tính toán theo hàm phân phối mũ với giá trị trung bình bằng $\frac{1}{\sigma}$. Trong đó, $\frac{1}{\sigma}$ là thời gian ủ bệnh trung bình của toàn bộ đàn lợn, và t là số ngày tính từ thời điểm cá thể lợn bắt đầu ở trạng thái ủ bệnh. Để đảm bảo rằng cá thể lợn luôn chuyển sang trạng thái tiếp theo, Công thức 2.7 bổ sung tham số t_m , biểu diễn khoảng thời gian tối đa mà lợn có thể ở trong trạng thái ủ bệnh. Sau thời điểm t_m , xác suất chuyển trạng thái của lợn được gán bằng 1.

$$P_i(t) = \begin{cases} 1 - \exp(-\sigma t), & t < t_m, \\ 1, & t \geq t_m. \end{cases} \quad (2.7)$$

2.3.2.8 Công thức tính xác xuất chuyển từ trạng thái lây nhiễm sang phục hồi

Quá trình chuyển trạng thái từ giai đoạn lây nhiễm sang giai đoạn hồi phục được mô hình hóa tương tự như quá trình chuyển từ trạng thái ủ bệnh sang trạng thái

lây nhiễm. Xác suất chuyển trạng thái này được biểu diễn bằng hàm phân phối mũ với giá trị trung bình bằng $\frac{1}{\gamma}$, trong đó $\frac{1}{\gamma}$ là thời gian trung bình mà một cá thể lợn ở trong trạng thái lây nhiễm. Để đảm bảo rằng cá thể lợn chắc chắn chuyển sang trạng thái hồi phục, tham số t_m được đưa vào nhằm giới hạn thời gian tối đa ở trạng thái lây nhiễm.

$$P_r(t) = \begin{cases} 1 - \exp(-\gamma t), & t < t_m, \\ 1, & t \geq t_m. \end{cases} \quad (2.8)$$

2.3.2.9 Công thức tính xác suất chết ở lợn

Trong quá trình thiết kế kịch bản mô phỏng sự lây lan của dịch tả lợn dựa trên mô hình SEIR, nghiên cứu xem xét hệ số u đại diện cho tỷ lệ tử vong của lợn do bệnh. Khi một cá thể lợn chết, tác tử đại diện cho cá thể đó sẽ bị loại bỏ khỏi kịch bản mô phỏng. Ngược lại, nếu lợn hồi phục sau khi nhiễm bệnh, cá thể này sẽ bước vào giai đoạn hồi phục và đạt được trạng thái miễn dịch đối với bệnh trong một khoảng thời gian nhất định. Sau khi thời gian miễn dịch kết thúc, lợn sẽ chuyển trở lại trạng thái dễ nhiễm (Susceptible).

Quá trình chuyển đổi từ trạng thái miễn dịch sang trạng thái dễ nhiễm được mô hình hóa như một biến ngẫu nhiên, với xác suất được xác định theo Công thức (2.9):

$$P(t) = \begin{cases} 1 - e^{-s \cdot t}, & t < t_m, \\ 1, & t \geq t_m, \end{cases} \quad (2.9)$$

trong đó s là tham số liên quan đến thời gian miễn dịch trung bình, t là thời gian kể từ khi lợn hồi phục, và t_m là thời gian miễn dịch tối đa.

Đối với dịch tả lợn, thời gian miễn dịch thường kéo dài hơn đáng kể so với khoảng thời gian mô phỏng, thường lên đến vài năm. Do đó, cả hai tham số s và t_m đều được thiết lập bằng một năm.

2.3.2.10 Công thức khởi tạo DFI mục tiêu cho mô hình

Nghiên cứu sinh thiết lập trước khi chạy mô phỏng, chương trình khởi tạo hàm DFI mục tiêu của lợn. Hàm DFI mục tiêu là một hàm cao nguyên tuyến tính (linear plateau), được biểu diễn trong Công thức 2.10 [101]. Hàm này có giá trị cực tiểu bằng 2, giá trị cực đại bằng 2.5 và thời điểm thay đổi là 30 ngày. Thời điểm 30 ngày được xác định trong điều kiện lý tưởng và có thể thay đổi tùy theo các kịch bản mô phỏng khác nhau.

$$DFI_t = \begin{cases} 2 + \frac{t \times 0.5}{30}, & t < 30, \\ 2.5, & t \geq 30. \end{cases} \quad (2.10)$$

Đối với hàm CFI mục tiêu sẽ được tính bằng cách cộng dồn các giá trị DFI mục tiêu từ thời điểm bắt đầu mô phỏng đến thời điểm tính toán. Tại thời điểm kết thúc của từng ngày, chương trình thực hiện tính toán DFI và CFI của từng cá thể lợn. Nếu lợn không ăn thì giá trị DFI ngày đó của lợn bằng 0. Nếu lợn ăn một bữa trở lên thì DFI được tính từ DFI mục tiêu, mức độ chống chịu và mức độ phục hồi theo công thức 2.3. Giá trị này sau đó được lấy ngẫu nhiên theo phân bố chuẩn với giá trị trung bình bằng DFI mục tiêu và độ lệch chuẩn bằng 0.5. Với kịch bản mô phỏng lý tưởng, mức độ chống chịu và mức độ phục hồi đều có giá trị bằng 0. Giá trị CFI được tính bằng cách cộng tích lũy giá trị DFI hằng ngày.

2.3.2.11 Công thức tính hệ số chống chịu và phục hồi trong trường hợp nhiều tác nhân gây hại

Khi lợn đồng thời chịu tác động của nhiều tác nhân gây bệnh, hệ số chống chịu và hệ số phục hồi không chỉ phụ thuộc vào số lượng bệnh mà còn chịu ảnh hưởng chủ yếu bởi tác nhân gây bệnh có mức độ nghiêm trọng cao nhất. Đồng thời, các hệ số này cần được ràng buộc trong một khoảng giá trị hữu hạn với cận trên và cận dưới xác định. Do đó, trong nghiên cứu này, hệ số chống chịu và hệ số phục hồi được đề xuất biểu diễn thông qua hàm LogSumExp (LSE) [16].

LogSumExp là một phép toán thường được sử dụng trong xử lý số học và thống kê, cho phép tính toán tổng của các giá trị dưới dạng hàm mũ trong không gian logarithm, sau đó chuyển kết quả về dạng logarithm. Hàm này được ứng dụng rộng rãi trong các bài toán liên quan đến xác suất và tối ưu hóa, chẳng hạn như hồi quy logistic, mạng nơ-ron và các thuật toán phân loại, nhờ khả năng hạn chế hiện tượng tràn số và nâng cao độ ổn định trong tính toán. Hàm LogSumExp được biểu diễn trong Công thức (2.11):

$$LSE(x_1, \dots, x_n) = \log(\exp(x_1) + \dots + \exp(x_n)), \quad (2.11)$$

Trong đó (x_1, \dots, x_n) là một vector các giá trị số đại diện cho mức độ tác động của từng tác nhân gây bệnh. Hàm LSE có các tính chất phù hợp để tổng hợp ảnh hưởng của nhiều tác nhân gây bệnh. Trong trường hợp chỉ tồn tại một tác nhân gây bệnh, giá trị LSE trùng với giá trị hệ số chống chịu hoặc phục hồi của tác nhân đó. Khi đồng thời chịu tác động của nhiều tác nhân, giá trị LSE nằm trong khoảng $[\max(x_1, \dots, x_n), \max(x_1, \dots, x_n) + \log(n)]$. Tính chất này cho thấy giá trị LSE phụ

thuộc chủ yếu vào phần tử lớn nhất trong tập (x_1, \dots, x_n) , tương ứng với tác nhân gây bệnh có triệu chứng nghiêm trọng nhất, đồng thời tăng dần theo $\log(n)$ khi số lượng bệnh gia tăng.

Do hệ số chống chịu (và tương tự là hệ số phục hồi) được ràng buộc trong khoảng $[0, 1]$, giá trị LSE cần được chuẩn hóa về cùng miền giá trị này. Hàm chuẩn hóa được xác định theo Công thức (2.12):

$$k = \frac{(\text{LSE}(x_1, \dots, x_n) - \max(x_1, \dots, x_n)) (1 - \max(x_1, \dots, x_n))}{\log(n)}, \quad (2.12)$$

Trong đó $\text{LSE}(x_1, \dots, x_n)$ là giá trị LogSumExp của tập các tác nhân gây bệnh, $\max(x_1, \dots, x_n)$ là mức độ nghiêm trọng lớn nhất trong số các tác nhân, và $\log(n)$ là logarithm của số lượng tác nhân gây bệnh đồng thời.

2.3.2.12 Công thức tính hệ số tương quan cho đánh giá các kịch bản mô phỏng

Hệ số tương quan là một đại lượng thống kê dùng để định lượng mức độ và chiều hướng mối quan hệ giữa hai biến số. Hệ số này thường được ký hiệu là r và có giá trị trong khoảng từ -1 đến 1 . Khi r tiến gần đến -1 , hai biến có mối quan hệ nghịch biến mạnh, nghĩa là sự gia tăng của một biến đi kèm với sự suy giảm của biến còn lại. Ngược lại, khi r tiến gần đến 1 , hai biến thể hiện mối quan hệ đồng biến mạnh, tức là chúng có xu hướng tăng hoặc giảm cùng nhau. Trong trường hợp r xấp xỉ bằng 0 , không tồn tại mối quan hệ tuyến tính đáng kể giữa hai biến.

Trong số các phương pháp xác định hệ số tương quan, hệ số tương quan Pearson được sử dụng phổ biến nhất trong các nghiên cứu định lượng. Hệ số này phản ánh mức độ phụ thuộc tuyến tính giữa hai biến thông qua tỷ lệ giữa hiệp phương sai của chúng và tích độ lệch chuẩn tương ứng. Nói cách khác, hệ số tương quan Pearson được xác định bằng cách chuẩn hóa hiệp phương sai của hai biến theo độ phân tán của từng biến. Biểu thức toán học của hệ số tương quan Pearson được cho trong Công thức (2.13):

$$\rho_{X,Y} = \text{corr}(X, Y) = \frac{\text{cov}(X, Y)}{\sigma_X \sigma_Y} = \frac{\mathbb{E}[(X - \mu_X)(Y - \mu_Y)]}{\sigma_X \sigma_Y}, \quad (2.13)$$

trong đó X và Y là hai biến ngẫu nhiên, lần lượt đại diện cho dữ liệu thu được từ mô hình mô phỏng và dữ liệu quan sát trong thực tế. Ký hiệu $\rho_{X,Y} = \text{corr}(X, Y)$ biểu diễn hệ số tương quan giữa hai biến X và Y ; $\text{cov}(X, Y)$ là hiệp phương sai của X và Y ; σ_X và σ_Y lần lượt là độ lệch chuẩn của X và Y ; μ_X và μ_Y là giá trị kỳ vọng của các biến tương ứng.

2.3.2.13 Công thức tính hệ số tương quan cho CFI

CFI là giá trị tích lũy của DFI theo thời gian nên giá trị của hệ số này luôn tăng. Nếu thực hiện tính hệ số tương quan trực tiếp trên giá trị CFI mô phỏng và CFI thực tế thì hệ số tương quan luôn có giá trị xấp xỉ bằng 1. Để có thể so sánh được mối tương quan của hai tập dữ liệu thì chương trình sử dụng kỹ thuật phân tích hồi quy. Với mỗi tập dữ liệu CFI, chương trình thực hiện tìm đường cong đa thức biểu diễn cho tập dữ liệu đó.

Hàm Polyfit là một hàm trong thư viện NumPy của Python. Hàm `polyfit` trả về tập các hệ số của đa thức $p(x)$ bậc n sao cho đa thức này xấp xỉ dữ liệu quan sát y theo tiêu chuẩn bình phương tối thiểu (least squares). Các hệ số của đa thức được sắp xếp theo thứ tự lũy thừa giảm dần của biến x , và độ dài của vector hệ số bằng $n + 1$. Công thức 2.14 mô tả dạng tổng quát của đa thức thu được từ hàm `polyfit`:

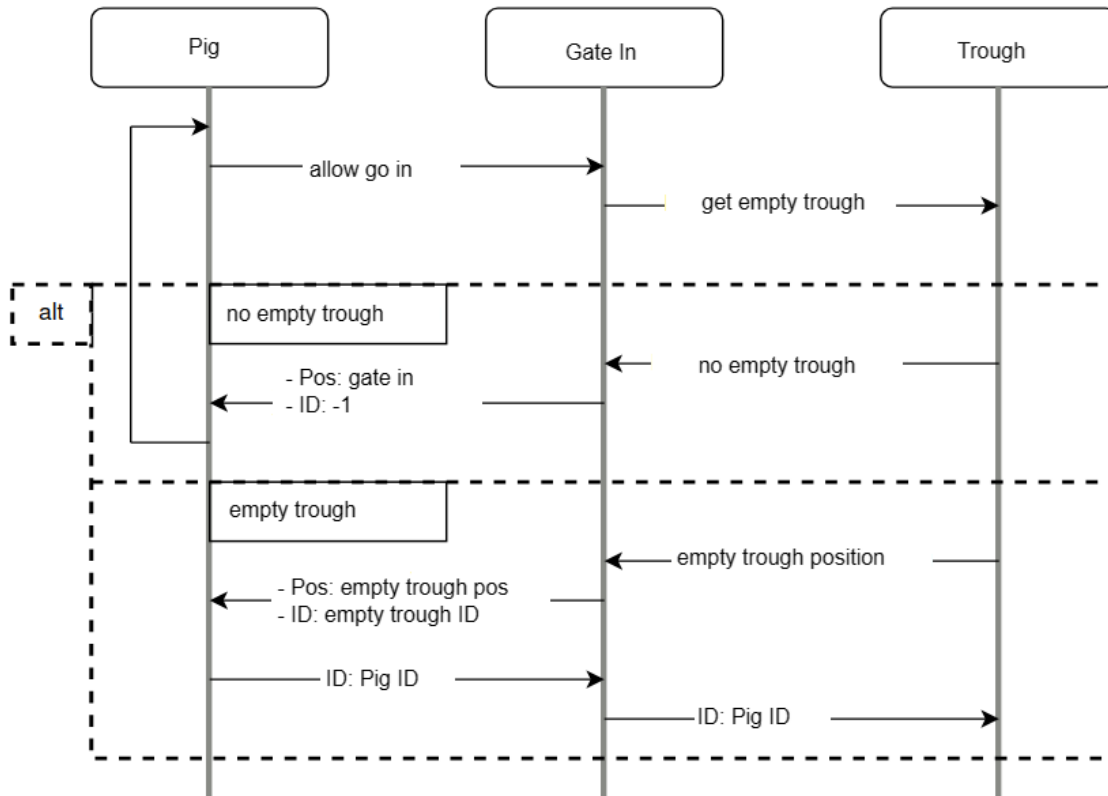
$$p(x) = p_1x^n + p_2x^{n-1} + \dots + p_nx + p_{n+1}. \quad (2.14)$$

2.3.3 Mô hình hành vi hệ thống

Hành vi phổ biến ở lợn

Lợn là loài động vật thông minh, có tính xã hội, thể hiện hành vi làm mẹ và có khả năng giao tiếp và liên kết phức tạp. Do đó, các hành vi của lợn khá đa dạng. Trong những hành vi đó, có những hành vi là phổ biến và xuất hiện ở tất cả các cá thể lợn. Những hành vi này thúc đẩy các chức năng sinh học của lợn, ví dụ như sống sót và sinh sản. Tùy vào môi trường sống, lợn có thể thay đổi hành vi và thời gian diễn ra hành vi đấy. Ví dụ, lợn ngoài tự nhiên dành 35% đến 55% thời gian trong ngày của chúng để tìm kiếm thức ăn, trong khi lợn nuôi không đi tìm thức ăn vì nguồn thức ăn luôn có sẵn [59]. Những bổ sung cho ứng dụng tập trung vào việc xây dựng các mô phỏng các hành vi được coi là phổ biến của lợn được nuôi trong trang trại. Những hành vi này bao gồm tập tính đẻ và cho con bú, hành vi nghỉ ngơi, hành vi ăn uống và hành vi bài tiết [87]. Trong luận án nghiên cứu sinh tập trung vào mô phỏng các hành vi phổ biến đối với lợn thịt.

Nghiên cứu sinh xây dựng mô phỏng với một mô hình trang trại bao gồm ba loài là lợn, công vào và máng ăn. Một ngày được chia làm nhiều mốc thời gian. Một cá thể lợn ăn tại một mốc thời gian cố định ở mỗi ngày trong suốt thời gian mô phỏng. Mốc thời gian mỗi con lợn ăn được cài đặt sẵn ban đầu sao cho không có tại một thời điểm chỉ có tối đa năm con lợn cùng ăn. Xây dựng hành vi ăn của lợn là ngẫu nhiên và độc lập. Vì hành vi ăn độc lập nên có thể tại một thời điểm số lợn muốn vào ăn nhiều hơn số máng ăn. Vì vậy, khi thực hiện chuyển hành vi ăn của lợn thành

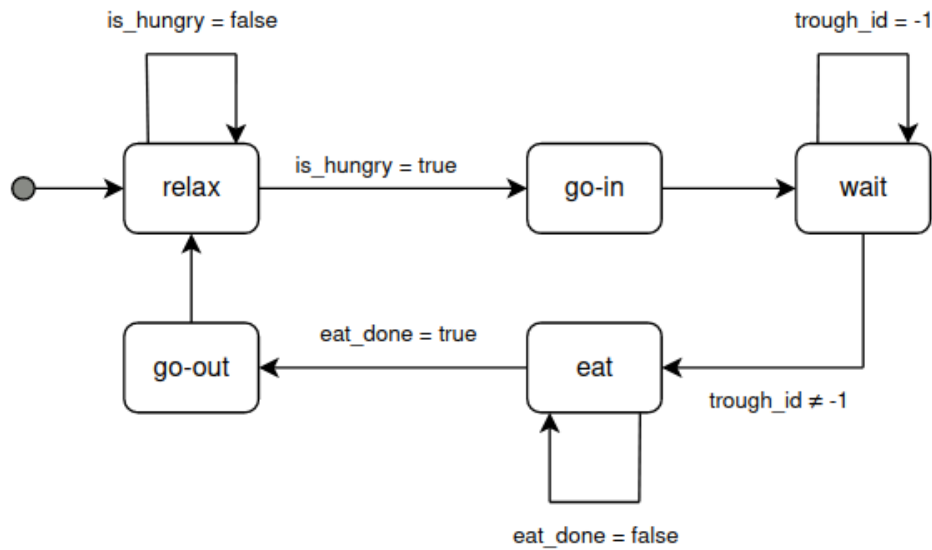


Hình 2.4: Biểu đồ tuần tự của lợn, cổng vào và máng ăn (lợn, cổng vào, máng ăn).

độc lập thì hệ thống có một loài mới là cổng vào. Cổng vào đóng vai trò như một hàng đợi và là tác tử trung gian giữa lợn và máng ăn. Tương tác của ba loài lợn, cổng vào và máng ăn được biểu diễn trong biểu đồ trình tự ở Hình 2.4.

Mô hình hóa hành vi ăn Tại thời điểm bắt đầu mỗi giờ, hàm `is_hungry` được sử dụng để xác định liệu cá thể lợn có thực hiện hành vi ăn tại thời điểm đó hay không. Nếu kết quả trả về là `false`, cá thể lợn tiếp tục duy trì trạng thái nghỉ ngơi. Ngược lại, nếu kết quả là `true`, cá thể lợn chuyển sang trạng thái `go-in` và di chuyển về phía cổng vào khu vực cho ăn. Khi đến cổng vào, cá thể lợn chuyển sang trạng thái đợi (`wait`). Trong trạng thái này, lợn thực hiện quá trình trao đổi thông tin với cổng vào và máng ăn để xác định vị trí máng ăn sẵn sàng. Khi nhận được định danh của máng ăn có giá trị khác `-1`, cá thể lợn di chuyển đến máng ăn tương ứng và chuyển sang trạng thái ăn.

Thời gian ăn của mỗi cá thể lợn được xác định ngẫu nhiên theo phân bố đều trong khoảng từ 5 đến 15 phút. Sau khi kết thúc thời gian ăn, cá thể lợn chuyển sang trạng thái `go-out` và di chuyển về phía cổng ra. Cuối cùng, lợn quay trở lại trạng thái nghỉ ngơi và thực hiện các tính toán cần thiết để xác định hành vi tiếp theo. Toàn bộ logic của quá trình này được minh họa trong Hình 2.5.

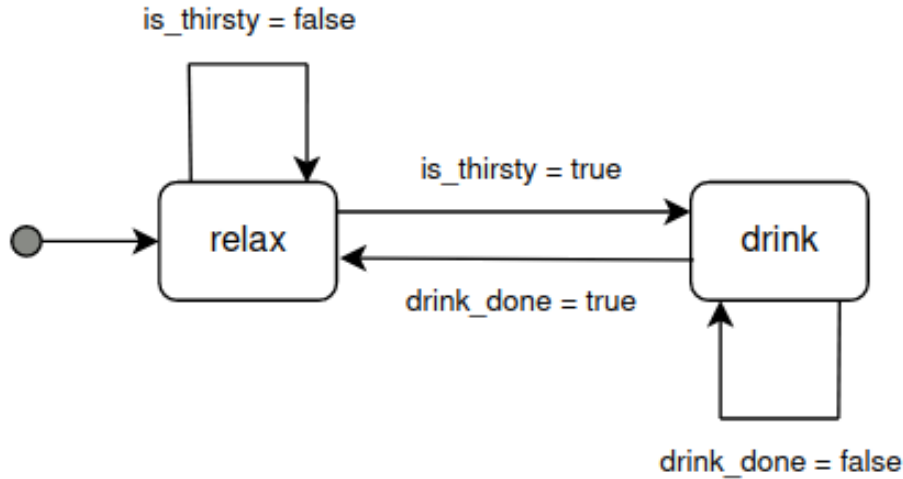


Hình 2.5: Máy trạng thái hành vi ăn.

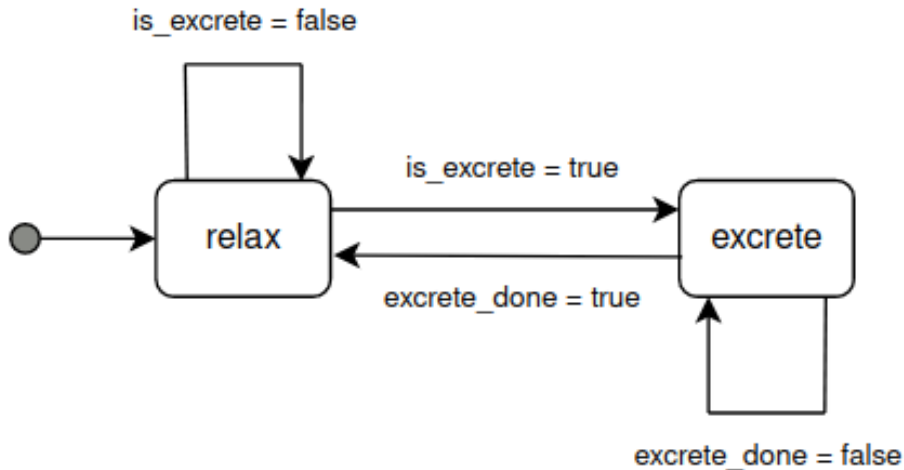
Mô hình hóa hành vi uống nước Hành vi uống nước của lợn thường xảy ra sau hành vi ăn trong khoảng từ 5 đến 10 phút. Sau mỗi lần lợn ăn, mô hình lấy ngẫu nhiên một khoảng thời gian trong đoạn $[5, 10]$ theo phân bố đều. Khi kết thúc khoảng thời gian này, hàm `is_thirsty` được gọi để xác định liệu cá thể lợn có thực hiện hành vi uống nước hay không.

Hàm `is_thirsty` xác định hành vi uống nước của lợn với xác suất 50%. Nếu kết quả trả về là `true`, cá thể lợn di chuyển đến khu vực uống nước và chuyển sang trạng thái uống (`drink`). Thời gian uống nước của lợn được cố định là 1 phút. Sau khi kết thúc hành vi uống nước, cá thể lợn di chuyển trở lại khu vực nghỉ ngơi và quay về trạng thái nghỉ ngơi. Máy trạng thái của hành vi này được thể hiện trong Hình 2.6.

Mô hình hóa hành vi bài tiết Đối với hành vi bài tiết logic được mô tả trong Hình 2.7, trước hết hàm `is_excrete` được gọi để kiểm tra điều kiện xác định hành vi tiếp theo có phải là hành vi bài tiết hay không. Điều kiện để xem xét hành vi bài tiết bao gồm: (i) lợn vừa thực hiện hành vi ăn trong khoảng từ 5 đến 10 phút trước đó hoặc vừa thực hiện hành vi uống nước, và (ii) số lần bài tiết của lợn trong một ngày nhỏ hơn 3. Khi các điều kiện trên được thỏa mãn, hàm `is_excrete` tiếp tục xác định xác suất thực hiện hành vi bài tiết với xác suất 50%. Nếu cá thể lợn thực hiện hành vi bài tiết, nó sẽ di chuyển đến khu vực bài tiết và chuyển sang trạng thái bài tiết (`excrete`). Đồng thời, mô hình tăng số lần bài tiết của lợn trong ngày lên 1. Thời gian bài tiết của lợn được lấy ngẫu nhiên trong khoảng từ 1 đến 2 phút theo



Hình 2.6: Máy trạng thái hành vi uống nước.

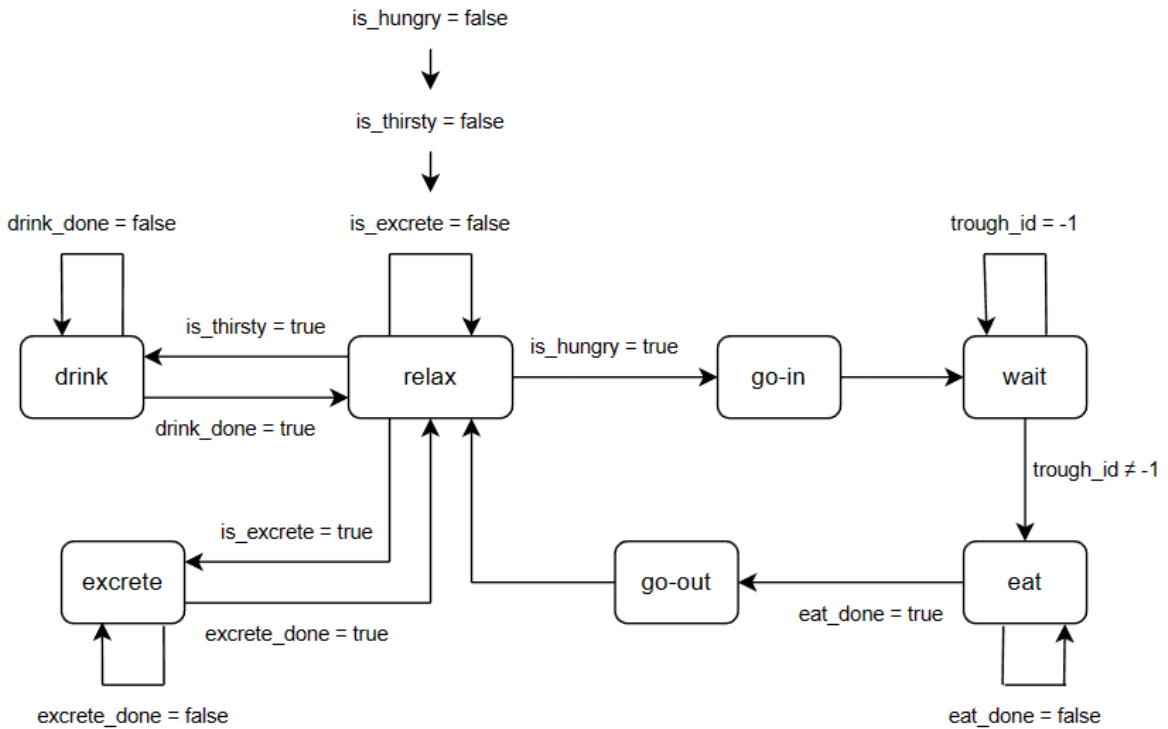


Hình 2.7: Máy trạng thái hành vi bài tiết.

phân bố đều. Sau khi kết thúc hành vi bài tiết, cá thể lợn quay trở lại khu vực nghỉ ngơi và chuyển về trạng thái nghỉ ngơi.

Mô hình hành vi toàn hệ thống Hình 2.8 là một mô hình máy trạng thái khi kết hợp toàn bộ các hành vi của lợn trong điều kiện bình thường. Máy trạng thái này được triển khai với ngôn ngữ GAML bằng cách sử dụng bảng trạng thái (Bảng 2.6).

Bảng 2.6 mô tả hành vi ăn của lợn được mô hình hóa thông qua các trạng thái được đánh số từ 0 đến 5. Hai hàm `relax_time` và `eat_time` được sử dụng để thiết lập khoảng thời gian chờ trước khi cá thể lợn thực hiện việc tính toán trạng thái tiếp theo. Việc xác định trạng thái tiếp theo dựa trên trạng thái hiện tại của lợn kết hợp với các hàm phân bố xác suất đã được trình bày ở phần các tham số mô hình



Hình 2.8: Máy trạng thái tổng hợp toàn bộ hành vi.

hóa. Hành vi uống nước của lợn bao gồm các trạng thái từ 5 đến 7, trong khi hành vi bài tiết được biểu diễn bởi các trạng thái 7 và 8. Các hàm xác định khoảng thời gian và trạng thái tiếp theo đối với hai hành vi này được thực hiện tương tự như đối với hành vi ăn. Sau khi kết thúc các hành vi tương ứng với trạng thái 7 hoặc 8, cá thể lợn sẽ quay trở lại trạng thái 0 và sẵn sàng bước vào chu trình hoạt động tiếp theo.

Bảng 2.6: Bảng trạng thái của lợn

ID	State	Duration	Next State
0	relax	relax_time	is_go_in: [0, 1]
1	go-in	0	2
2	wait	0	is_eat: [2, 3]
3	eat	eat_time	is_go_out: [4]
4	go-out	0	5
5	relax	satiety_time	is_drink: [6, 7]
6	drink	1	7
7	relax	0	is_excrete: [8, 0]
8	excrete	excrete_time	0

2.3.4 Mô hình lây lan dịch bệnh nội bầy đàn

2.3.4.1 Định nghĩa nguồn bệnh và tác tử mầm bệnh

Trên cơ sở những điểm mạnh của mô hình ABM cho thấy đây là mô hình thích hợp để mô phỏng dịch bệnh, do đó nghiên cứu sinh sử dụng mô hình này để mô phỏng quá trình lan truyền dịch bệnh trong hệ thống cho ăn chính xác. Trong quá trình chăn nuôi, lợn có thể bị nhiễm bệnh từ các nguồn sau:

- **Nguồn lây nhiễm từ thức ăn:** Nguyên liệu thô như hạt, bã hèm, bột cá và các loại thức ăn khác có thể chứa các tác nhân gây bệnh. Thức ăn đã được xử lý và đóng gói cũng có thể bị nhiễm bệnh trong quá trình sản xuất, vận chuyển hoặc lưu trữ. Các chất bảo quản như acid propionic và formic có thể được sử dụng để ngăn ngừa hư hỏng thực phẩm, tuy nhiên chúng cũng có thể ảnh hưởng đến sức khỏe của lợn. Ngoài ra, một số loại nấm mốc có thể phát triển trên thức ăn và tạo ra các độc tố gây bệnh cho lợn.
- **Nguồn lây nhiễm từ nước:** Nước ngầm có thể chứa các vi khuẩn gây bệnh như *E. coli* và *Salmonella*. Việc sử dụng nguồn nước này cho lợn uống có thể làm tăng nguy cơ lây nhiễm bệnh. Nước uống cũng có thể bị ô nhiễm bởi các chất hóa học từ nhiều nguồn khác nhau, chẳng hạn như phân bón, thuốc trừ sâu và các sản phẩm hóa học khác, gây ảnh hưởng tiêu cực đến sức khỏe vật nuôi. Ngoài ra, hệ thống cấp nước không được vệ sinh đúng cách, ví dụ như

đường ống bị ô nhiễm hoặc bể chứa nước không đảm bảo vệ sinh, cũng có thể trở thành nguồn lây nhiễm bệnh.

- **Lây nhiễm giữa các cá thể lợn:** Khi một cá thể lợn bị nhiễm bệnh, nó có thể trở thành nguồn lây nhiễm cho các cá thể khác trong trang trại. Một số bệnh như tả lợn, viêm phổi lở mủ, viêm phổi do PRRS, v.v. có thể lây lan từ lợn bệnh sang lợn khỏe mạnh thông qua đường hô hấp hoặc tiếp xúc trực tiếp với các chất dịch, phân và nước tiểu.

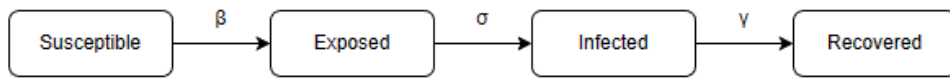
Trong quá trình lây nhiễm, các nguồn lây bệnh có thể xuất hiện và biến mất. Thời điểm xuất hiện và biến mất của các nguồn lây bệnh thường mang tính ngẫu nhiên và không thể xác định trước. Do đó, chương trình mô hình hóa các nguồn lây bệnh này dưới dạng các tác tử trong hệ thống mô phỏng, gọi là *mầm bệnh*.

Các mầm bệnh có thể xuất phát từ môi trường, chẳng hạn như thức ăn bị nhiễm nấm mốc, nguồn nước bị ô nhiễm hoặc các thiết bị chứa mầm bệnh, hoặc từ chính các cá thể lợn thông qua đường hô hấp hoặc các chất bài tiết của lợn bị nhiễm bệnh. Đối với các mầm bệnh xuất phát từ môi trường, hệ thống cài đặt thời gian xuất hiện và biến mất nhằm mô phỏng quá trình hình thành và tiêu hủy mầm bệnh trong môi trường tự nhiên. Đối với các mầm bệnh xuất phát từ lợn, tác tử mầm bệnh được tạo ra khi lợn bị nhiễm bệnh. Trong trường hợp lợn mắc bệnh truyền nhiễm qua đường hô hấp, tác tử mầm bệnh được cài đặt để theo dấu cá thể lợn. Ngược lại, đối với các bệnh truyền nhiễm qua đường tiêu hóa, các tác tử mầm bệnh được tạo ra khi lợn thực hiện hành vi bài tiết.

2.3.4.2 Mô hình lan truyền dịch bệnh SEIR

Nghiên cứu sinh sử dụng mô hình Susceptible Exposed Infected Removed (SEIR) để mô phỏng sự lây lan dịch bệnh trong trang trại. Mô hình SEIR là một mô hình toán học được sử dụng để mô tả sự lây lan của các bệnh truyền nhiễm trong một cộng đồng. Mô hình SEIR được sử dụng để dự đoán số lượng cá thể lợn bị nhiễm, số lượng lợn có thể tiếp xúc với bệnh và số lượng đã hồi phục sau khi bệnh lây lan trong trang trại. Một mô hình SEIR bao gồm bốn thành phần như trong Hình ??, 2.9 [70]:

Thứ tự trạng thái nhiễm bệnh của một cá thể lợn trong mô hình SEIR bắt đầu từ trạng thái *Susceptible*, sau đó chuyển sang *Exposed*, tiếp theo là *Infected* và cuối cùng là *Recovered*. Đối với các bệnh có tỉ lệ tử vong, trạng thái thứ tư được chia thành hai trường hợp: *Recovered*, biểu thị cá thể lợn hồi phục sau khi nhiễm bệnh, và *Removed*, biểu thị cá thể lợn tử vong và bị loại bỏ khỏi mô phỏng. Quá trình



Hình 2.9: Mô hình chuyển trạng thái trong mô hình SEIR.

chuyển đổi giữa các trạng thái được mô hình hóa như một biến ngẫu nhiên, phụ thuộc vào các tham số β , σ và γ . Trong mô hình SEIR, tại mỗi chu kỳ mô phỏng t (tính theo ngày), gọi số lợn đang ở trạng thái lây nhiễm là j , xác suất lây nhiễm được cập nhật theo Công thức 2.5.

Đối với một số bệnh, cá thể lợn có thể hồi phục hoặc tử vong. Trong trường hợp này, nghiên cứu của tôi sử dụng tham số μ để mô hình hóa xác suất tử vong của lợn. Nếu một cá thể lợn tử vong, tác tử đại diện cho cá thể đó sẽ bị loại bỏ khỏi hệ thống mô phỏng. Ngược lại, nếu cá thể lợn hồi phục sau khi nhiễm bệnh, nó sẽ hình thành một mức độ miễn dịch nhất định đối với một số tác nhân gây bệnh. Khi đó, nếu cá thể lợn này tiếp xúc trở lại với nguồn lây nhiễm tương ứng, mô hình SEIR sẽ không được kích hoạt lại cho cá thể này.

Trong các kịch bản mô phỏng được xây dựng trong nghiên cứu của nghiên cứu sinh, hệ thống được khởi tạo với toàn bộ các cá thể lợn ở thời điểm ban đầu đều ở trạng thái khỏe mạnh. Các mầm bệnh được thiết lập để xuất hiện và biến mất trong những khoảng thời gian xác định, nhằm phản ánh đặc điểm tồn tại hữu hạn của nguồn lây trong môi trường chăn nuôi thực tế.

Đối với các kịch bản mô phỏng bệnh không có khả năng lây nhiễm, thời gian lây nhiễm trung bình của đàn lợn được giả định bằng 0. Khi đó, tham số γ tiến tới vô cùng và xác suất chuyển trạng thái bằng 1. Vì vậy, trong trường hợp này, cá thể lợn sẽ chuyển trực tiếp từ trạng thái ủ bệnh (*Exposed*) sang trạng thái hồi phục (*Recovered*) mà không trải qua giai đoạn lây nhiễm (*Infected*).

Ngược lại, đối với các bệnh có khả năng lây nhiễm, ngay cả khi các mầm bệnh ban đầu được cài đặt trong môi trường đã biến mất, trong trang trại vẫn có thể tồn tại các nguồn lây nhiễm thứ cấp. Các nguồn lây này có thể bao gồm các tác tử mầm bệnh tồn tại trên cá thể lợn hoặc các tác tử được sinh ra từ cá thể lợn trong quá trình bài tiết. Những tác tử này tiếp tục tham gia vào cơ chế lây truyền và duy trì động lực lan truyền dịch bệnh trong hệ thống mô phỏng, tương tự như các nguồn lây ban đầu.

2.3.5 Cơ chế tích hợp mô phỏng cho ăn chính xác và SEIR

2.3.5.1 Xây dựng máy trạng thái hai lớp (Two-layer state machine)

Nghiên cứu sinh đề xuất một mô hình hai lớp nhằm mô phỏng quá trình nhiễm bệnh ở lợn dựa trên mô hình SEIR như Hình 2.10. Theo đó, mỗi cá thể lợn trong mô phỏng được biểu diễn đồng thời bởi (i) mô hình SEIR và (ii) máy trạng thái hành vi của lợn. Hai mô hình được tích hợp theo phương pháp xây dựng mô hình nhiều lớp, trong đó máy trạng thái hành vi đóng vai trò là lớp dưới tương tác trực tiếp với nền tảng mô phỏng để thể hiện hành vi và vị trí của lợn trên giao diện. Đồng thời, lớp này cung cấp các thông tin cơ bản của cá thể như định danh, vị trí, cân nặng, v.v. cho các lớp phía trên.

Ở lớp trên, mô hình SEIR chịu trách nhiệm mô tả trạng thái nhiễm bệnh của lợn. Mô hình này tổng hợp dữ liệu từ chính cá thể (thông qua lớp hành vi) và từ các yếu tố khác do hệ thống mô phỏng cung cấp để tính toán và cập nhật trạng thái bệnh theo thời gian. Ngoài ra, trạng thái bệnh có thể tác động ngược trở lại, làm thay đổi hành vi của lợn trong mô phỏng. Do các hành vi được thiết kế với điểm bắt đầu và kết thúc tại trạng thái nghỉ ngơi, việc chuyển đổi hành vi theo tình trạng bệnh có thể được thực hiện một cách thuận lợi và nhất quán.

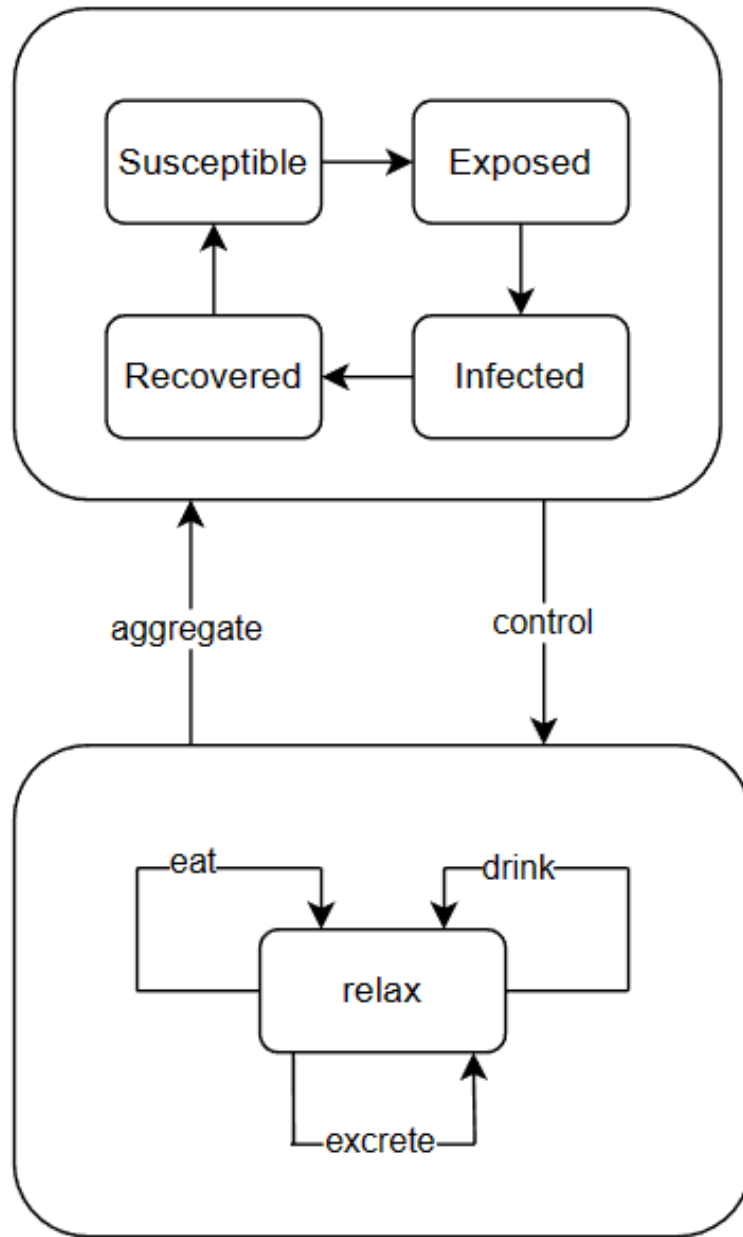
Hình 2.10 minh họa mô hình máy trạng thái hai lớp của tác tử lợn. Trước hết, một lớp tác tử lợn không nhiễm bệnh được xây dựng, trong đó chỉ bao gồm máy trạng thái mô tả các hành vi sinh hoạt của lợn. Lớp tác tử này có thể hoạt động độc lập mà không phụ thuộc vào mô hình SEIR ở tầng trên.

Trên cơ sở đó, lớp tác tử lợn có khả năng nhiễm bệnh được xây dựng bằng cách kế thừa từ lớp tác tử lợn không nhiễm bệnh. Các thông tin cơ bản của cá thể lợn cùng với các thông tin liên quan đến tác nhân gây bệnh được tổng hợp trong hàm *aggregate* nhằm xác định trạng thái bệnh của lợn tại mỗi chu kỳ mô phỏng. Tương ứng với từng trạng thái trong mô hình SEIR, hành vi của lợn có thể được điều chỉnh thông qua hàm *control*, từ đó làm thay đổi động lực hoạt động của tác tử lợn.

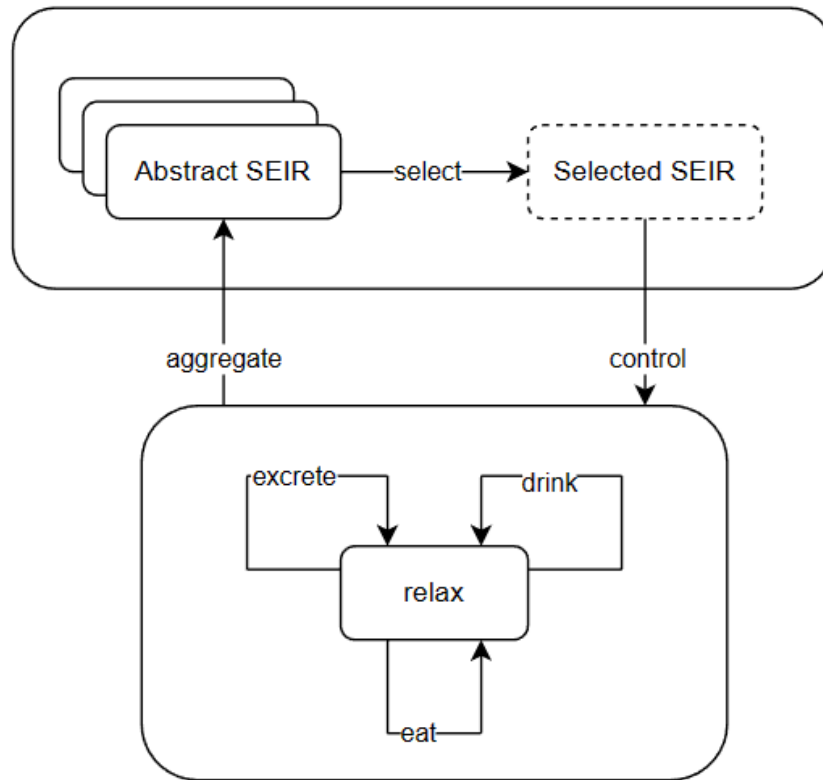
Những thay đổi trong hành vi của lợn cuối cùng được phản ánh trực tiếp trên giao diện trực quan của nền tảng mô phỏng, qua đó cho phép quan sát và phân tích mối liên hệ giữa trạng thái dịch tễ và hành vi của cá thể lợn trong hệ thống.

2.3.5.2 Mở rộng mô hình với nhiều tác nhân gây bệnh

Để mô phỏng kịch bản trong đó nhiều tác nhân gây bệnh đồng thời tác động lên cùng một cá thể lợn, nghiên cứu này tiếp tục sử dụng mô hình máy trạng thái hai lớp. Lớp thứ nhất mô tả các hành vi cơ bản của lợn, tương tự như trong mô hình



Hình 2.10: Mô hình máy trạng thái hai lớp.



Hình 2.11: Mô hình máy trạng thái hai lớp với nhiều yếu tố gây bệnh.

máy trạng thái hai lớp với một tác nhân gây bệnh duy nhất. Lớp thứ hai biểu diễn trạng thái bệnh của lợn và được cấu thành bởi nhiều mô hình SEIR con, trong đó mỗi mô hình SEIR tương ứng với một tác nhân gây bệnh cụ thể.

Các mô hình SEIR con khai thác dữ liệu từ lớp trạng thái hành vi cơ bản nhằm xác định trạng thái nhiễm bệnh của lợn đối với từng mầm bệnh một cách độc lập. Tuy nhiên, tại mỗi thời điểm mô phỏng, chỉ có một mô hình SEIR được phép tác động và điều khiển sự thay đổi hành vi của lợn. Để lựa chọn mô hình SEIR thực hiện vai trò điều khiển này, chương trình áp dụng một cơ chế bầu chọn dựa trên mức độ nghiêm trọng của các tác nhân gây bệnh, theo đó bệnh có mức độ nghiêm trọng cao hơn sẽ được ưu tiên lựa chọn.

Hình 2.11 minh họa mô hình máy trạng thái hai lớp trong trường hợp lợn chịu tác động đồng thời của nhiều yếu tố gây bệnh. Dữ liệu từ máy trạng thái hành vi của lợn được mỗi mô hình SEIR trừu tượng (*Abstract SEIR*) tổng hợp và xử lý một cách độc lập để cập nhật trạng thái dịch tễ tương ứng. Mô hình sử dụng hai hàng đợi ưu tiên, bao gồm hàng đợi ưu tiên chống chịu và hàng đợi ưu tiên phục hồi, nhằm hỗ trợ quá trình lựa chọn mô hình SEIR điều khiển hành vi. Cụ thể, khi một mô hình SEIR ở trạng thái ủ bệnh (*Exposed*) hoặc trạng thái truyền bệnh (*Infected*), mô hình đó được đưa vào hàng đợi ưu tiên chống chịu. Thứ tự trong hàng đợi được

sắp xếp theo mức độ nghiêm trọng của bệnh, trong đó các bệnh có biểu hiện lâm sàng nghiêm trọng hơn được ưu tiên cao hơn. Mức độ nghiêm trọng của từng bệnh được thiết lập dựa trên các dữ liệu và báo cáo thực tế. Hàm *select* có nhiệm vụ lựa chọn mô hình SEIR có mức độ nghiêm trọng lớn nhất để điều khiển lớp hành vi của lợn tại chu kỳ mô phỏng tương ứng.

Ngược lại, khi một mô hình SEIR chuyển sang trạng thái hồi phục (*Recovered*), mô hình đó được đưa vào hàng đợi ưu tiên phục hồi. Trên cơ sở hai hàng đợi này, chương trình thực hiện tính toán các hệ số chống chịu và phục hồi của lợn, phản ánh tác động tổng hợp của nhiều tác nhân gây bệnh lên trạng thái sinh lý và hành vi của cá thể.

Mô hình máy trạng thái hai lớp với nhiều yếu tố gây bệnh được thiết kế nhằm đảm bảo khả năng hoạt động ổn định ngay cả trong trường hợp không tồn tại mô hình SEIR nào trong các hàng đợi ưu tiên, qua đó tăng tính linh hoạt và tổng quát của khung mô phỏng.

Các tác nhân gây bệnh có thể tác động trực tiếp hoặc gián tiếp đến lượng thức ăn thu nhận hằng ngày của lợn thông qua nhiều cơ chế sinh lý và hành vi khác nhau. Một số bệnh lý như tiêu chảy, viêm ruột, nhiễm trùng hoặc các rối loạn tiêu hóa thường làm suy giảm cảm giác thèm ăn, dẫn đến việc giảm lượng thức ăn tiêu thụ và kéo theo sự sụt giảm khối lượng cơ thể. Bên cạnh đó, các trạng thái bệnh lý hoặc stress kéo dài có thể gây mất khẩu vị, làm gián đoạn nhịp ăn uống bình thường của lợn.

Ngoài ảnh hưởng đến hành vi ăn, nhiều bệnh lý còn làm suy giảm khả năng hấp thụ và chuyển hóa chất dinh dưỡng. Các bệnh như viêm gan, viêm túi mật, viêm dạ dày hoặc các rối loạn tiêu hóa khác có thể làm giảm hiệu quả hấp thụ thức ăn, dẫn đến thất thoát năng lượng và dinh dưỡng ngay cả khi lượng thức ăn tiêu thụ không thay đổi đáng kể. Đồng thời, các bệnh hô hấp, tim mạch, rối loạn nội tiết hoặc bệnh chuyển hóa có thể ảnh hưởng đến quá trình sử dụng và phân bố năng lượng trong cơ thể lợn.

Nhìn chung, các yếu tố gây bệnh thường tác động đến lợn theo xu hướng làm giảm lượng thức ăn thu nhận hằng ngày và hoặc làm suy giảm hiệu quả sử dụng thức ăn. Do đó, trong mô hình mô phỏng, ảnh hưởng của trạng thái bệnh cần được tích hợp như một cơ chế điều chỉnh hành vi ăn nhằm phản ánh sát hơn tác động của bệnh lý đến sinh trưởng và hiệu quả chăn nuôi.

2.4 Thực nghiệm đánh giá và Kết quả

2.4.1 Kịch bản mô phỏng

Để đánh giá mô hình mô phỏng nghiên cứu sinh thực hiện sử dụng mô hình này triển khai bảy kịch bản lây nhiễm bệnh khác nhau trong hệ thống cho ăn chính xác nhằm đánh giá tác động của các tác nhân gây bệnh đến hành vi ăn và tình trạng sức khỏe của đàn lợn. Kịch bản thứ nhất mô phỏng đàn lợn trong điều kiện lý tưởng, không chịu ảnh hưởng của bất kỳ tác nhân gây bệnh nào, và được thiết kế tương tự như mô hình chuẩn được trình bày trong [95].

Bốn kịch bản tiếp theo tập trung mô phỏng trường hợp đàn lợn chịu tác động của tác nhân gây bệnh xuất phát từ nguồn thức ăn. Trong các kịch bản này, thức ăn được giả định bị nhiễm độc tố nấm mốc (mycotoxins) tại các thời điểm được xác định trước trong suốt quá trình mô phỏng. Mycotoxins là các chất chuyển hóa thứ cấp do nấm mốc sinh ra, thường xuất hiện trên các loại ngũ cốc như ngô, lúa mì và đậu tương. Việc tiêu thụ thức ăn nhiễm mycotoxins có thể làm suy giảm lượng thức ăn hấp thụ, giảm tốc độ tăng trưởng và ảnh hưởng tiêu cực đến sức khỏe tổng thể của lợn.

Trong số các loại độc tố nấm mốc, nhóm trichothecene, đặc biệt là deoxynivalenol (DON), được ghi nhận có tác động nghiêm trọng đến lợn do khả năng chuyển hóa và giải độc DON của loài này còn hạn chế. Vì vậy, DON được lựa chọn làm tác nhân đại diện trong các kịch bản mô phỏng nhằm phản ánh sát hơn các điều kiện rủi ro thường gặp trong thực tế chăn nuôi.

Kịch bản thứ sáu mô phỏng đàn lợn chịu tác động của dịch tả lợn, trong đó đặc điểm nổi bật là bệnh có khả năng lây truyền giữa các cá thể trong đàn. Kịch bản này cho phép đánh giá động lực lây lan của bệnh truyền nhiễm và tác động tổng hợp của bệnh lên hành vi ăn cũng như trạng thái sức khỏe của lợn trong hệ thống cho ăn chính xác.

Kịch bản cuối cùng được xây dựng nhằm mô phỏng trường hợp đàn lợn đồng thời chịu ảnh hưởng của nhiều nguồn tác nhân gây bệnh khác nhau, bao gồm vi khuẩn tồn tại trong nguồn nước uống và nấm mốc từ nguồn thức ăn. Kịch bản này phản ánh bối cảnh chăn nuôi thực tế, nơi các yếu tố gây bệnh thường không xuất hiện riêng lẻ mà có thể đồng thời tác động lên đàn vật nuôi, từ đó làm gia tăng mức độ phức tạp trong quá trình đánh giá rủi ro và hiệu quả quản lý dịch bệnh.

Năm kịch bản đầu tiên được đánh giá dựa trên bộ dữ liệu thực nghiệm, trong đó lượng thức ăn hằng ngày DFI, lượng thức ăn tích lũy CFI và cân nặng của từng cá thể lợn được đo đạc và lưu trữ tự động bởi hệ thống máy tính. Dữ liệu thực nghiệm

này được thu thập từ nghiên cứu của các tác giả trong [95], nhằm đánh giá tác động của độc tố nấm mốc mycotoxins trong khẩu phần ăn của lợn.

Thử nghiệm được tiến hành trên 155 cá thể lợn đang sinh trưởng, có khối lượng cơ thể ban đầu xấp xỉ 50 kg, trong khoảng thời gian từ 99 đến 154 ngày tuổi. Toàn bộ đàn lợn được chia thành bốn nhóm thí nghiệm, bao gồm một nhóm đối chứng và ba nhóm bị thử thách bởi độc tố deoxynivalenol (DON), cụ thể như sau: CC (Control–Control) là nhóm đối chứng, trong đó lợn được nuôi trong điều kiện bình thường và sử dụng khẩu phần thức ăn không nhiễm DON trong suốt quá trình thí nghiệm; DC (DON–Control) là nhóm lợn được cho ăn khẩu phần nhiễm DON trong giai đoạn sớm của thí nghiệm (từ 113 đến 119 ngày tuổi), sau đó quay lại khẩu phần bình thường; CD (Control–DON) là nhóm lợn chỉ bị thử thách DON trong giai đoạn muộn (từ 134 đến 140 ngày tuổi); và DD (DON–DON) là nhóm lợn bị thử thách DON trong cả hai giai đoạn sớm và muộn của thí nghiệm.

Đối với các nhóm bị thử thách, thời gian tiếp xúc với khẩu phần ăn nhiễm DON kéo dài 7 ngày cho mỗi giai đoạn. Ngoài các khoảng thời gian này, lợn vẫn được nuôi dưỡng bằng khẩu phần tiêu chuẩn. Tất cả các cá thể lợn được nuôi trong cùng một khu chuồng, tuy nhiên các nhóm có và không bị thử thách được bố trí ở các khu vực riêng biệt nhằm hạn chế nguy cơ lây nhiễm chéo. Thức ăn được cung cấp tự do trong suốt quá trình thí nghiệm, và lượng thức ăn tiêu thụ của từng cá thể được ghi nhận hàng ngày thông qua hệ thống máng ăn tự động.

Riêng với hai kịch bản cuối cùng mô phỏng nhiều tác nhân gây bệnh và mô phỏng dịch bệnh ASF được thiết kế nhằm đánh giá khả năng tái hiện động lực lây lan trong nội bầy đàn. Do hiện chưa tồn tại bộ dữ liệu thực nghiệm nội bầy đàn ASF chi tiết và quy mô lớn tại Việt Nam (vì lý do an toàn sinh học và chi phí thí nghiệm cao), luận án sử dụng dữ liệu giả lập được xây dựng dựa trên các tham số dịch tễ học đáng tin cậy từ tài liệu quốc tế kết hợp với đặc thù chăn nuôi lợn Việt Nam. Việc sử dụng dữ liệu giả lập vẫn đảm bảo tính khoa học trong nghiên cứu mô phỏng ABM, cho phép kiểm soát chặt chẽ các biến số, thực hiện lặp lại nhiều lần và phân tích độ nhạy tham số một cách có hệ thống. Mặc dù chưa có nghiên cứu trước đây sử dụng cùng kịch bản cơ sở để so sánh trực tiếp, cách tiếp cận này vẫn đảm bảo tính logic nội tại của mô hình và cung cấp nền tảng vững chắc để đánh giá hiệu quả các chiến lược can thiệp.

2.4.2 Tiêu chí đánh giá

Dựa trên lượng thức ăn tiếp nhận gồm lượng thức ăn hàng ngày, lượng thức ăn tích lũy của lợn qua các kịch bản thông qua tính toán các tham số như: hệ số chống

chịu và hệ số phục hồi, hệ số tương quan nhằm đánh giá độ tin cậy của mô hình mô phỏng. Lượng thức ăn tiếp nhận hằng ngày của lợn là một đại lượng ngẫu nhiên. Những con lợn trong cùng một phiên bản thực nghiệm có trạng thái ban đầu gần tương tự nhau thì lượng thức ăn tiếp nhận hằng ngày cũng hoàn toàn khác nhau trong suốt quá trình chăn nuôi. DFI của một con lợn độc lập với DFI của các con lợn khác. Đối với mô phỏng, để khách quan nhất, khi xem xét một tác tử đại diện cho một cá thể lợn thì lượng thức ăn tiếp nhận hằng ngày của các tác tử này cũng phải ít tương quan so với lượng thức ăn hằng ngày của cá thể lợn trong thực tế. Điều này giúp đảm bảo tính ngẫu nhiên trong quá trình tiếp nhận thức ăn ở lợn và tránh tình trạng overfitting giữa hai tập dữ liệu. Hai biến càng ít tương quan khi giá trị hệ số tương quan càng gần 0. Hệ số tương quan của DFI được lấy giá trị tuyệt đối và so sánh trong đoạn 0 đến 1 để đánh giá độ tương quan. Khoảng đánh giá được thể hiện như bảng 2.7 với ở mức độ tương đối.

Bảng 2.7: Bảng hệ số mức độ tương quan

STT	Giá trị tuyệt đối của r	Mức độ tương quan
1	$r < 0.25$	Không có quan hệ
2	$0.25 \leq r < 0.5$	Có mối quan hệ yếu
3	$0.5 \leq r < 0.75$	Có mối quan hệ trung bình
4	$r \geq 0.75$	Có mối quan hệ chặt chẽ

Mức độ tương quan giữa hai biến thường được đánh giá dựa trên giá trị tuyệt đối của hệ số tương quan r , trong đó $|r| > 0,75$ thường được xem là tương quan mạnh. Tuy nhiên, ngưỡng đánh giá này phụ thuộc vào bối cảnh và lĩnh vực ứng dụng. Trong y sinh, các mối tương quan ở mức trung bình hoặc thấp (ví dụ $r \approx 0,3$) vẫn có thể mang ý nghĩa thực tiễn quan trọng, trong khi ở các lĩnh vực kỹ thuật có yêu cầu an toàn cao, ngưỡng chấp nhận thường nghiêm ngặt hơn và các giá trị rất cao (ví dụ $r \geq 0,95$) vẫn có thể chưa đủ để đảm bảo độ tin cậy. Đối với ứng dụng mô phỏng trong chăn nuôi chính xác, yêu cầu về hệ số tương quan nằm giữa hai cực này; do đó, việc xác định và diễn giải mức độ tương quan theo các ngưỡng phân loại trình bày trong Bảng 2.7 được xem là phù hợp với mục tiêu nghiên cứu.

2.4.3 Phương pháp thực nghiệm

Trong nghiên cứu của nghiên cứu sinh có bảy kịch bản mô phỏng thì bốn kịch bản được so sánh với dữ liệu thực tế để đánh giá tính chính xác, hai kịch bản còn lại được phân tích và rút ra đặc điểm nổi bật đặc biệt trong lan truyền dịch bệnh.

Các kịch bản CC, DC, CD và DD mô phỏng thử nghiệm thức ăn của lợn nhiễm mycotoxins. Các kịch bản này được cài đặt với các tham số đầu vào tương tự như thử nghiệm thực tế. Thời điểm phát tán bệnh và thời gian tồn tại của bệnh cũng được mô phỏng giống với thực tế. Vì vậy, các kịch bản này được sử dụng để đánh giá độ chính xác của bộ mô phỏng so với thực tế. Các thông số được đánh giá bao gồm DFI và CFI. Phương pháp đánh giá là tiến hành chạy mô phỏng nhiều lần, sau mỗi lần chạy thực hiện tính hệ số tương quan theo công thức (2.13) giữa kết quả mô phỏng và dữ liệu thực tế. Bên cạnh việc so sánh các hệ số DFI và CFI, phần thực hiện còn thực hiện thống kê và phân tích các thông số liên quan đến mô hình truyền nhiễm của mỗi kịch bản. Với mỗi kịch bản, chương trình thực hiện mô phỏng 20 lần. Kết quả mỗi lần mô phỏng được thực hiện so sánh. Sau mỗi lần mô phỏng thì nghiên cứu sinh phân tích tính giá trị trung bình của hệ số tương quan của tất cả các lần mô phỏng trước đó và lần mô phỏng hiện tại. Kết thúc quá trình mô phỏng thì vẽ biểu đồ biểu diễn sự thay đổi của hệ số tương quan khi tăng số lần mô phỏng. Từ biểu đồ hệ số tương quan và dựa trên cơ sở Bảng 2.7 có thể rút ra được giá trị tương quan chính xác nhất. Giá trị tương quan này đại diện cho độ chính xác của hệ thống mô phỏng.

Một kịch bản mô phỏng gồm 20 con lợn. Mô hình trang trại, quy trình chăn nuôi và hoạt động của lợn được mô phỏng lại sao cho giống nhất với các phiên bản trong kịch bản thực tế. Một kịch bản trong bộ mô phỏng tương ứng với một phiên bản trong thực tế.

2.4.4 Hệ số chống chịu và hệ số phục hồi

Nghiên cứu sinh tiến hành thí nghiệm với kịch bản chế độ ăn nhiễm DON. Sự thay đổi trong lượng thức ăn tiếp nhận của lợn ở mỗi kịch bản có sự khác biệt với nhau [95]. Nhìn chung, quy trình thử nghiệm phát hiện những sai lệch trong CFI cho tất cả các nhóm, ngay cả trong nhóm CC. Tuy nhiên, độ lớn độ lệch trong nhóm CC là rất nhỏ. Đối với các kịch bản có sự tác động của DON thì độ sai lệch trong CFI lớn hơn và dễ nhận biết hơn. Dựa vào kết quả thu thập được và qua phân tích tính toán thì hệ số chống chịu và hệ số phục hồi của mỗi kịch bản DON được ước lượng như trong Bảng 2.8.

Từ Bảng 2.8 có thể nhận thấy sự khác biệt rõ rệt giữa hệ số chống chịu và hệ số phục hồi của kịch bản DD tại ngày thứ 14 và ngày thứ 35. Cụ thể, hệ số chống chịu của các kịch bản DC và DD tại ngày thứ 14 đều đạt giá trị lớn nhất ($k_1 = 0.46$), cho thấy mức độ suy giảm lượng thức ăn cao nhất. Kịch bản CD có hệ số chống chịu đứng thứ hai ($k_1 = 0.42$), trong khi kịch bản DD tại ngày thứ 35 có hệ số chống

Bảng 2.8: Hệ số chống chịu và hệ số phục hồi của các kịch bản DON

STT		DC	CD	DD (ngày thứ 14)	DD (ngày thứ 35)
1	k_1	0.46	0.42	0.46	0.31
2	k_2	0.81	1.59	0.90	2.36

chịu nhỏ nhất ($k_1 = 0.31$).

Sự khác biệt này có thể được giải thích như sau. Thứ nhất, ở các kịch bản DC và DD tại ngày thứ 14, đàn lợn đang ở giai đoạn đầu của quá trình sinh trưởng nên hệ miễn dịch chưa phát triển hoàn thiện. Do đó, tác nhân gây bệnh có ảnh hưởng mạnh đến khả năng tiếp nhận thức ăn, dẫn đến hệ số chống chịu cao và lượng thức ăn tiêu thụ hàng ngày giảm đáng kể. Thứ hai, trong kịch bản CD, lợn bị nhiễm bệnh ở giai đoạn muộn hơn, khi thể trạng và sức đề kháng đã được cải thiện, nên mức độ ảnh hưởng của tác nhân gây bệnh giảm xuống, phản ánh qua hệ số chống chịu nhỏ hơn. Cuối cùng, hệ số chống chịu thấp nhất ở kịch bản DD tại ngày thứ 35 cho thấy lợn đã từng tiếp xúc với tác nhân gây bệnh trước đó, từ đó hình thành khả năng thích nghi và đề kháng tốt hơn; đồng thời, lợn ở giai đoạn này cũng đã trưởng thành hơn về mặt sinh lý.

Đối với hệ số phục hồi k_2 , kịch bản DC có giá trị nhỏ nhất ($k_2 = 0.81$), tiếp theo là kịch bản DD tại ngày thứ 14 ($k_2 = 0.9$). Kịch bản CD có hệ số phục hồi lớn hơn ($k_2 = 1.59$), trong khi kịch bản DD tại ngày thứ 35 đạt giá trị cao nhất ($k_2 = 2.36$). Sự khác biệt này phản ánh sự khác nhau về thể trạng ban đầu và mức độ thích nghi của đàn lợn giữa các kịch bản. Cụ thể, đàn lợn trong kịch bản DD tại ngày thứ 14 có khả năng hồi phục tốt hơn so với kịch bản DC, nhiều khả năng do khác biệt về điều kiện sinh trưởng và thể chất ban đầu. Trong kịch bản CD, việc nhiễm bệnh xảy ra ở giai đoạn muộn giúp lợn duy trì thể trạng tốt hơn và phục hồi hiệu quả hơn sau khi bị tác động. Cuối cùng, hệ số phục hồi cao nhất của kịch bản DD tại ngày thứ 35 cho thấy tác động của khả năng miễn dịch thu được từ lần phơi nhiễm trước, giúp lợn ít bị ảnh hưởng bởi bệnh và rút ngắn đáng kể thời gian hồi phục.

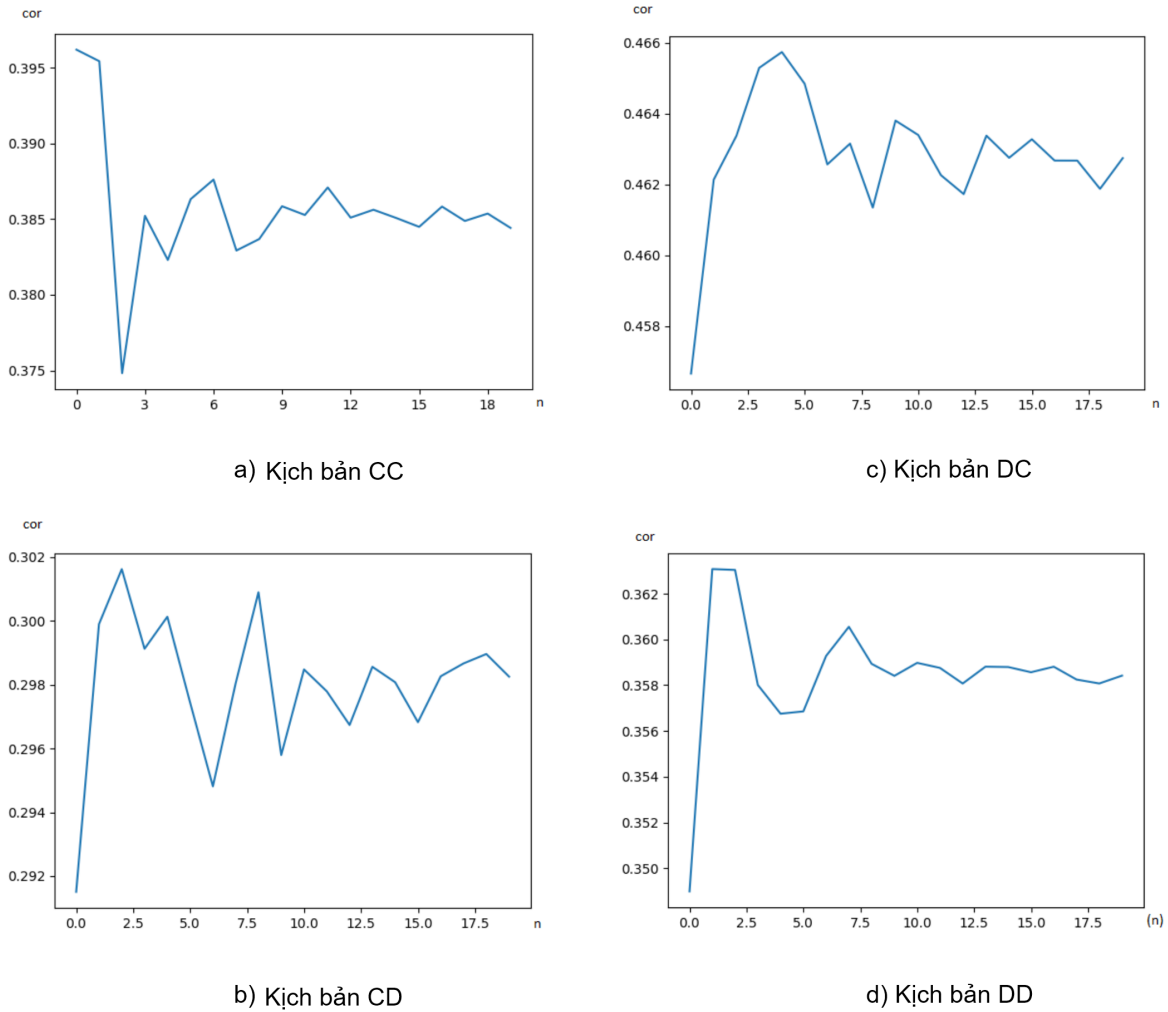
Các kết quả thực nghiệm cho thấy sự tương đồng rõ rệt về xu hướng giữa dữ liệu mô phỏng và dữ liệu thực tế, mặc dù vẫn tồn tại một số độ lệch nhất định. Tuy nhiên, mô hình vẫn tái hiện đầy đủ các hành vi sinh học và độc lực của tác nhân gây bệnh, chứng tỏ tính khả thi trong việc hỗ trợ phát hiện và cảnh báo sớm dịch bệnh trên đàn lợn.

2.4.5 Hệ số tương quan DFI trong các kịch bản mô phỏng CC, DC, CD, DD

Nghiên cứu sinh thực hiện quá trình mô phỏng và tính toán với bốn kịch bản thu được đồ thị hệ số tương quan DFI trung bình sau 20 lần mô phỏng được thể hiện trong Hình 2.12. Có thể thấy hệ số tương quan này dần hội tụ tại một giá trị khi tăng số lần mô phỏng điển hình kịch bản CC. Tại lần mô phỏng thứ 20 thì giá trị hệ số tương quan bằng 0.384 như Hình 2.12-a. Đây có thể được coi là giá trị hệ số tương quan cho lượng thức ăn tiếp nhận hằng ngày của lợn trong kịch bản CC. Hay tương tự tương quan DFI của kịch bản DC trong Hình 2.12-c lớn hơn so với hệ số tương quan trong kịch bản CC. Giá trị trung bình sau 20 lần mô phỏng bằng 0.465. Mức độ sai lệch giảm dần từ 0.01 xuống 0.001 khi tăng số lần mô phỏng. Với giá trị bằng 0.465 thì mức độ tương quan DFI của kịch bản DC vẫn nằm trong khoảng mối quan hệ yếu.

Nhìn chung từ đồ thị, với tất cả các kịch bản có thể thấy hệ số tương quan này dần hội tụ tại một giá trị khi tăng số lần mô phỏng. Tại lần mô phỏng thứ 20 thì giá trị hệ số tương quan DFI dần hội tụ về giá trị 0.384 với kịch bản CC, 0.465 với DC, 0.298 với CD, 0.359 với DD. Nghiên cứu sinh hiện tính giá trị tuyệt đối giữa tất cả hệ số tương quan trong biểu đồ trừ hệ số tương quan cuối cùng hội tụ trong tất cả 4 kịch bản giá trị sai lệch giảm dần từ 0.01 xuống 0.001. Điều này cho thấy hệ số tương quan DFI dần hội tụ về giá trị cuối cùng. Sau 20 lần mô phỏng thì độ sai lệch của hệ số tương quan bằng 0.001.

Có thể thấy hệ số tương quan DFI trong cả bốn kịch bản đều nằm trong khoảng 0.25 đến 0.5. Kết quả cho thấy mức độ liên kết giữa DFI mô phỏng và DFI thực tế là yếu. Dữ liệu DFI là một quá trình sinh ngẫu nhiên vì trong một ngày thì lợn sẽ ăn một lượng thức ăn ngẫu nhiên. Vì vậy, nếu mối tương quan giữa hai nguồn dữ liệu DFI càng thấp thì quá trình sinh ngẫu nhiên càng chính xác. Bộ mô phỏng có hệ số tương quan nằm trong khoảng mức quan hệ yếu do đó hầu như không có mối quan hệ giữa DFI mô phỏng và DFI thực tế. Vì vậy, quá trình sinh dữ liệu DFI của bộ mô phỏng tương đối chính xác.

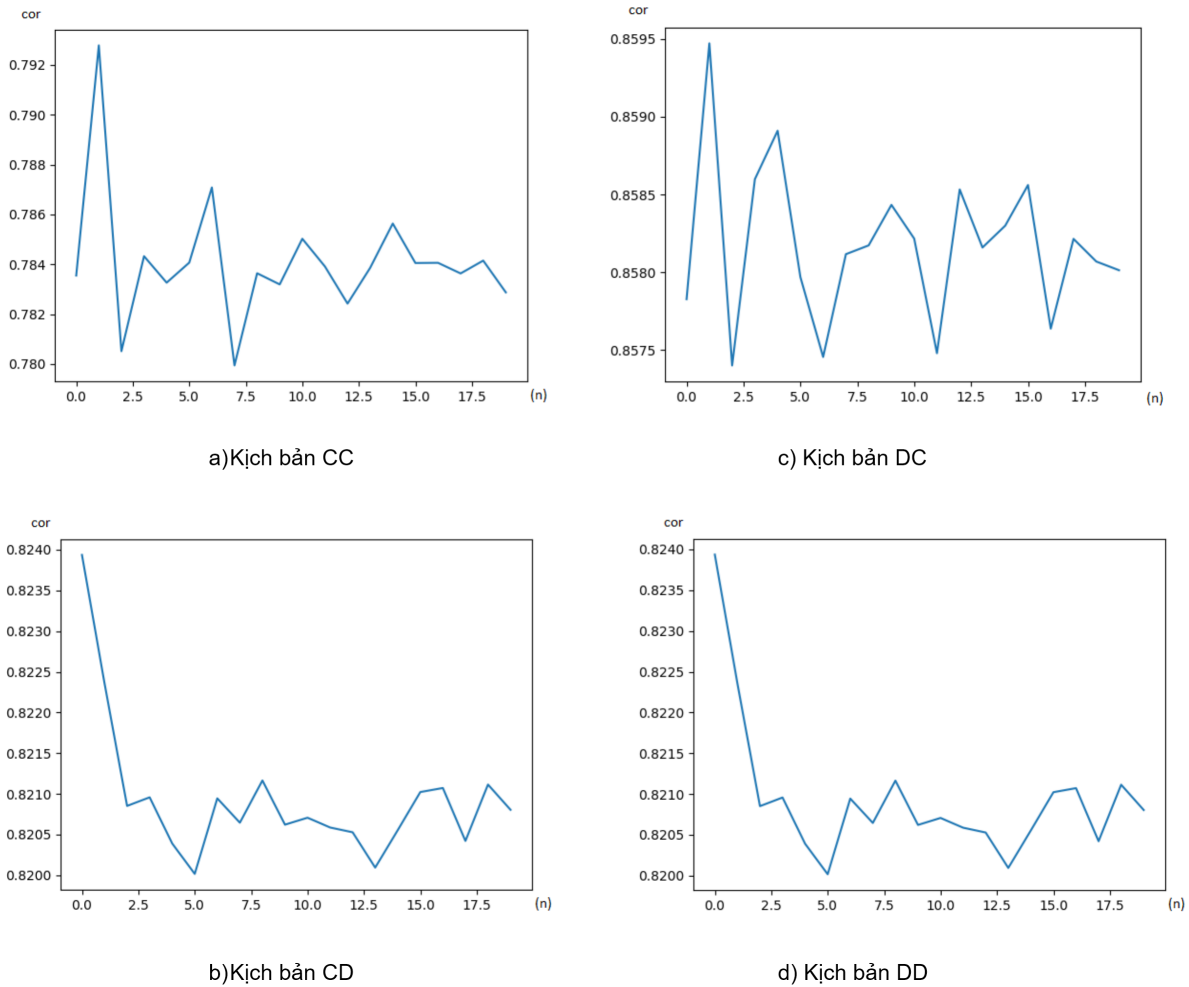


Hình 2.12: Đồ thị hệ số tương quan của DFI và số lần mô phỏng.

2.4.6 Hệ số tương quan CFI của bốn kịch bản CC, DC, CD và DD

Nghiên cứu sinh áp dụng quy trình tính toán tương tự như khi đánh giá hệ số DFI dựa trên công thức 2.14. Sau mỗi lần mô phỏng, giá trị hệ số tương quan được cập nhật bằng cách lấy trung bình giữa kết quả của các lần mô phỏng trước đó và kết quả của lần mô phỏng hiện tại. Các giá trị trung bình này sau đó được tổng hợp để xây dựng đồ thị tương quan của hệ số DFI. Đồ thị tương quan hệ số CFI tương ứng với các kịch bản CC, DC, CD và DD lần lượt được trình bày trong Hình 2.13 là 0.783, 0.858, 0.595 và 0.821.

Hình 2.13-a biểu diễn đồ thị hệ số tương quan của kịch bản CC. Đồ thị cho thấy giá trị hệ số tương quan biến động trong khoảng 0.78 đến 0.792. Giá trị hệ số tương quan dần hội tụ ở 0.783 tại lần mô phỏng thứ 20. So sánh với bản mỗi liên kết thì



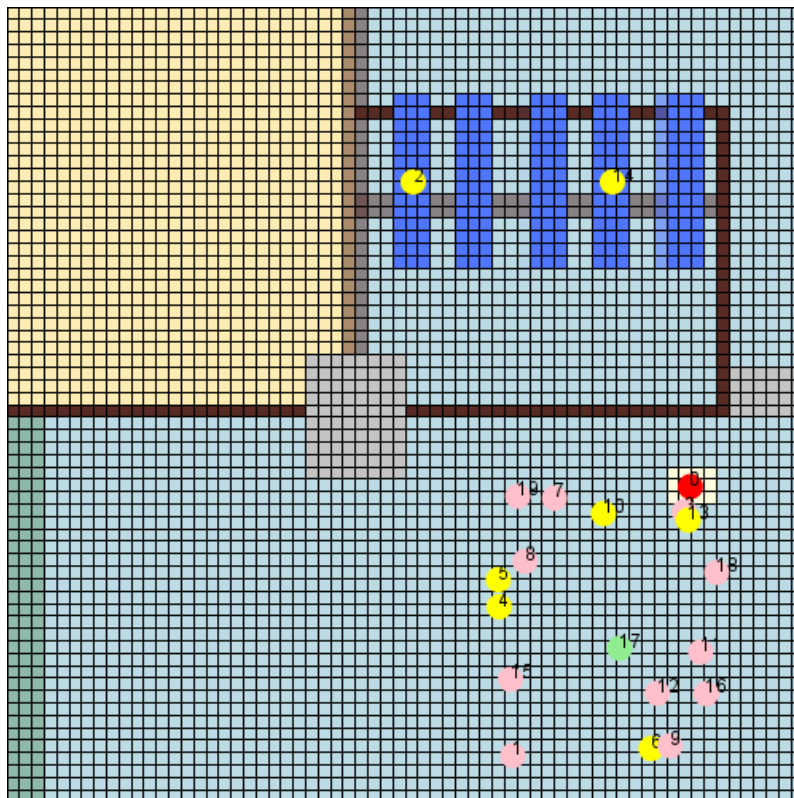
Hình 2.13: Đồ thị hệ số tương quan của CFI và số lần mô phỏng.

hệ số tương quan giữa CFI mô phỏng và CFI thực tế nằm ở khoảng liên kết mạnh. Điều này cho thấy dữ liệu CFI mô phỏng có tính tương đồng cao so với dữ liệu CFI thực tế. Vì vậy bộ mô phỏng thể hiện tương đối chính xác giá trị CFI. Nếu coi hệ số tương quan có giá trị 1 là 100% chính xác thì bộ mô phỏng có tính chính xác bằng 78,3% so với thực tế. Đối với kịch bản DC 2.13-c, hệ số tương quan giao động trong khoảng 0.8575 đến 0.8595. Giá trị hệ số tương quan dần hội tụ tại 0.858. Giá trị hệ số tương quan này cũng nằm trong khoảng liên kết mạnh. hệ số tương quan cho kịch bản CD như trong Hình 2.13-b. Hệ số tương quan trong kịch bản này thấp nhất trong bốn kịch bản và có độ biến động cao. Giá trị hệ số tương quan nằm trong khoảng 0.59 đến 0.62. Hệ số tương quan dần hội tụ tại giá trị 0.595. Hệ số tương quan nằm trong khoảng mỗi liên kết trung bình từ 0.5 đến 0.75. Kịch bản cuối cùng DD có giá trị tương quan trung bình nằm trong khoảng liên kết mạnh Hình 2.13-d. Giá trị tương quan giao động trong khoảng 0.82 đến 0.824 và dần hội tụ tại giá trị 0.821.

Tóm lại, bốn kịch bản mô phỏng có hệ số tương quan thuộc mối quan hệ trung bình và mạnh. Hệ số tương quan thấp nhất bằng 0.595 tại kịch bản CD và cao nhất bằng 0.858 ở kịch bản DC. Trung bình toàn bộ hệ số tương quan của bốn kịch bản bằng 0.764. Giá trị hệ số tương quan trung bình nằm trong khoảng mối liên kết mạnh. Có thể kết luận rằng ứng dụng mô phỏng khá chính xác giá trị CFI so với thực tế. Độ chính xác của giá trị CFI trung bình ở cả bốn kịch bản bằng 76.4%.

2.4.7 Kịch bản mô phỏng dịch bệnh AFS

Kịch bản này được xây dựng nhằm đánh giá khả năng mô phỏng các bệnh truyền nhiễm của khung mô phỏng. Trong kịch bản, một tác tử gây bệnh được khởi tạo vào ngày thứ 10 tại một vị trí ngẫu nhiên trong khu vực nghỉ ngơi của đàn lợn. Tác tử này được gán hệ số lây nhiễm b , với giá trị được lấy ngẫu nhiên trong khoảng từ 0.402 đến 1.85 tại thời điểm bắt đầu mô phỏng. Tác tử gây bệnh tồn tại trong thời gian hai ngày và tự động bị loại bỏ khỏi môi trường sau khoảng thời gian này. Khi một cá thể lợn bị nhiễm bệnh, nó lần lượt trải qua đầy đủ bốn trạng thái trong mô hình SEIR. Ở giai đoạn truyền nhiễm, lợn được giả định ở trạng thái bệnh nặng, ngừng ăn uống và chỉ duy trì hành vi nằm nghỉ tại khu vực nghỉ ngơi. Xác suất tử vong của bệnh được thiết lập ở mức 0.4, tương ứng với 40%.



Hình 2.14: Giao diện mô phỏng lan truyền dịch bệnh.

Trong trường hợp lợn chết, tác tử đại diện cho cá thể đó sẽ bị loại bỏ khỏi hệ thống mô phỏng. Các cá thể lợn hồi phục sau khi nhiễm bệnh sẽ có khả năng miễn dịch trong thời gian một năm. Trong kịch bản này, hệ số chống chịu được kích hoạt khi lợn ở trạng thái phơi nhiễm (Exposed) và trạng thái truyền nhiễm (Infected), trong khi hệ số phục hồi được áp dụng sau khi lợn kết thúc giai đoạn truyền nhiễm. Hình 2.14 minh họa trạng thái của mô phỏng tại ngày thứ 15, tức năm ngày sau khi tác tử gây bệnh được khởi tạo. Hình thể hiện phân bố các cá thể lợn tương ứng với bốn trạng thái dịch tễ: chưa nhiễm bệnh, phơi nhiễm, đang truyền nhiễm và đã hồi phục.

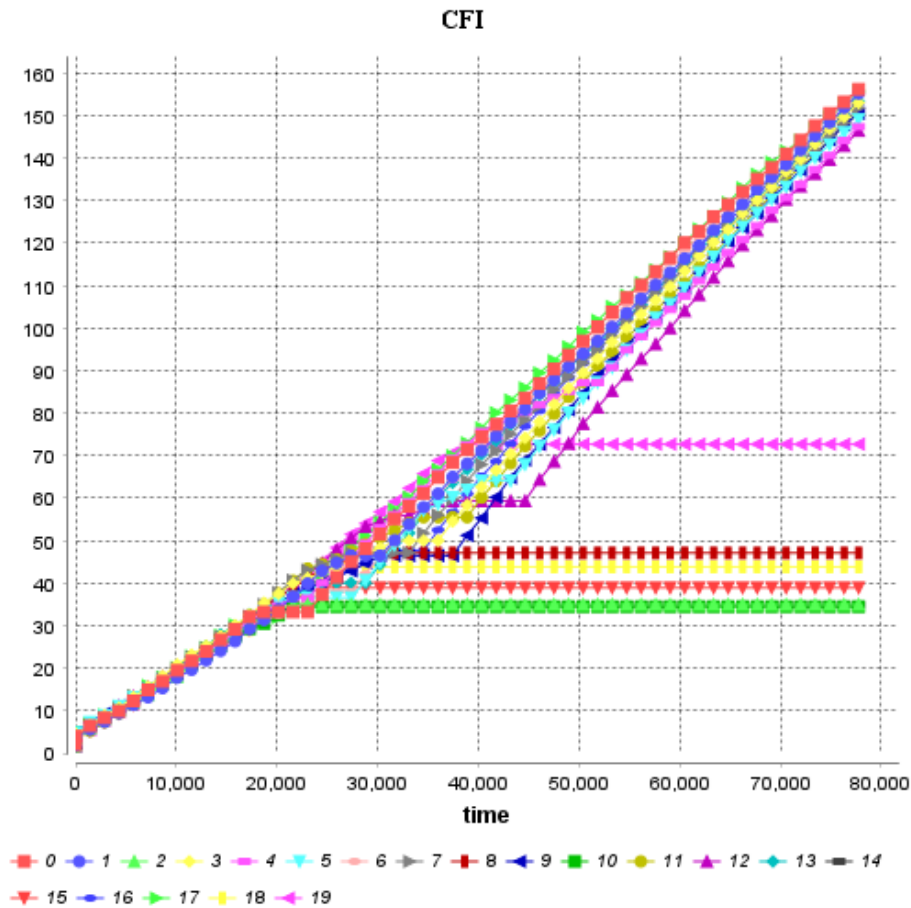
Các cá thể chưa nhiễm bệnh được biểu diễn bằng màu hồng, cá thể ở trạng thái phơi nhiễm bằng màu vàng và cá thể đã hồi phục bằng màu xanh. Đối với các nhóm này, hành vi của lợn nhìn chung vẫn duy trì ở trạng thái bình thường. Tuy nhiên, các cá thể ở trạng thái phơi nhiễm có xu hướng gia tăng số lần bài tiết trong ngày và giảm lượng thức ăn tiếp nhận. Ngược lại, các cá thể đã hồi phục cho thấy sự gia tăng dần lượng thức ăn tiêu thụ theo cơ chế chống chịu–phục hồi được mô hình hóa.

Các cá thể đang ở trạng thái truyền nhiễm được biểu diễn bằng màu đỏ thể hiện sự thay đổi rõ rệt về hành vi: lợn ngừng ăn uống và chủ yếu nằm yên tại khu vực nghỉ ngơi. Vùng màu vàng bao quanh các cá thể này biểu diễn phạm vi lây nhiễm, trong đó các cá thể lợn lân cận có nguy cơ tiếp xúc với tác nhân gây bệnh.

Tác nhân gây bệnh mới được sinh ra khi một cá thể lợn bước vào trạng thái truyền nhiễm và tiếp tục tồn tại cho đến khi cá thể đó hồi phục hoặc tử vong. Các cá thể lợn chưa nhiễm bệnh khi tiếp xúc với tác nhân này có khả năng chuyển sang trạng thái phơi nhiễm. Ngược lại, các cá thể đã hồi phục sẽ không bị tái nhiễm trong khoảng thời gian miễn dịch còn hiệu lực.

Hình 2.15 mô tả diễn biến đường chỉ số CFI của từng cá thể lợn trong kịch bản mô phỏng lây nhiễm dịch tả lợn Châu Phi. Có thể quan sát thấy rằng một số cá thể có đường CFI gần như nằm ngang và không còn biến thiên theo thời gian. Các đường CFI này tương ứng với những cá thể lợn bị nhiễm bệnh nặng và tử vong trong quá trình mô phỏng. Khi cá thể lợn chết, các quá trình sinh lý liên quan đến tiếp nhận thức ăn và phục hồi bị dừng lại, dẫn đến giá trị CFI không tiếp tục được cập nhật.

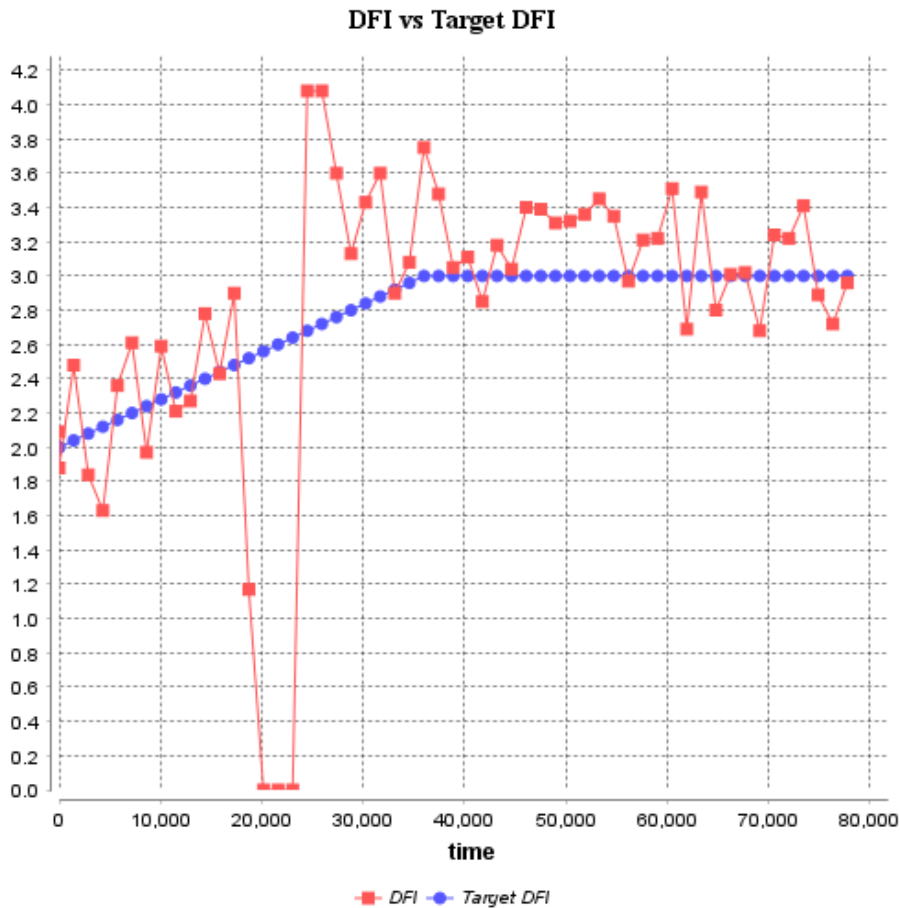
Trong lần mô phỏng này, tổng cộng có năm cá thể lợn bị chết, chiếm khoảng 25% tổng số cá thể trong đàn. Tỷ lệ tử vong này phản ánh mức độ nghiêm trọng của dịch tả lợn châu Phi trong kịch bản lây nhiễm được thiết lập, đồng thời cho thấy khả năng của mô hình trong việc tái hiện các tác động mạnh của bệnh lý truyền nhiễm đến động lực sinh trưởng và tiêu thụ thức ăn của đàn lợn.



Hình 2.15: Đồ thị CFI kịch bản lan truyền dịch bệnh.

Hình 2.16 trình bày diễn biến chỉ số DFI của cá thể lợn thứ 0 trong kịch bản mô phỏng lây nhiễm dịch tả lợn Châu Phi. Có thể quan sát thấy rằng cá thể này có ba ngày liên tiếp với giá trị DFI bằng 0, tương ứng với giai đoạn lợn ở trạng thái truyền nhiễm. Trong giai đoạn này, lợn ngừng hoàn toàn việc tiếp nhận thức ăn, phản ánh mức độ nghiêm trọng của tình trạng bệnh lý và sự suy giảm mạnh các hoạt động sinh lý bình thường.

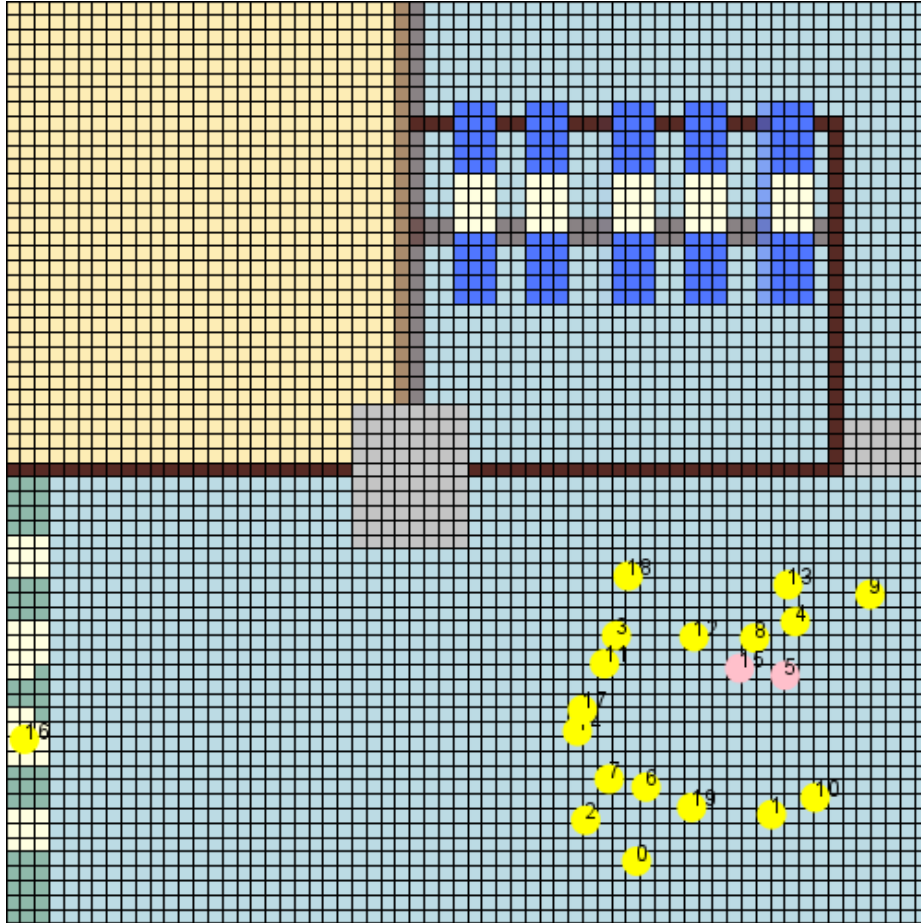
Sau giai đoạn truyền nhiễm, giá trị DFI tăng trở lại và dần ổn định, cho thấy cá thể lợn đã hồi phục sau khi nhiễm bệnh và hình thành khả năng miễn dịch đối với tác nhân gây bệnh trong một khoảng thời gian nhất định. Đáng chú ý, trước khi chuyển sang trạng thái truyền nhiễm, chỉ số DFI đã có xu hướng suy giảm rõ rệt. Hiện tượng này có thể được xem như một tín hiệu cảnh báo sớm về sự khởi phát của bệnh, gợi ý tiềm năng ứng dụng của chỉ số DFI trong việc phát hiện sớm và giám sát dịch bệnh trong các hệ thống chăn nuôi lợn ứng dụng công nghệ cho ăn chính xác.



Hình 2.16: Đồ thị DFI kích bản lan truyền dịch bệnh của cá thể lợn có ID-0.

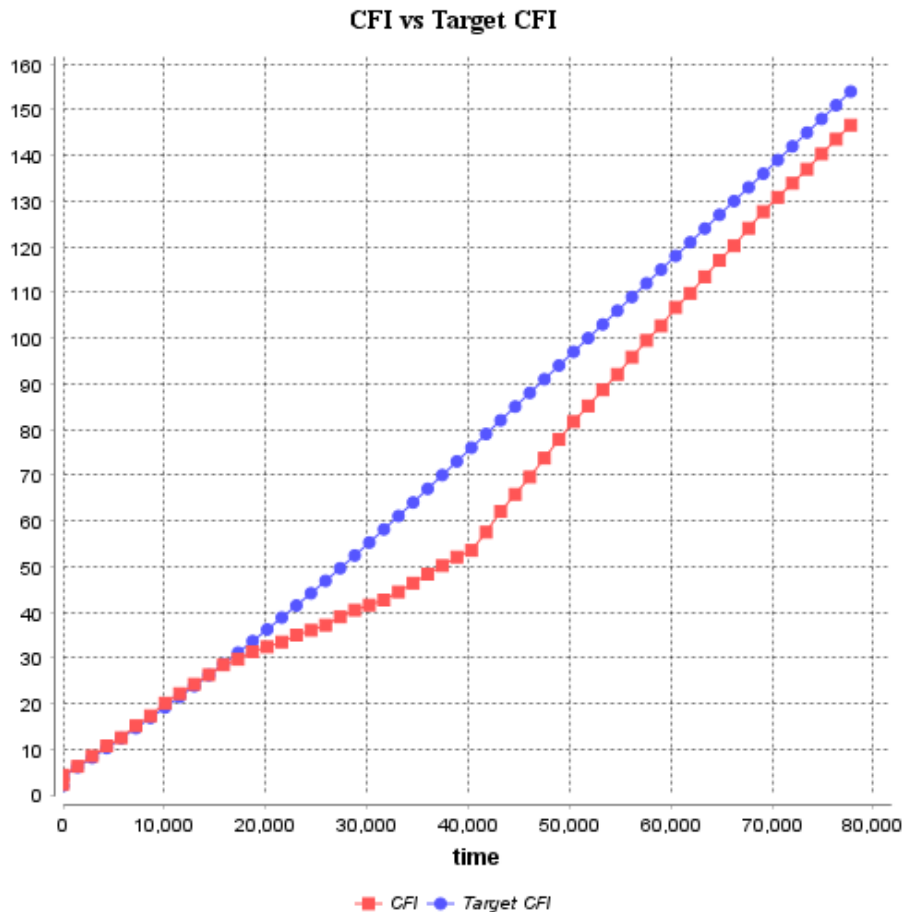
2.4.8 Kích bản mô phỏng nhiều tác nhân gây bệnh

Kịch bản này mô phỏng đàn lợn đồng thời chịu tác động của nhiều tác nhân gây bệnh. Cụ thể, hai tác nhân được xét đến là thức ăn nhiễm mycotoxins và nguồn nước bị nhiễm khuẩn, cùng tồn tại trong một khoảng thời gian chồng lấn. Hai tác nhân này không có khả năng lây truyền trực tiếp giữa các cá thể và không gây ra sự thay đổi đáng kể trong hành vi của lợn. Tác nhân từ thức ăn được thiết lập xuất hiện từ ngày thứ 10 và kéo dài trong 7 ngày, trong khi tác nhân từ nguồn nước bắt đầu từ ngày thứ 11 và tồn tại trong 14 ngày. Khi một cá thể lợn tiếp xúc với nguồn lây, cá thể đó chuyển sang trạng thái nhiễm bệnh. Sau khi hồi phục, lợn quay trở lại trạng thái ban đầu và vẫn có khả năng tái nhiễm nếu tiếp tục tiếp xúc với tác nhân gây bệnh. Các tác nhân trong kịch bản này không gây tử vong. Quá trình phục hồi của lợn chỉ bắt đầu khi cá thể không còn chịu ảnh hưởng của bất kỳ tác nhân gây bệnh nào. Hình 2.17 minh họa trạng thái trang trại tại thời điểm cả hai tác nhân cùng xuất hiện, trong đó các cá thể nhiễm bệnh được biểu diễn bằng màu vàng, còn các cá thể khỏe mạnh được biểu diễn bằng màu hồng.



Hình 2.17: Giao diện mô phỏng khi có hai tác nhân gây bệnh.

Hình 2.18 thể hiện chỉ số CFI của cá thể lợn có định danh 0. Có thể nhận thấy rằng, khi đồng thời chịu tác động của hai nguồn lây bệnh, giá trị CFI suy giảm đáng kể so với đường CFI mục tiêu. Mặc dù chỉ số này có xu hướng phục hồi sau khi giảm, mức phục hồi vẫn thấp hơn đáng kể so với giá trị mục tiêu ban đầu. Xu hướng biến thiên tương tự cũng được ghi nhận ở các cá thể khác trong đàn. Hiện tượng này có thể được giải thích bởi hiệu ứng cộng hưởng của hệ số chống chịu khi lợn phải đồng thời đối mặt với nhiều tác nhân gây bệnh.



Hình 2.18: Đồ thị CFI của cá thể lợn có định danh 0.

2.5 Kết luận chương

Chương này trình bày quá trình xây dựng khung mô hình mô phỏng tích hợp giữa hệ thống cho ăn chính xác và cơ chế lây lan dịch bệnh nội đàn, nhằm mô hình hóa tác động của các tác nhân gây bệnh lên hành vi ăn và các chỉ số tăng trưởng của lợn, đồng thời mô tả động lực dịch tễ trong đàn theo thời gian.

Xuất phát từ mục tiêu nghiên cứu và từ những hạn chế của các mô hình lây lan dịch bệnh truyền thống vốn thường tách rời hành vi cá thể và điều kiện vận hành thực tế của hệ thống cho ăn chính xác chương này đề xuất một khung phỏng hướng tác tử tích hợp máy trạng thái hai lớp gồm lớp hành vi và lớp bệnh lý, kết hợp với mô hình SEIR ở cấp cá thể. Cách tiếp cận này cho phép mô tả một cách linh hoạt và nhất quán mối quan hệ giữa tiếp xúc, phơi nhiễm và lây nhiễm với chuỗi hành vi ăn, uống và bài tiết của lợn trong không gian chuồng nuôi.

Bên cạnh đó, mô hình đưa vào cơ chế chống chịu và phục hồi thông qua các hệ số k_1 và k_2 nhằm phản ánh sự suy giảm và hồi phục lượng thức ăn thu nhận dưới tác động của độc tố nấm mốc DON. Khung mô hình được thiết kế để hỗ trợ xây

dựng các kịch bản mô phỏng đa dạng và đánh giá kết quả thông qua các đầu ra định lượng như DFI, CFI và phân bố trạng thái dịch tễ $S/E/I/R$, qua đó tạo nền tảng cho các phân tích và thực nghiệm mô phỏng được trình bày trong các chương tiếp theo. Qua các phân tích và đánh giá thực nghiệm ở trên, có thể khẳng định rằng mô hình đa tác tử hai lớp (hành vi + bệnh lý) tích hợp hệ thống cho ăn chính xác (PFS) với mô hình dịch tễ SEIR là đóng góp mới cốt lõi của luận án ở cấp nội đàn. Mô hình này cho phép mô phỏng đồng thời hành vi sinh học và động lực lây lan dịch bệnh ASF trong một khung thống nhất, vượt qua hạn chế của các mô hình riêng lẻ trước đây.

Đóng góp chính của luận án tại chương này là phát triển mô hình tác tử hai lớp (hành vi – bệnh lý) và cơ chế tích hợp chặt chẽ giữa hệ thống cho ăn chính xác với mô hình dịch tễ SEIR. Hai đóng góp này cho phép mô phỏng đồng thời ảnh hưởng qua lại giữa hành vi cá thể và quá trình lây lan dịch bệnh – một hướng tiếp cận chưa được thực hiện trong các nghiên cứu trước đây. Đối với kịch bản mô phỏng dịch bệnh ASF, do chưa tồn tại dữ liệu thực nghiệm nội đàn chi tiết và quy mô lớn tại Việt Nam, luận án sử dụng dữ liệu giả lập dựa trên các tham số dịch tễ học đáng tin cậy từ tài liệu quốc tế kết hợp với đặc thù chăn nuôi thực tế. Kết quả mô phỏng khẳng định tính nhất quán logic và khả năng tái hiện hợp lý của mô hình đề xuất. Các kết quả thu được trong chương này tạo nền tảng vững chắc để luận án tiếp tục mở rộng mô hình lan truyền dịch bệnh ở cấp liên trang trại (Chương 3) và triển khai hệ thống mô phỏng phân tán trên đám mây (Chương 4).

Chương 3

PHÁT TRIỂN MÔ HÌNH MÔ PHÒNG LAN TRUYỀN DỊCH BỆNH GIỮA CÁC TRANG TRẠI LỢN

Chương này trình bày quá trình phát triển mô hình mô phỏng lan truyền dịch bệnh ASF giữa các trang trại lợn, nhằm đánh giá tác động của các biện pháp phòng, chống dịch trong bối cảnh thực tiễn của Việt Nam. Dựa trên định hướng nghiên cứu và phân tích các hạn chế của mô hình lây lan trong nội bầy đàn, đặc biệt là các mô hình dựa trên cá thể và mô hình SEIR với tham số lây truyền ước lượng cao hoặc chưa phản ánh đầy đủ điều kiện an toàn sinh học, chương này đề xuất một khung mô hình mới cho phép mô tả động lực lây lan dịch bệnh một cách linh hoạt hơn. Mô hình được xây dựng nhằm phản ánh tốt hơn các hình thức tiếp xúc trực tiếp, gián tiếp giữa các trang trại và những khó khăn trong kiểm soát di chuyển, qua đó làm cơ sở cho việc thiết lập và đánh giá các kịch bản kiểm soát dịch ASF. Các kết quả nghiên cứu trong chương này được công bố tại công trình [CT1, CT5].

3.1 Đặt vấn đề

Ngành chăn nuôi lợn giữ vai trò then chốt trong cơ cấu nông nghiệp Việt Nam, chiếm khoảng 60% tổng giá trị sản xuất của ngành chăn nuôi, đồng thời đóng góp quan trọng vào bảo đảm an ninh lương thực và sinh kế của một bộ phận lớn người dân [70, 47]. Tuy nhiên, hoạt động chăn nuôi lợn hiện nay vẫn chủ yếu diễn ra ở quy mô vừa và nhỏ, với mức độ áp dụng các biện pháp an toàn sinh học còn hạn chế. Đặc điểm này khiến ngành chăn nuôi lợn đặc biệt dễ bị tổn thương trước các dịch bệnh truyền nhiễm nguy hiểm.

Thực tế cho thấy, đợt bùng phát dịch tả lợn Châu Phi ASF từ năm 2019 đã gây ra những thiệt hại nghiêm trọng, với hàng triệu con lợn buộc phải tiêu hủy, làm suy giảm mạnh tổng đàn, gây khan hiếm nguồn cung và biến động lớn về giá thịt lợn, đồng thời kéo theo nhiều hệ lụy kinh tế – xã hội [84, 32]. Trong bối cảnh đó, trang trại chăn nuôi được xem vừa là đơn vị ra quyết định, vừa là “nút lan truyền” quan trọng trong hệ thống chăn nuôi. Các tương tác giữa các trang trại, bao gồm hoạt động mua bán con giống, vận chuyển, thăm trại, dịch vụ thú y, cũng như việc chia

sở phương tiện và thiết bị, có thể hình thành các mạng lưới tiếp xúc phức tạp, qua đó tạo điều kiện cho dịch bệnh lan truyền ở quy mô vùng.

Lan truyền dịch bệnh ở mức độ trang trại mang nhiều đặc trưng phức tạp, bao gồm: (i) tính ngẫu nhiên gắn với từng sự kiện tiếp xúc, (ii) yếu tố không gian, trong đó khoảng cách địa lý ảnh hưởng trực tiếp đến nguy cơ lây nhiễm, và (iii) cấu trúc mạng lưới giao thương biến động theo thời gian do sự thay đổi đối tác, cũng như sự phát sinh hoặc đứt gãy các mối liên kết. Những đặc điểm này khiến việc đánh giá rủi ro và lựa chọn các biện pháp can thiệp (chẳng hạn như hạn chế di chuyển, tăng cường an toàn sinh học hoặc tiêu hủy bắt buộc) nếu chỉ dựa trên quan sát định tính trở nên thiếu chắc chắn và khó kiểm chứng.

Trong bối cảnh đó, các phương pháp mô phỏng ngày càng được sử dụng rộng rãi nhằm ước lượng động lực lan truyền dịch bệnh và thử nghiệm các kịch bản kiểm soát trong môi trường “ảo” trước khi triển khai ngoài thực tế. Nhiều nghiên cứu đã áp dụng các mô hình dựa trên cá thể, mô hình dựa trên quần thể và mô hình siêu quần thể để phân tích cơ chế lây lan của ASF, cũng như đánh giá hiệu quả của các chiến lược phòng, chống dịch.

Mặc dù vậy, việc xây dựng các mô hình mô phỏng phản ánh sát điều kiện thực tiễn tại Việt Nam, đặc biệt đối với các khu vực có mật độ chăn nuôi cao như Hà Nội, Hải Dương (hiện này là Hải Phòng) và một số tỉnh lân cận [32], vẫn còn nhiều hạn chế. Do đó, việc nghiên cứu mô phỏng sự lây lan của dịch tả lợn Châu Phi giữa các trang trại, nhằm đánh giá một cách định lượng hiệu quả của các biện pháp phòng, chống dịch trong bối cảnh cụ thể của Việt Nam, là cần thiết và có ý nghĩa thực tiễn cao.

Tuy mô hình mô phỏng nội bày đàn đã được phát triển trong Chương 2 cung cấp nền tảng quan trọng để phân tích hành vi sinh học của lợn, hệ thống cho ăn chính xác cũng như quá trình lây lan dịch tả lợn Châu Phi ở cấp độ cá thể và nội trang trại thông qua mô hình đa tác tử kết hợp SEIR, song mô hình này vẫn còn hạn chế cơ bản khi áp dụng vào thực tiễn chăn nuôi lợn tại Việt Nam. Trong thực tế, dịch bệnh không chỉ lan truyền bên trong một trang trại mà thường bùng phát và lan rộng giữa các trang trại thông qua nhiều kênh tiếp xúc khác nhau như thương mại, vận chuyển, người và phương tiện.

Do đó, việc mở rộng từ mô hình đơn trang trại sang mô hình đa trang trại là bước tiến tất yếu về mặt khoa học của luận án. Sự chuyển tiếp này không chỉ đơn thuần là tăng số lượng thực thể mà thể hiện rõ sự thay đổi bản chất trong cấu trúc mô hình: từ mô hình ABM thuần túy với các tác tử là cá thể lợn chuyển sang mô hình ở cấp hệ thống, trong đó mỗi trang trại được coi như một tác tử và các kênh

truyền nhiễm được mô tả bằng các cạnh có trọng số và biến đổi theo thời gian sẽ là các thuộc tính tương ứng. Mô hình NAADSM với STERGMs được giữ làm khung chính để mô tả các hình thức lây truyền và chiến lược kiểm soát, đồng thời tích hợp hàm truyền nhiễm kernel để mô phỏng sự hình thành và lan truyền của mạng lưới tiếp xúc giữa các trang trại.

Điểm mới cốt lõi chính là khả năng đánh giá các chiến lược kiểm soát dịch bệnh (tiêu hủy, hạn chế di chuyển, nâng cao an toàn sinh học) trên quy mô lớn, đồng thời phân tích tác động của độ phức tạp mạng lưới và biến động ngẫu nhiên liên trang trại đến động lực dịch bệnh – những yếu tố không thể quan sát được trong mô hình đơn trang trại. Việc mở rộng mô hình từ nội đàn sang liên đàn đã làm tăng mạnh quy mô mô phỏng, dẫn đến nhu cầu chuyển từ hệ thống tính toán tập trung sang kiến trúc phân tán. Khi đó, do yêu cầu về tài nguyên tính toán vượt quá khả năng xử lý của môi trường cục bộ, việc triển khai trên nền tảng đám mây để tận dụng nguồn tài nguyên gần như vô hạn và khả năng mở rộng linh hoạt là giải pháp cần thiết. Chính sự mở rộng về quy mô và độ phức tạp này là nền tảng khoa học quan trọng, tạo cơ sở dẫn đến nội dung nghiên cứu chi tiết về thiết kế hệ thống và cơ chế điều phối được trình bày trong Chương 4.

3.2 Cơ sở lý thuyết chung

Các thông số và cơ sở lý thuyết mô tả trong nội dung này sẽ sử dụng chung cho cả hai mô hình trong nghiên cứu này.

3.2.1 Phân loại quy mô

Trong nghiên cứu của Lee và cộng sự (2021) về mô phỏng dịch tả lợn Châu Phi (ASF) tại Việt Nam, quy mô trang trại được phân loại theo ba cấp: trang trại nhỏ (dưới 100 con), trang trại vừa (từ 100 đến dưới 1,000 con) và trang trại lớn (từ 1,000 con trở lên) [72]. Phân loại này phản ánh cấu trúc sản xuất chăn nuôi lợn tại Việt Nam, trong đó khoảng 70–75% là trang trại nhỏ, 20–25% là trang trại vừa và dưới 5% là trang trại lớn.

Theo Luật Chăn nuôi số 32/2018/QH14 [103] và Nghị định số 13/2020/NĐ-CP hướng dẫn chi tiết Luật Chăn nuôi [27], quy mô chăn nuôi được phân định dựa trên đơn vị vật nuôi với các ngưỡng như sau:

- **Chăn nuôi nông hộ:** dưới 10 con.
- **Trang trại quy mô nhỏ:** từ 10 đến dưới 30 con.

- **Trang trại quy mô vừa:** từ 30 đến dưới 300 con.
- **Trang trại quy mô lớn:** từ 300 con trở lên.

Tuy nhiên, để thuận tiện cho việc xây dựng và triển khai mô hình mô phỏng, việc sử dụng trực tiếp hệ thống phân loại chi tiết theo pháp luật và thống kê là không tối ưu. Do đó, nhằm đảm bảo phù hợp với khung pháp lý Việt Nam đồng thời đơn giản hóa quá trình mô phỏng, nghiên cứu này áp dụng hệ thống phân loại ba cấp cho cả hai mô hình với các ngưỡng điều chỉnh như sau:

- **Trang trại nhỏ:** dưới 30 con.
- **Trang trại vừa:** từ 30 đến dưới 300 con.
- **Trang trại lớn:** từ 300 con trở lên.

3.2.2 Xác suất truyền nhiễm

Xác suất truyền nhiễm thể hiện nguy cơ lây truyền mầm bệnh khi có sự kiện tiếp xúc giữa trang trại bị nhiễm bệnh và trang trại nhạy cảm. Các giá trị được ước lượng dựa trên nghiên cứu trước đây và các ý kiến chuyên gia, giúp phản ánh đặc điểm lây lan của bệnh và mức độ an toàn sinh học của từng loại hình trang trại [74]. Bảng 3.1 thể hiện các giá trị xác suất truyền nhiễm.

Xác suất truyền nhiễm thông qua tiếp xúc trực tiếp được thiết lập ở mức 0.6 cho tất cả các loại hình trang trại, dựa trên nghiên cứu của Guinat và cộng sự (2016) [51]. Giá trị này phản ánh thực tế rằng không phải mọi lần di chuyển lợn từ trang trại nhiễm bệnh đều dẫn đến lây nhiễm, do còn phụ thuộc vào nhiều yếu tố như giai đoạn bệnh, liều lượng virus và tình trạng miễn dịch của đàn lợn tiếp xúc.

Bảng 3.1: Xác suất truyền nhiễm

STT	Xác suất truyền nhiễm	Giá trị
1	Tiếp xúc trực tiếp	0.6
2	Tiếp xúc gián tiếp tới trang trại nhỏ	0.6
3	Tiếp xúc gián tiếp tới trang trại vừa	0.6
4	Tiếp xúc gián tiếp tới trang trại lớn	0.006

Xác suất truyền nhiễm thông qua tiếp xúc gián tiếp được phân biệt theo loại hình trang trại như sau:

- **Trang trại nhỏ và vừa (0.6):** Xác suất lây nhiễm cao, tương đương với tiếp xúc trực tiếp, do mức độ an toàn sinh học thấp. Các yếu tố như sử dụng thức ăn thừa, thiếu khử trùng phương tiện vận chuyển, kiểm soát lỏng lẻo người ra vào và chia sẻ thiết bị chăn nuôi tạo điều kiện thuận lợi cho lây truyền gián tiếp.
- **Trang trại lớn (0.006):** Xác suất lây nhiễm thấp hơn đáng kể nhờ hệ thống an toàn sinh học nghiêm ngặt, bao gồm khu vực cách ly, khử trùng phương tiện, kiểm soát chặt chẽ con người và thiết bị, sử dụng thức ăn công nghiệp đạt tiêu chuẩn và quy trình vệ sinh nghiêm ngặt.

Sự phân biệt này phản ánh sát thực tế chăn nuôi tại Việt Nam với sự chênh lệch lớn về điều kiện quản lý giữa các quy mô trang trại, đồng thời nhấn mạnh vai trò then chốt của việc nâng cao an toàn sinh học tại các trang trại nhỏ và vừa trong kiểm soát dịch bệnh.

3.2.3 Tỷ lệ tiếp xúc giữa các trang trại

Các tỷ lệ tiếp xúc giữa các trang trại chăn nuôi lợn được trình bày trong Bảng 3.2 và được ước lượng dựa trên nghiên cứu của Lee và cộng sự (2019) tại tỉnh Nghệ An, Việt Nam [71].

Bảng 3.2: Tỷ lệ tiếp xúc giữa các trang trại

STT	Nhóm tiếp xúc Nguồn – Đích	Tỷ lệ tiếp xúc trung bình/tuần	
		Tiếp xúc trực tiếp	Tiếp xúc gián tiếp
1	Trang trại nhỏ → Trang trại nhỏ	0.072	0.282
2	Trang trại nhỏ → Trang trại vừa	–	0.282
3	Trang trại vừa → Trang trại nhỏ	0.072	0.282
4	Trang trại vừa → Trang trại vừa	0.073	0.271
5	Trang trại vừa → Trang trại lớn	–	3.5
6	Trang trại lớn → Trang trại vừa	0.073	0.271
7	Trang trại lớn → Trang trại lớn	–	3.5

Trong đó, *tiếp xúc trực tiếp* được định nghĩa là sự di chuyển lợn từ trang trại này sang trang trại khác, bao gồm các hoạt động như mua bán lợn con, lợn thịt, lợn giống hoặc chia sẻ lợn đực để phối giống. Ngược lại, *tiếp xúc gián tiếp* bao gồm các con đường truyền mầm bệnh không liên quan đến việc di chuyển lợn, chẳng hạn như

phương tiện vận chuyển, con người (thú y, thương lái, nông dân), thiết bị chăn nuôi và các vật liệu liên quan. Dữ liệu tiếp xúc được phân tích theo phân phối Poisson nhằm ước lượng tỷ lệ tiếp xúc trung bình theo tuần cho từng cặp loại hình trang trại.

Trong Bảng 3.2, tỷ lệ tiếp xúc trực tiếp giữa trang trại nhỏ đến trang trại nhỏ (0.072), trang trại vừa đến trang trại nhỏ (0.072), trang trại vừa đến trang trại vừa (0.073), và trang trại lớn đến trang trại vừa (0.073). Các tỷ lệ tiếp xúc trực tiếp này tương đối thấp, phản ánh thực tế là việc mua bán lợn không diễn ra thường xuyên do chu kỳ sản xuất dài (6-8 tháng) và chi phí vận chuyển. Các tỷ lệ tiếp xúc khác bao gồm gián tiếp giữa các trang trại nhỏ, từ trang trại nhỏ đến trang trại vừa, từ trang trại vừa đến trang trại nhỏ là (0.282), giữa các trang trại vừa (0.271), từ trang trại vừa đến trang trại lớn (3.5), từ trang trại lớn đến trang trại vừa (0.271), và giữa các trang trại lớn (3.5). Tỷ lệ tiếp xúc gián tiếp cao ở các trang trại lớn do hoạt động quản lý chuyên nghiệp với nhiều phương tiện và nhân lực thường xuyên.

3.3 Phương pháp đề xuất

Mặc dù các nghiên cứu của Lee và cộng sự (2020, 2021) [73, 102] đã cung cấp những đóng góp quan trọng trong việc mô phỏng sự lây lan của dịch tả lợn Châu Phi giữa các trang trại tại Việt Nam, các mô hình này chủ yếu được xây dựng trên cơ sở mô hình mạng lưới ngẫu nhiên (stochastic network-based model) và mô hình lan truyền dịch bệnh động vật Bắc Mỹ (North American Animal Disease Spread Model – NAADSM). Tuy nhiên các giải pháp thiên về mô hình toán mà chưa khai thác sự tương tác hành vi mà mô hình đa tác tử ABM hỗ trợ. Trong khi đó, ABM được xem là một hướng tiếp cận phù hợp để mô phỏng các hệ thống phức tạp, cho phép biểu diễn rõ ràng từng trang trại như một tác tử tự trị với các trạng thái, hành vi và chiến lược ứng phó khác nhau, đồng thời phản ánh các hiện tượng phát sinh ở cấp độ hệ thống thông qua các tương tác vi mô. Việc tích hợp ABM với các mô hình lây lan dịch bệnh ở mức trang trại vì vậy có tiềm năng khắc phục những hạn chế của các nghiên cứu trước, đồng thời nâng cao khả năng phân tích các kịch bản kiểm soát dịch trong bối cảnh thực tiễn.

Xuất phát từ động lực đó, để mô phỏng sự lây lan của dịch tả lợn Châu Phi (ASF) giữa các trang trại, nghiên cứu này đề xuất hai hướng tiếp cận chính dựa trên khuôn khổ ABM, kết hợp với hai mô hình lây lan dịch bệnh đã được kiểm chứng trong các nghiên cứu trước. Cụ thể, hướng tiếp cận thứ nhất kết hợp ABM với mô hình lan truyền dịch bệnh động vật Bắc Mỹ (NAADSM) để đánh giá tác động của các chiến

lược kiểm soát dịch ở quy mô vùng. Hướng tiếp cận thứ hai tích hợp ABM với mô hình mạng lưới động nhằm mô tả các tương tác tiếp xúc và sự biến đổi của mạng lưới giao thương theo thời gian.

3.3.1 Mô hình NAADSM

Mô hình NAADSM, một mô hình mô phỏng sự lây lan dịch bệnh động vật đã được sử dụng rộng rãi tại Bắc Mỹ. Trong mô hình này, mỗi trang trại lợn được xem như một đơn vị dịch tễ, với các tham số mô tả tần suất tiếp xúc, xác suất truyền nhiễm và các biện pháp can thiệp như tiêu hủy, cách ly và kiểm soát di chuyển.

NAADSM cho phép mô phỏng sự lây lan dịch bệnh thông qua các tiếp xúc trực tiếp giữa các trang trại, cũng như các tiếp xúc gián tiếp thông qua phương tiện vận chuyển, con người và các tác nhân trung gian khác. Bên cạnh đó, mô hình còn xem xét quá trình di chuyển của lợn giữa các trang trại và tác động của các biện pháp kiểm soát di chuyển trong suốt thời gian mô phỏng. Do đó, NAADSM đặc biệt phù hợp cho việc phân tích chi tiết các kịch bản can thiệp và đánh giá hiệu quả của từng biện pháp phòng, chống dịch.

3.3.2 Mô hình mạng lưới động

Mô hình mạng lưới động, trong mô hình này mỗi trang trại được biểu diễn như một nút trong mạng lưới, trong khi các mối quan hệ thương mại và sự di chuyển lợn giữa các trang trại được mô hình hóa dưới dạng các cạnh. Cách tiếp cận này cho phép mô phỏng sự biến đổi theo thời gian của mạng lưới liên kết, bao gồm cả sự hình thành và chấm dứt các mối quan hệ thương mại.

Các yếu tố như mức độ kết nối giữa các trang trại, tần suất tiếp xúc trực tiếp và gián tiếp, cũng như khoảng cách địa lý được xem xét để ước lượng xác suất lây nhiễm và mô phỏng quá trình lan truyền dịch bệnh. Nhờ khả năng phản ánh tính động và cấu trúc phức tạp của mạng lưới trang trại, mô hình mạng lưới động cung cấp một cách tiếp cận linh hoạt, phù hợp để nghiên cứu sự lây lan của ASF trong bối cảnh các mối quan hệ sản xuất và trao đổi không ngừng thay đổi.

3.3.3 So sánh và định hướng kết hợp mô hình

Mặc dù cả hai hướng tiếp cận đều dựa trên các tham số về xác suất lây nhiễm và tần suất tiếp xúc, mỗi mô hình lại có những ưu điểm và hạn chế riêng. Mô hình mạng lưới động nhấn mạnh vào cấu trúc và sự biến đổi theo thời gian của mạng lưới các trang trại, trong khi mô hình NAADSM tập trung nhiều hơn vào mô phỏng

không gian – thời gian của quá trình di chuyển và các biện pháp kiểm soát dịch bệnh.

3.4 Xây dựng mô hình lây lan dựa trên mô hình NAADSM

Mô hình lây lan dịch bệnh động vật ở Bắc Mỹ NAADSM [102] là một mô hình mô phỏng ngẫu nhiên, không gian và dựa trên quá trình chuyển đổi trạng thái, được phát triển nhằm nghiên cứu sự lây lan của các bệnh truyền nhiễm có mức độ nguy hiểm cao ở động vật. Trong những năm gần đây, việc sử dụng các mô hình mô phỏng như NAADSM để ước lượng quá trình lây lan dịch bệnh và đánh giá rủi ro của các biện pháp kiểm soát khác nhau đã trở nên phổ biến trong nghiên cứu dịch tễ học thú y.

NAADSM đã được áp dụng trong nhiều nghiên cứu liên quan đến các đợt bùng phát dịch bệnh nguy hiểm, chẳng hạn như dịch lở mồm long móng, dịch tả lợn và các kịch bản bùng phát dịch quy mô lớn khác. Bên cạnh vai trò là công cụ nghiên cứu, mô hình này còn hỗ trợ quá trình ra quyết định cả trước và trong khi dịch bệnh bùng phát, qua đó góp phần giảm thiểu các tác động tiêu cực của dịch bệnh đối với kinh tế và xã hội.

Trong NAADSM, một cụm động vật, được gọi là một đơn vị (unit), là đối tượng cơ bản của mô phỏng. Quá trình lây lan dịch bệnh xảy ra giữa các đơn vị động vật tại các vị trí được xác định chính xác trong không gian và chịu ảnh hưởng bởi vị trí địa lý cũng như khoảng cách tương đối giữa các đơn vị. Mỗi đơn vị được đặc trưng bởi các thuộc tính bao gồm loại hình sản xuất, quy mô đàn, vị trí điểm (kinh độ và vĩ độ) và trạng thái dịch tễ trong mô hình.

Loại hình sản xuất của một đơn vị có thể bao gồm một loại vật nuôi duy nhất (ví dụ: “Lợn”) hoặc nhiều loại vật nuôi kết hợp (ví dụ: “cừu” và “dê”) [102]. Quá trình mô phỏng được thực hiện theo các bước thời gian rời rạc, với mỗi bước tương ứng với một ngày. Tại mỗi ngày mô phỏng, có thể xảy ra các sự kiện lây lan dịch bệnh giữa các đơn vị, đồng thời các biện pháp kiểm soát dịch bệnh cũng có thể được kích hoạt và thực thi tùy theo kịch bản mô phỏng.

3.4.1 Các hình thức lây truyền dịch bệnh

- **Lây truyền qua tiếp xúc trực tiếp** Các tham số được sử dụng để mô phỏng cơ chế lây truyền thông qua tiếp xúc trực tiếp được trình bày trong Bảng 3.3.

Trong mô hình NAADSM, bất kỳ đơn vị nào đang ở trạng thái nhiễm bệnh và không bị cách ly đều có khả năng trở thành nguồn lây lan dịch bệnh.

- Đối với mỗi sự kiện tiếp xúc trực tiếp xuất phát từ một đơn vị bị nhiễm, một khoảng cách D được chọn ngẫu nhiên theo phân bố khoảng cách di chuyển đã được xác định trước. Sau đó, từ tập các đơn vị đủ điều kiện tiếp nhận, bao gồm các đơn vị chưa bị tiêu hủy, không bị cách ly và không phải là đơn vị nguồn của tiếp xúc, mô hình lựa chọn đơn vị có khoảng cách thực tế đến nguồn gần nhất với giá trị D đã được lấy mẫu từ phân bố [102].

Khoảng cách không gian giữa hai đơn vị được tính toán theo công thức:

$$d = \frac{c}{360} \times \sqrt{x^2 + y^2}, \quad (3.1)$$

trong đó:

- d là khoảng cách giữa hai đơn vị;
- $x = [(\text{kinh độ đơn vị 1}) - (\text{kinh độ đơn vị 2})] \times \cos(\text{vĩ độ đơn vị 2})$;
- $y = (\text{vĩ độ đơn vị 1}) - (\text{vĩ độ đơn vị 2})$;
- c là chu vi của Trái Đất.

Cách tiếp cận này cho phép mô hình NAADSM phản ánh ảnh hưởng của khoảng cách địa lý đến xác suất tiếp xúc và lây truyền dịch bệnh giữa các đơn vị chăn nuôi trong không gian. Nếu một số mục tiêu có thể có cùng khoảng cách với nguồn thì mô hình sẽ chọn ngẫu nhiên một mục tiêu, ưu tiên các đơn vị lớn hơn (một đơn vị có số lượng động vật nhiều gấp đôi thì có khả năng được chọn gấp đôi). Một tiếp xúc sẽ được ghi nhận nếu đơn vị tiếp nhận không nhạy cảm, sự tiếp xúc không ảnh hưởng đến tình trạng bệnh.

Bảng 3.3: Các thông số đầu vào được sử dụng trong NAADSM [102]

STT	Mô tả tham số	Loại tham số	Mức độ ứng dụng
Các tham số về bệnh tật			
1	Giai đoạn tiềm ẩn	Hàm mật độ xác suất (ngày)	Loại sản xuất
2	Giai đoạn truyền nhiễm cận lâm sàng	Hàm mật độ xác suất (ngày)	Loại sản xuất

STT	Mô tả tham số	Loại tham số	Mức độ ứng dụng
3	Thời kỳ truyền nhiễm lâm sàng	Hàm mật độ xác suất (ngày)	Loại sản xuất
4	Thời kỳ miễn dịch tự nhiên	Hàm mật độ xác suất (ngày)	Loại sản xuất
Tham số lây lan tiếp xúc trực tiếp			
5	Tỷ lệ trung bình của các lô hàng động vật	Tỷ lệ (số lượng đơn vị đích trên mỗi đơn vị nguồn mỗi ngày)	Sự kết hợp của loại sản xuất nguồn và loại sản xuất đích
6	Khoảng cách di chuyển	Hàm mật độ xác suất (km)	Sự kết hợp của loại sản xuất nguồn và loại sản xuất đích
7	Vận chuyển chậm trễ	Hàm mật độ xác suất (ngày)	Sự kết hợp của loại sản xuất nguồn và loại sản xuất đích
8	Khả năng lây nhiễm của đơn vị nhận khi tiếp xúc với đơn vị bị nhiễm	Xác suất, 0 đến 1	Sự kết hợp của loại sản xuất nguồn và loại sản xuất đích
9	Hệ số tốc độ di chuyển	Hàm quan hệ: giá trị vô hướng dưới dạng hàm của số ngày kể từ khi phát hiện đợt bùng phát đầu tiên	Sự kết hợp của loại sản xuất nguồn và loại sản xuất đích
10	Các đơn vị tiềm ẩn có thể lây bệnh khi tiếp xúc trực tiếp không?	Có/Không	Sự kết hợp của loại sản xuất nguồn và loại sản xuất đích
11	Các đơn vị truyền nhiễm cận lâm sàng có thể lây bệnh khi tiếp xúc trực tiếp không?	Có/Không	Sự kết hợp của loại sản xuất nguồn và loại sản xuất đích
Tham số lây lan tiếp xúc gián tiếp			
12	Tỷ lệ trung bình của các lô hàng động vật	Tỷ lệ (số lượng đơn vị nhận được lô hàng từ đơn vị nguồn mỗi ngày)	Sự kết hợp của loại sản xuất nguồn và loại sản xuất đích

STT	Mô tả tham số	Loại tham số	Mức độ ứng dụng
13	Khoảng cách di chuyển	Hàm mật độ xác suất (km)	Sự kết hợp của loại sản xuất nguồn và loại sản xuất đích
14	Vận chuyển chậm trễ	Hàm mật độ xác suất (ngày)	Sự kết hợp của loại sản xuất nguồn và loại sản xuất đích
15	Khả năng lây nhiễm của đơn vị nhận do tiếp xúc gián tiếp	Xác suất, 0 đến 1	Sự kết hợp của loại sản xuất nguồn và loại sản xuất đích
16	Hệ số tốc độ di chuyển	Hàm quan hệ: giá trị vô hướng dưới dạng hàm của số ngày kể từ khi phát hiện đợt bùng phát đầu tiên	Sự kết hợp của loại sản xuất nguồn và loại sản xuất đích
17	Các đơn vị truyền nhiễm cận lâm sàng có thể lây bệnh khi tiếp xúc gián tiếp không?	Có/Không	Sự kết hợp của loại sản xuất nguồn và loại sản xuất đích
Các tham số đường truyền trong không khí			
18	Xác suất lây nhiễm tại 1 km tính từ nguồn	Xác suất, 0 đến 1	Sự kết hợp của loại sản xuất nguồn và loại sản xuất đích
19	Hướng gió (phạm vi bắt đầu và kết thúc)	Độ, 0–360 (trong đó 0 chỉ hướng Bắc)	Sự kết hợp của loại sản xuất nguồn và loại sản xuất đích
20	Khoảng cách lan truyền tối đa	Giá trị vô hướng (km)	Sự kết hợp của loại sản xuất nguồn và loại sản xuất đích
21	Vận chuyển không chậm trễ	Hàm mật độ xác suất (ngày)	Sự kết hợp của loại sản xuất nguồn và loại sản xuất đích

3.4.2 Phát hiện và truy vết bệnh

Hai xác suất góp phần vào việc phát hiện bệnh là xác suất quan sát thấy các dấu hiệu lâm sàng của bệnh và xác suất đơn vị có các dấu hiệu lâm sàng được quan sát. Xác suất tổng thể của việc phát hiện một đơn vị bị nhiễm vào một ngày cụ thể là tích của hai xác suất thành phần này. Khi một đơn vị bị nhiễm được phát hiện, các đơn vị khác mà nó tiếp xúc trong một số ngày nhất định có thể được xác định bằng cách truy vết. Các đơn vị được xác định bằng cách vết đều được cách ly và có thể được chỉ định để tiêu hủy trước.

3.4.3 Các chiến lược kiểm soát

3.4.3.1 Các biện pháp kiểm soát dịch bệnh

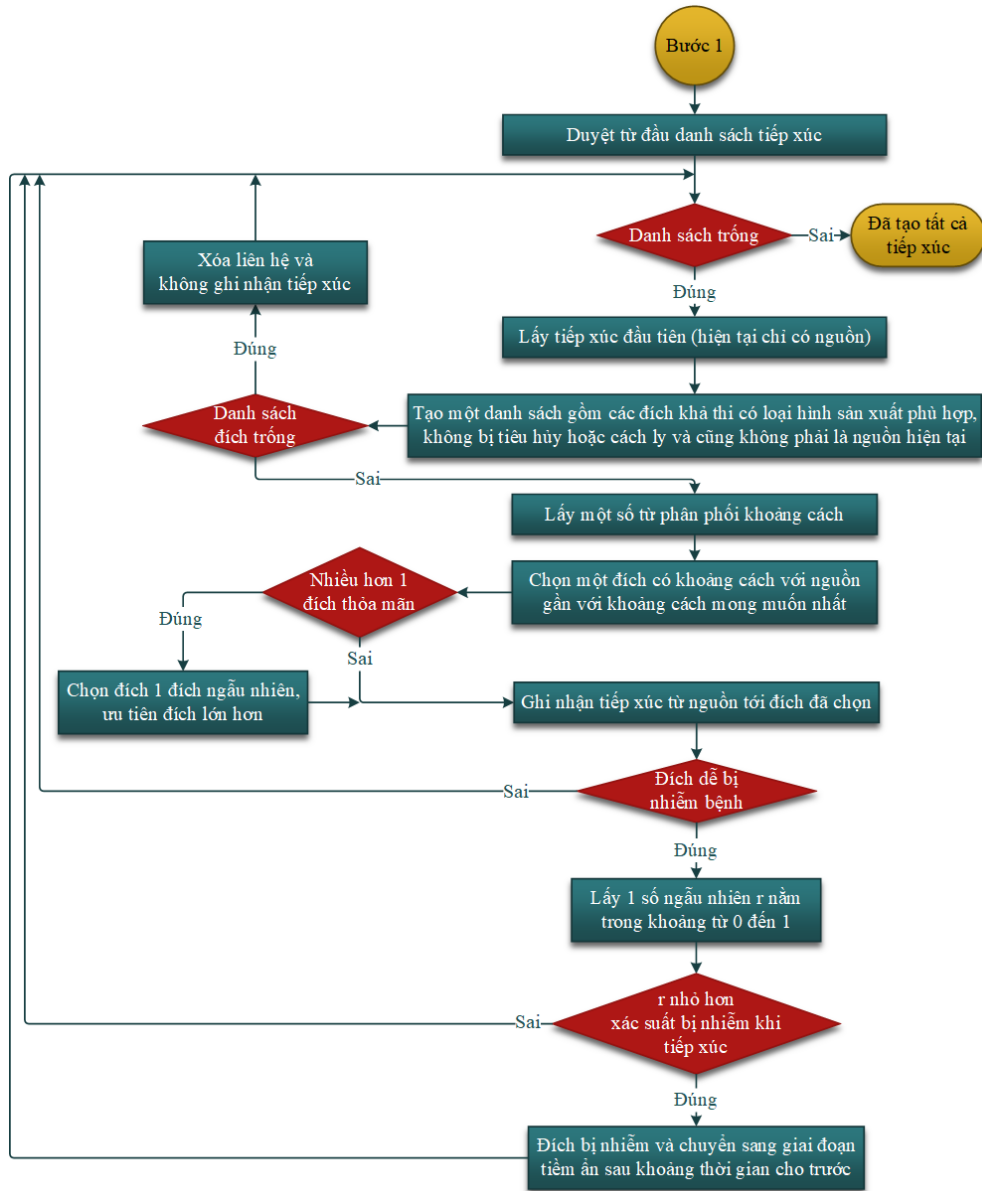
Cách ly (Quarantine): Sau khi một đơn vị nhiễm bệnh được phát hiện, các đơn vị đã có tiếp xúc trực tiếp hoặc gián tiếp với nguồn bệnh sẽ được đưa vào diện cách ly. Các đơn vị bị cách ly không được phép phát sinh hoặc tiếp nhận các tiếp xúc trực tiếp với các đơn vị khác. Tuy nhiên, trong mô hình mô phỏng, các hình thức lây truyền gián tiếp và lây lan qua đường không khí vẫn có thể xảy ra trong thời gian cách ly.

Tiêu hủy (Depopulation): Tất cả các đơn vị được xác định là nhiễm bệnh hoặc nằm trong vùng nguy cơ có thể được chỉ định tiêu hủy nhằm nhanh chóng loại bỏ nguồn lây và hạn chế sự lan rộng của dịch bệnh. Biện pháp này thường được áp dụng trong các kịch bản kiểm soát khẩn cấp khi dịch bệnh có nguy cơ bùng phát trên diện rộng.

Tiêm phòng (Vaccination): Tiêm phòng được xem là một trong những biện pháp hiệu quả nhằm phòng ngừa và kiểm soát dịch bệnh. Trong mô hình, các đơn vị có thể được tiêm phòng nhiều lần; tuy nhiên, mỗi lần tiêm phải tuân thủ khoảng thời gian tối thiểu giữa hai lần tiêm liên tiếp theo quy định, nhằm đảm bảo hiệu quả miễn dịch và tính thực tế của quá trình mô phỏng.

3.4.3.2 Logic tạo ra các tiếp xúc trực tiếp

Hình 3.1 đồ thể hiện việc tạo ra các tiếp xúc trực tiếp (Bước 1). Đầu tiên chúng ta cần xác định các hệ số di chuyển được chỉ định, có nghĩa là mô phỏng có đang xét trường hợp áp đặt hạn chế di chuyển hay không. Sau đó đưa tất cả các đơn vị vào một quần thể và đặt danh sách tiếp xúc ban đầu cho mỗi đơn vị là rỗng, tức là chưa có tiếp xúc. Vào mỗi ngày thực hiện mô phỏng, mỗi đơn vị lây nhiễm sẽ tiếp



Hình 3.1: Các tham số dùng cho các kịch bản mô phỏng (Bước 1).

xúc trực tiếp với một số đơn vị khác trong quần thể. Các chuyển động từ các đơn vị truyền nhiễm (tiềm ẩn, cận lâm sàng truyền nhiễm, hoặc lâm sàng truyền nhiễm) chưa được kiểm dịch được ghi lại. Số lượng các tiếp xúc trực tiếp từ mỗi đơn vị lây nhiễm được rút ra từ một phân bố Poisson. Khi tổng số tiếp xúc sẽ xảy ra được, mô hình sẽ xác định đơn vị nào sẽ nhận các liên hệ đó cũng như ảnh hưởng của từng liên hệ.

Hình 3.2 là lưu đồ thể hiện quá trình tạo ra các tiếp xúc trực tiếp (Bước 2). Sau khi các đơn vị nguồn thiết lập tiếp xúc trực tiếp, các đơn vị đích xác định mỗi tiếp xúc dựa trên khoảng cách từ nguồn tới đích. Nếu một đơn vị đích nhạy cảm được chọn cho một liên hệ, một quy trình ngẫu nhiên sẽ xác định xem đơn vị nguồn có

bị nhiễm bệnh hay không.

3.4.4 Tham số dùng cho mô hình

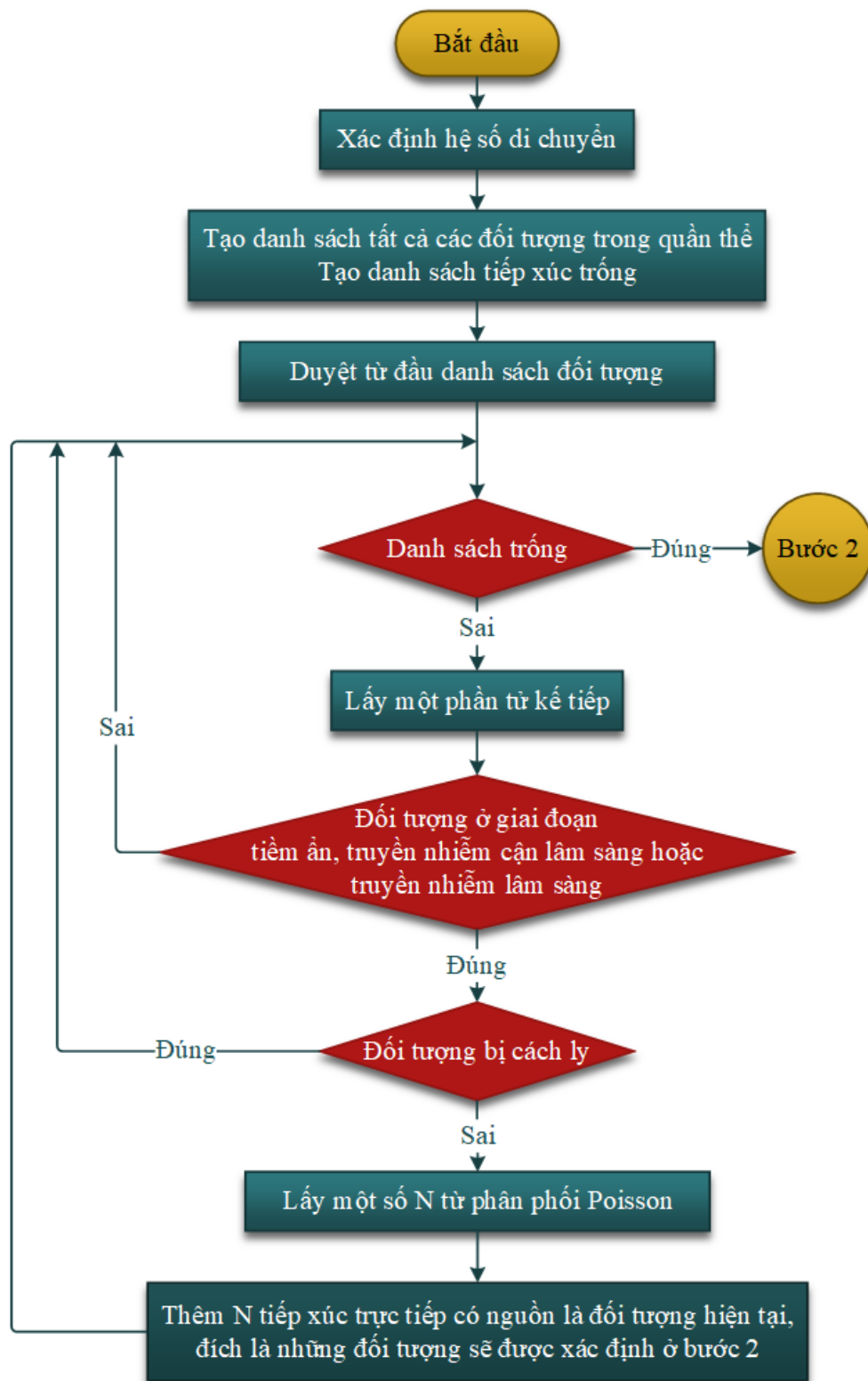
Quan sát Bảng 3.2 cho thấy số lượng tiếp xúc trực tiếp trung bình của các trang trại nhỏ là tương đối thấp, với các giá trị tham số Poisson dao động từ Poisson(0.072) đến Poisson(0.073), trong khi xác suất lây truyền qua tiếp xúc trực tiếp lại ở mức cao (0.6). Đối với các trang trại vừa và nhỏ, số lượng tiếp xúc gián tiếp cũng ở mức thấp (từ Poisson(0.271) đến Poisson(0.282)), nhưng xác suất lây truyền của các tiếp xúc gián tiếp tới các loại hình trang trại này vẫn tương đối lớn (0.6). Ngược lại, các trang trại lớn có số lượng tiếp xúc gián tiếp cao nhất (Poisson(3.5)), tuy nhiên xác suất lây truyền tương ứng lại nhỏ nhất (0.006), phản ánh mức độ an toàn sinh học cao hơn của loại hình trang trại này.

Mô phỏng được nghiên cứu sinh xây dựng với tổng cộng năm kịch bản chính Hình 3.3, bao gồm: (1) loại bỏ các tiếp xúc trực tiếp và các tiếp xúc liên quan đến trang trại lớn; (2) hạn chế di chuyển của các trang trại bị nhiễm bệnh; (3) hạn chế di chuyển của tất cả các trang trại; (4) tiêu hủy lợn bị nhiễm bệnh; và (5) nâng cao mức độ an toàn sinh học cho các trang trại vừa và nhỏ.

Mỗi kịch bản được điều khiển thông qua các tập tham số khác nhau nhằm phản ánh các biện pháp phòng, chống dịch bệnh trong thực tế. Ngoài ra, các kịch bản này có thể được kết hợp linh hoạt với nhau để đánh giá tác động tổng thể của nhiều biện pháp can thiệp đồng thời, chẳng hạn như kết hợp hạn chế di chuyển của các trang trại bị nhiễm bệnh với tiêu hủy lợn bị nhiễm bệnh và nâng cao an toàn sinh học cho các trang trại vừa và nhỏ. Cách tiếp cận này cho phép phân tích sâu hơn hiệu quả của từng biện pháp riêng lẻ cũng như hiệu quả tổng hợp của các chiến lược kiểm soát dịch bệnh trong các điều kiện khác nhau.

Các tham số khác

Bên cạnh các tham số chính như xác suất lây truyền và số lượng tiếp xúc trung bình trong một tuần, mô hình còn sử dụng một số tham số bổ sung phục vụ cho mục đích hiển thị và kiểm tra cách thức triển khai mô hình (Hình 3.4). Các tham số hiển thị cho phép người dùng tùy chọn ẩn hoặc hiện tên các quận, huyện trên bản đồ khu vực Hà Nội, nhằm hỗ trợ việc quan sát và phân tích kết quả mô phỏng một cách trực quan hơn. Ngoài ra, mô hình cung cấp chức năng kiểm tra (debug), trong đó các giá trị xác suất lây truyền và các hệ số của phân phối Poisson dùng để xác định số lượng tiếp xúc trung bình sẽ được tính toán lại trong quá trình mô phỏng. Chức năng này giúp đánh giá tính đúng đắn của việc triển khai mô hình cũng như kiểm soát sự thay đổi của các tham số theo thời gian. Bên cạnh đó, tham số liên



Hình 3.2: Các tham số dùng cho các kịch bản mô phỏng (Bước 2).

[1] Loại bỏ tiếp xúc trực tiếp và tiếp xúc của trang trại lớn

- Tiếp xúc trực tiếp: True

- Tiếp xúc của trang trại lớn: True

[2] Hạn chế di chuyển của trang trại bị nhiễm bệnh

- Hạn chế di chuyển (%): 000 [0..100] every 25

- Thời gian áp dụng hạn chế (tuần): 4 [2..8] every 2

[3] Hạn chế di chuyển của tất cả các trang trại

- HC di chuyển (%): 000 [0..100] every 25

- Thời gian áp dụng HC (tuần): 4 [2..8] every 2

[4] Tiêu hủy lợn bị nhiễm bệnh

- Tiêu hủy lợn: False

- Thời gian áp dụng tiêu hủy (tuần): 06 [6..16] every 2

[5] Nâng cao an toàn sinh học cho các trang trại vừa và nhỏ

- Giảm xác suất lây truyền của tiếp xúc gián tiếp (%): 000 [0..100] every 25

Hình 3.3: Các tham số dùng cho các kịch bản mô phỏng.

quan đến số ngày tương ứng với một bước mô phỏng cho phép điều chỉnh độ phân giải thời gian của mô hình. Khi giảm số ngày trong mỗi bước mô phỏng, hệ thống có thể thực hiện mô phỏng chi tiết hơn với đơn vị thời gian nhỏ hơn, từ đó phản ánh chính xác hơn động lực lây lan của dịch bệnh.

Hiển thị

- Hiện tên quận, huyện True

Kiểm tra

- Số ngày ứng với 1 bước mô phỏng (ngày):

- Kiểm tra: False

Hình 3.4: Các tham số dùng cho hiển thị và kiểm tra.

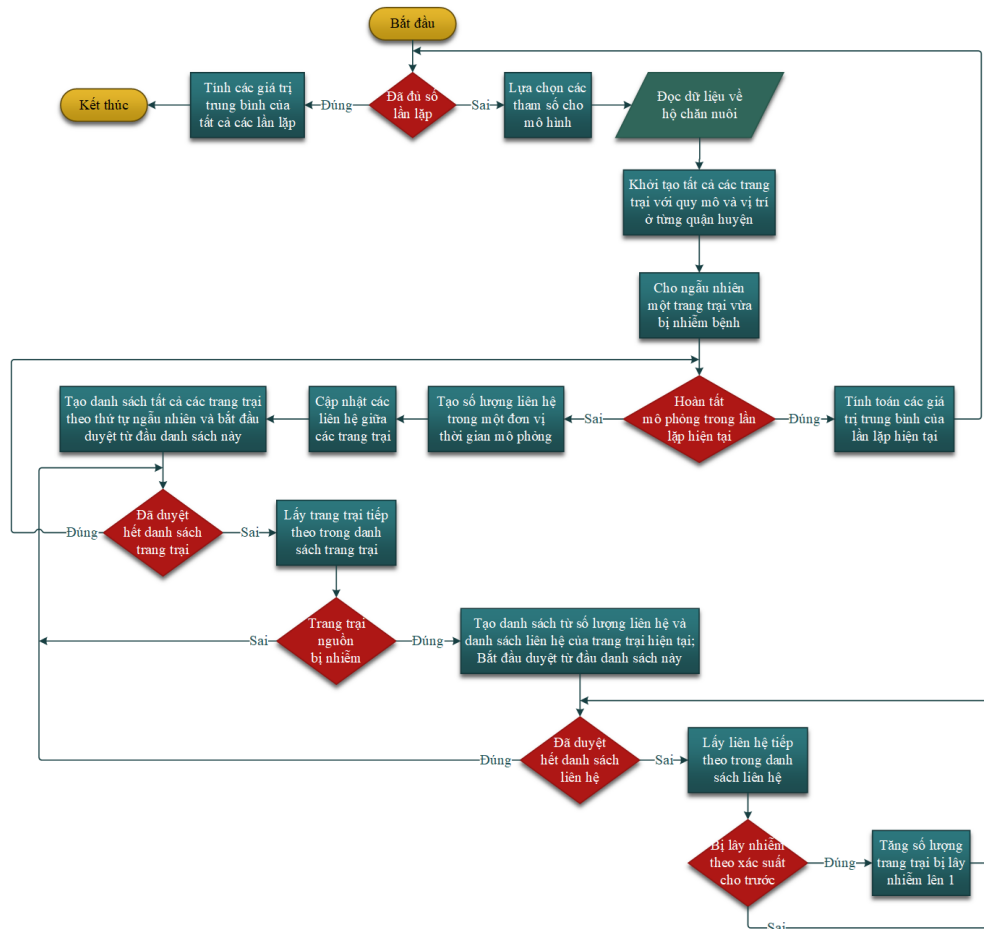
3.4.5 Thiết kế thí nghiệm

Ở mỗi kịch bản mô phỏng, mô hình được chạy lặp lại 100 lần độc lập, sau đó các giá trị trung bình của toàn bộ các lần lặp được tính toán, bao gồm số lượng trang trại bị nhiễm bệnh và số lượng trang trại phải tiêu hủy lợn theo từng loại hình trang trại. Một thuận lợi của công cụ GAMA là khả năng hỗ trợ hiệu quả việc chạy mô

phỏng với số lần lặp định trước. Ngoài ra, GAMA còn hỗ trợ tính toán song song trong quá trình thực hiện các lần lặp, qua đó giúp giảm đáng kể tổng thời gian mô phỏng.

Toàn bộ logic được mô tả trong Hình 3.5, trong mỗi lần lặp, quá trình lây lan của dịch tả lợn Châu Phi (ASF) trên địa bàn thành phố Hà Nội được mô phỏng trong khoảng thời gian 52 tuần. Khoảng thời gian này đủ dài để bao trùm một chu kỳ chăn nuôi lợn điển hình ở Việt Nam, thường kéo dài từ 6 đến 8 tháng. Mô phỏng được khởi tạo với tập các tham số bao gồm xác suất lây truyền, các hệ số của phân phối Poisson, cũng như các tham số điều khiển từng kịch bản mô phỏng. Chính các tham số này định hình đặc điểm và điều kiện của từng kịch bản được xem xét. Ở giai đoạn khởi tạo, mô hình tiến hành đọc dữ liệu về các hộ chăn nuôi và dữ liệu bản đồ địa lý của thành phố Hà Nội. Tiếp theo, các trang trại được khởi tạo với vị trí không gian và quy mô tương ứng tại từng quận, huyện. Sau đó, một trang trại vừa được lựa chọn ngẫu nhiên và gán trạng thái nhiễm bệnh ban đầu nhằm khởi phát quá trình mô phỏng.

Giai đoạn tiếp theo là xây dựng danh sách liên hệ giữa các trang trại, được thực hiện tại đầu mỗi bước mô phỏng. Với tổng thời gian mô phỏng là 52 tuần và mỗi bước mô phỏng tương ứng với một tuần, mô hình bao gồm 52 bước mô phỏng. Tại giai đoạn này, số lượng tiếp xúc trong mỗi tuần được tính toán lại, đồng thời có thể chịu ảnh hưởng bởi kịch bản mô phỏng đang xét. Chẳng hạn, trong kịch bản hạn chế di chuyển, số lượng tiếp xúc sẽ được điều chỉnh giảm theo hệ số hạn chế di chuyển tương ứng. Kết thúc giai đoạn này, mỗi trang trại sẽ có danh sách các tiếp xúc trực tiếp và danh sách các tiếp xúc gián tiếp, được phân tách theo từng loại hình trang trại. Giai đoạn cuối cùng mô phỏng các tương tác giữa các trang trại. Trong giai đoạn này, toàn bộ các trang trại được duyệt theo một thứ tự ngẫu nhiên, sử dụng cơ chế hỗ trợ sẵn có của công cụ GAMA. Nếu trang trại đang được xét ở trạng thái nhiễm bệnh, mô hình sẽ thực hiện quá trình lây nhiễm sang các trang trại khác dựa trên danh sách liên hệ của trang trại đó và xác suất lây truyền tương ứng của các trang trại đích.



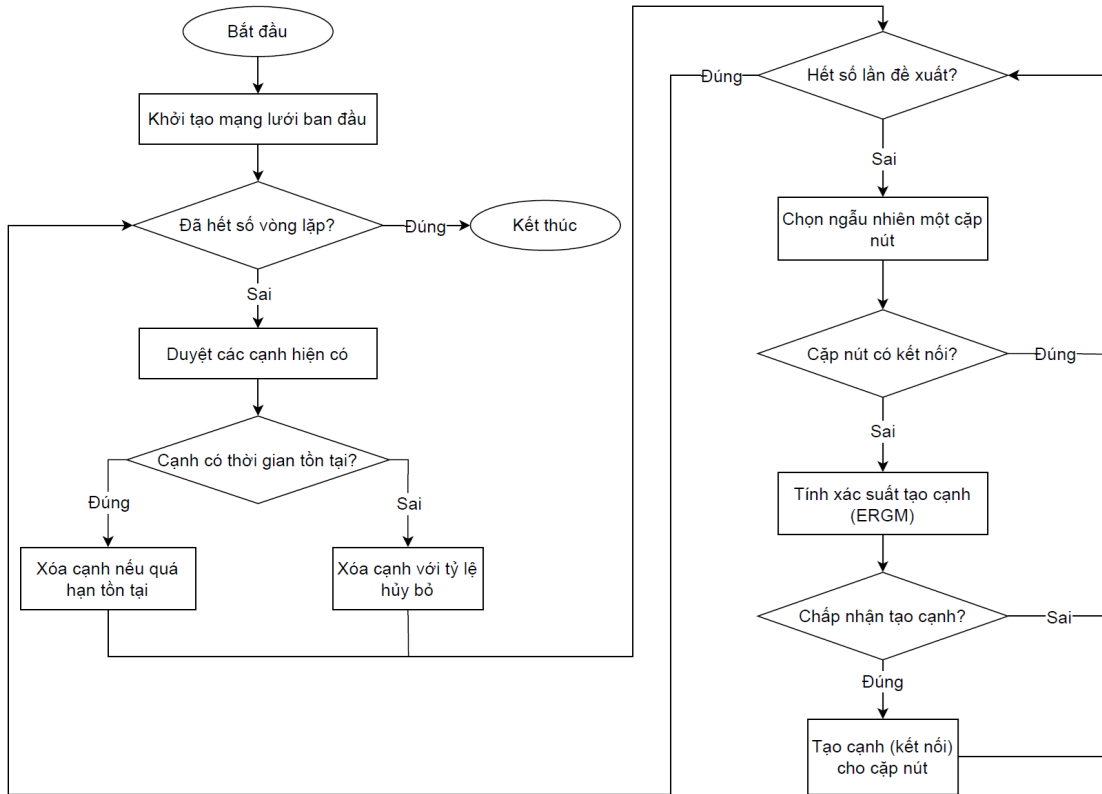
Hình 3.5: Lưu đồ luồng logic mô hình mô phỏng.

3.5 Xây dựng mô hình lây lan dựa trên mô hình mạng lưới động

3.5.1 Mô hình mạng lưới STERGMs

Mô hình mạng lưới STERGMs là mô hình đồ thị ngẫu nhiên hàm mũ theo thời gian tách biệt, một phương pháp mô hình hóa mạng lưới động được phát triển bởi Krivitsky và Handcock vào năm 2014 [66]. Trong STERGMs, mạng lưới được biểu diễn dưới dạng đồ thị, trong đó mỗi trang trại được biểu diễn như một nút và mối quan hệ thương mại giữa hai trang trại được biểu diễn như một cạnh nối hai nút đó. Cấu trúc này cho phép mô tả chính xác các mối quan hệ phức tạp giữa các trang trại trong mạng lưới. Ý tưởng cốt lõi của STERGMs là tách biệt sự thay đổi của mạng lưới thành hai quá trình độc lập là quá trình hình thành các kết nối mới (formation process), tức là tạo ra các cạnh mới giữa các nút chưa có kết nối và quá trình hủy bỏ các kết nối cũ (dissolution process), tức là loại bỏ các cạnh đang tồn tại khỏi

mạng lưới. Cách tiếp cận này cho phép mô hình hóa riêng biệt các yếu tố ảnh hưởng đến việc thiết lập quan hệ mới như khoảng cách địa lý, quy mô trang trại, tần suất giao dịch mong muốn và các yếu tố ảnh hưởng đến việc duy trì quan hệ cũ như lòng tin, chất lượng dịch vụ và tính ổn định. Hình 3.6 mô tả quá trình hoạt động của mô hình STERGMs.



Hình 3.6: Quá trình hoạt động của mô hình STERGMs.

Quá trình hình thành cạnh của mô hình quyết định xác suất tạo cạnh giữa hai nút (trang trại) chưa có kết nối, tương ứng với việc thiết lập một mối quan hệ thương mại. Xác suất này không đồng đều cho tất cả các cặp nút mà phụ thuộc vào các đặc trưng của cặp nút, và được tính toán dựa trên mô hình ERGMs [66].

Ý tưởng cốt lõi của mô hình ERGMs là thay vì tạo các cạnh hoàn toàn ngẫu nhiên, mô hình sẽ ưu tiên hoặc hạn chế một số loại kết nối nhất định dựa trên các quy tắc được định nghĩa trước [66]. Tại mỗi bước thời gian, mô hình thực hiện một số lượng đề xuất (*proposals*) cố định. Với mỗi đề xuất, một cặp trang trại chưa có kết nối sẽ được chọn ngẫu nhiên và mô hình sẽ xem xét khả năng tạo cạnh giữa chúng. Số lượng đề xuất phụ thuộc vào quy mô của mạng lưới và bậc trung bình của các nút. Điểm quan trọng là số lượng đề xuất không phụ thuộc vào số lượng kết nối hay cạnh hiện có; nói cách khác, mô hình không hướng tới việc đạt được một số

cạnh mục tiêu cố định mà để mạng lưới tự điều chỉnh thông qua các tham số của mô hình STERGMs. Đối với mỗi đề xuất, nếu cặp trang trại được chọn đã có kết nối thì đề xuất đó sẽ được bỏ qua và mô hình chuyển sang đề xuất tiếp theo. Nếu hai trang trại chưa có kết nối, mô hình sẽ tiến hành tính toán một đại lượng đánh giá, được gọi là *log-odds ratio* λ [67], nhằm quyết định việc chấp nhận hay từ chối việc tạo cạnh.

Giá trị *log-odds ratio* λ được xác định theo công thức:

$$\lambda = \sum_k \theta_k \Delta g_k \quad (3.2)$$

trong đó:

- θ_k là tham số thể hiện mức độ quan trọng của yếu tố k ;
- Δg_k là sự thay đổi của thống kê mạng k khi thêm một cạnh mới.

Nếu $\lambda > 0$, cạnh được *khuyến khích* tạo và ngược lại. Trong phạm vi của nghiên cứu này, bốn thống kê mạng được sử dụng, khi đó λ được tính như sau:

$$\lambda = \theta_{\text{edges}} \Delta g_{\text{edges}} + \theta_{\text{nodematch}} \Delta g_{\text{nodematch}} + \theta_{\text{degree}} \Delta g_{\text{degree}} + \theta_{\text{isolates}} \Delta g_{\text{isolates}} \quad (3.3)$$

Ý nghĩa của từng thành phần được mô tả như sau:

- **Mật độ cạnh (edges):** Với $\Delta g_{\text{edges}} = 1$ cho mỗi cạnh mới được đề xuất. Tham số θ_{edges} kiểm soát mật độ tổng thể của mạng lưới. Nếu $\theta_{\text{edges}} < 0$, mô hình sẽ hạn chế việc tạo quá nhiều cạnh, giúp mạng lưới không trở nên quá dày đặc.
- **Khớp loại trang trại (nodematch):** Nếu hai trang trại có cùng loại hoặc cùng quy mô, $\Delta g_{\text{nodematch}} = 1$, ngược lại bằng 0. Khi $\theta_{\text{nodematch}} > 0$, mô hình khuyến khích các trang trại đồng loại tạo kết nối với nhau, nhằm phản ánh các mối quan hệ thực tế.
- **Bậc của nút (degree):** Khi tạo một cạnh mới, bậc của mỗi trang trại trong cặp tăng thêm 1, do đó $\Delta g_{\text{degree}} = 2$. Tham số $\theta_{\text{degree}} < 0$ đóng vai trò *phạt* khi tổng bậc của mạng lưới tăng lên, hạn chế sự hình thành các nút có quá nhiều kết nối. Điều này giúp mạng lưới có xu hướng phân phối kết nối đồng đều hơn.
- **Trang trại cô lập (isolates):** Thống kê $\Delta g_{\text{isolates}}$ đếm số trang trại bị cô lập. Giá trị của thống kê này nằm trong khoảng từ -2 (cả hai trang trại đều bị cô lập) đến 0 (cả hai trang trại đều đã có kết nối). Với $\theta_{\text{isolates}} < 0$ kết hợp với $\Delta g_{\text{isolates}} \leq 0$, tích của hai đại lượng này sẽ mang giá trị dương, đồng nghĩa với việc mô hình khuyến khích kết nối các trang trại bị cô lập vào mạng lưới.

Sau khi tính được giá trị λ , quyết định chấp nhận hay từ chối việc tạo cạnh được thực hiện theo thuật toán Metropolis–Hastings [111], với xác suất chấp nhận:

$$P_{\text{accept}} = \min(1, e^\lambda) \quad (3.4)$$

Công thức (3.4) cho thấy rằng khi giá trị λ lớn, e^λ sẽ nhận giá trị lớn hơn 1 và do đó cạnh chắc chắn được chấp nhận tạo. Ngược lại, khi λ mang giá trị nhỏ hoặc âm, tức là cạnh bị hạn chế, việc tạo cạnh vẫn có thể xảy ra nhưng chỉ với một xác suất thấp. Cơ chế này cho phép mạng lưới duy trì tính ngẫu nhiên và đa dạng, tránh bị cố định trong một cấu hình duy nhất, đồng thời vẫn chịu sự chi phối của các quy luật cấu trúc được xác định bởi mô hình ERGMs.

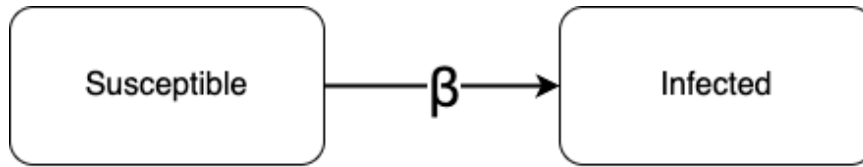
Bên cạnh quá trình hình thành cạnh, quá trình hủy bỏ cạnh quyết định xác suất một cạnh hiện có, tức là một quan hệ thương mại đang tồn tại, bị loại bỏ khỏi mạng lưới. Có hai cách tiếp cận chính để mô hình hóa quá trình này [66]. Cách tiếp cận thứ nhất sử dụng *tỷ lệ hủy bỏ* (*dissolution rate* hoặc *departure rate*) tại mỗi bước thời gian. Theo đó, mỗi cạnh hiện có mang một xác suất nhất định bị loại bỏ tại mỗi bước mô phỏng. Cách tiếp cận này phản ánh tính bất ổn và ngẫu nhiên trong các mối quan hệ thương mại, khi một số quan hệ có thể chấm dứt sớm trong khi các quan hệ khác duy trì lâu dài. Ví dụ, nếu tỷ lệ hủy bỏ bằng 0.5 thì trung bình khoảng 50% số cạnh trong mạng lưới sẽ bị loại bỏ trong mỗi tuần.

Cách tiếp cận thứ hai là sử dụng *thời gian tồn tại cố định của cạnh* (*edge duration*). Theo đó, mỗi cạnh khi được tạo ra sẽ được gán một khoảng thời gian tồn tại xác định, và sau khi hết khoảng thời gian này, cạnh sẽ tự động bị loại bỏ khỏi mạng lưới. Cách tiếp cận này phù hợp hơn với các quan hệ thương mại mang tính hợp đồng hoặc theo mùa vụ. Ví dụ, một cạnh được tạo ở tuần thứ 5 với thời gian tồn tại là 26 tuần sẽ tự động bị loại bỏ ở tuần thứ 31. So với cách tiếp cận dựa trên tỷ lệ hủy bỏ, phương pháp này cho phép kiểm soát chính xác hơn thời gian tồn tại của từng kết nối, tuy nhiên lại phản ánh kém hơn tính ngẫu nhiên trong thực tế. Sự kết hợp giữa hai quá trình hình thành và hủy bỏ cạnh tạo nên một mạng lưới động, trong đó số lượng cạnh dao động xung quanh một giá trị cân bằng được xác định bởi các tham số của mô hình. Điều này cho phép mô hình mô phỏng sự thay đổi liên tục của các mối quan hệ thương mại giữa các trang trại theo thời gian, phản ánh thực tế rằng mạng lưới giao dịch lợn không cố định mà luôn biến động.

3.5.2 Mô dịch tễ học SI-SIR

Mô hình SI

Mô hình SI là mô hình dịch tễ học mô tả sự lây lan của bệnh truyền nhiễm trong



Hình 3.7: Sự thay đổi trạng thái theo mô hình SI

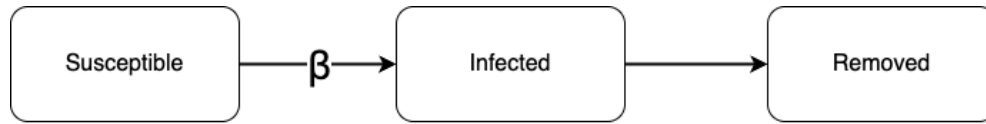
một quần thể với hai trạng thái [66]. Trạng thái nhạy cảm (S) đại diện cho các cá thể chưa nhiễm bệnh nhưng có thể bị lây nhiễm, trong khi đó, trạng thái nhiễm bệnh (I) đại diện cho các cá thể đã bị nhiễm và có khả năng lây bệnh cho những cá thể khác. Đặc điểm quan trọng của mô hình SI là quá trình chuyển đổi một chiều, một khi cá thể chuyển từ trạng thái S sang I, chúng sẽ duy trì trạng thái nhiễm bệnh mãi mãi và không có khả năng hồi phục hoặc được loại bỏ khỏi quần thể. Quá trình lây lan trong mô hình SI được đặc trưng bởi xác suất truyền nhiễm, ký hiệu là β . Khi một cá thể nhiễm bệnh tiếp xúc với một cá thể nhạy cảm, xác suất để cá thể nhạy cảm bị lây nhiễm chính là β .

Ví dụ, nếu $\beta = 0.6$ thì điều này có nghĩa là mỗi lần tiếp xúc giữa cá thể nhiễm bệnh và cá thể nhạy cảm có 60% khả năng dẫn đến lây nhiễm. Giá trị của β phụ thuộc vào nhiều yếu tố, bao gồm đặc tính của mầm bệnh, phương thức lây truyền và các biện pháp phòng ngừa được áp dụng như trong Hình 3.7.

Trong bối cảnh mô phỏng lây lan dịch bệnh tại các trang trại chăn nuôi lợn, mô hình SI đặc biệt phù hợp khi chưa xem xét đến sự can thiệp [52]. Mỗi trang trại được coi như là một đơn vị, một khi trang trại nhiễm bệnh, toàn bộ đàn lợn trong trang trại đó được coi là có khả năng lây nhiễm cho các trang trại khác thông qua các kết nối thương mại hoặc tiếp xúc. Trang trại sẽ duy trì trạng thái nhiễm bệnh này xuyên suốt thời gian mô phỏng và số lượng trang trại nhiễm bệnh sẽ tăng dần theo thời gian cho đến khi dịch bệnh lan tới tất cả các trang trại có thể tiếp cận được trong mạng lưới. Kết cục của mô hình SI là tất cả các cá thể trong quần thể cuối cùng đều sẽ nhiễm bệnh, miễn là có ít nhất một đường kết nối từ nguồn lây ban đầu đến các cá thể. Điều này phản ánh một kịch bản "không có can thiệp" hoặc "tự nhiên", cho phép đánh giá được tiềm năng lây lan tối đa của dịch bệnh trong một quần thể. Mô hình SI là một mô hình đơn giản nhưng hữu ích trong việc hiểu rõ động lực học lây lan cơ bản và làm nền tảng để phát triển các mô hình phức tạp hơn.

Mô hình SIR

Trạng thái R có thể được định nghĩa cho nhiều tình huống khác nhau, tùy thuộc vào bối cảnh ứng dụng. Trong dịch tễ học người, R thường đại diện cho những cá



Hình 3.8: Sự thay đổi trạng thái theo mô hình SIR.

thể đã hồi phục và có miễn dịch, hoặc những cá thể đã tử vong do bệnh [85].

Tuy nhiên, trong bối cảnh kiểm soát dịch bệnh gia súc, đặc biệt là bệnh dịch tả lợn châu Phi (ASF), trạng thái R thường được sử dụng để biểu diễn các trang trại đã bị tiêu hủy hoàn toàn nhằm ngăn chặn sự lây lan của dịch bệnh.

3.5.3 Tích hợp STERGMs với mô hình dịch tế học

Việc kết hợp mô hình STERGMs với các mô hình dịch tế học như SI hoặc SIR nhằm mô phỏng quá trình lây lan dịch bệnh trong điều kiện mạng lưới tiếp xúc thay đổi theo thời gian [61]. Tại mỗi bước thời gian, quy trình mô phỏng được thực hiện qua hai giai đoạn liên tiếp.

Trước hết, mô hình STERGMs cập nhật cấu trúc mạng lưới thông qua hai quá trình *hình thành cạnh* (formation) và *hủy bỏ cạnh* (dissolution), từ đó tạo ra mạng lưới kết nối giữa các trang trại tại thời điểm hiện tại. Tiếp theo, mô hình dịch tế học được áp dụng trên cấu trúc mạng lưới này để mô phỏng quá trình lây lan dịch bệnh, trong đó các trang trại đang nhiễm bệnh có thể truyền bệnh sang các trang trại nhạy cảm được kết nối với chúng, dựa trên tỷ lệ tiếp xúc trong mỗi bước thời gian và xác suất truyền nhiễm β [73].

Sự tích hợp giữa mô hình mạng động và mô hình dịch tế học cho phép phản ánh đồng thời hai khía cạnh quan trọng của thực tế. Thứ nhất, cấu trúc mạng lưới không cố định mà thay đổi liên tục theo thời gian, phản ánh quá trình các trang trại thiết lập và chấm dứt các mối quan hệ thương mại. Thứ hai, quá trình lây lan dịch bệnh phụ thuộc hoàn toàn vào cấu trúc kết nối tại từng thời điểm, theo đó một trang trại chỉ có thể lây bệnh cho những đối tác mà nó đang có kết nối, và tập các đối tác này có thể thay đổi theo thời gian.

Các đặc trưng của mạng lưới như mức độ kết nối và tính ổn định có ảnh hưởng trực tiếp đến động lực học lây lan của dịch bệnh. Mạng lưới có mức độ kết nối cao tạo ra nhiều con đường lây lan tiềm năng hơn, trong khi mạng lưới ổn định có xu hướng hạn chế phạm vi lây lan trong một nhóm trang trại tương đối cố định. Những hiểu biết này cung cấp cơ sở khoa học cho việc thiết kế và đánh giá các biện pháp kiểm soát dịch bệnh dựa trên can thiệp vào cấu trúc mạng lưới.

3.5.4 Hàm truyền nhiễm kernel

Trong thực tế, khoảng cách địa lý đóng một vai trò quan trọng trong việc xác định nguy cơ lây lan dịch bệnh giữa các trang trại. Các trang trại gần nhau thường có nguy cơ lây nhiễm cao hơn do một số yếu tố như di chuyển của con người và các phương tiện. Để phản ánh ảnh hưởng của khoảng cách địa lý, khái niệm hàm kernel truyền nhiễm (transmission kernel) được sử dụng rộng rãi trong các mô hình dịch tễ học không gian [19].

Hàm kernel truyền nhiễm là một hàm toán học mô tả mối quan hệ giữa khoảng cách địa lý và xác suất lây nhiễm giữa các cá thể trong quần thể. Hàm này có dạng giảm dần theo khoảng cách, hay nói cách khác, mức độ lây nhiễm cao ở khoảng cách gần và giảm dần khi khoảng cách tăng lên [19]. Trong các nghiên cứu về dịch bệnh gia súc, hàm truyền nhiễm đã được ước tính từ dữ liệu dịch bệnh thực tế nhằm định lượng cơ chế lây lan lân cận, một cơ chế lây lan quan trọng trong các đợt bùng phát dịch bệnh trên đàn lợn.

Một dạng phổ biến của hàm kernel truyền nhiễm được phát triển bởi Boender và cộng sự dựa trên dữ liệu dịch tả lợn cổ điển tại Hà Lan trong giai đoạn 1997–1998 [18]. Công thức của hàm này sau đó được Cơ quan An toàn Thực phẩm Châu Âu (EFSA) đề xuất sử dụng cho mô hình hóa dịch tả lợn Châu Phi (ASF) do tính chất lây lan tương đồng giữa hai loại dịch bệnh [34]. Hàm kernel có dạng:

$$w_{ij} = \frac{k_0}{1 + \left(\frac{h_{ij}}{r_0}\right)^\alpha} \quad (3.5)$$

Trong đó:

- w_{ij} là trọng số khoảng cách giữa trang trại i và trang trại j .
- h_{ij} là khoảng cách Euclid giữa hai trang trại, đơn vị tính bằng km hoặc m.
- k_0 là giá trị của w_{ij} khi khoảng cách $h_{ij} = 0$, thường được chuẩn hóa bằng 1.
- r_0 là khoảng cách tại đó $w_{ij} = 0.5 \cdot k_0$, tức là khoảng cách mà ảnh hưởng truyền nhiễm giảm còn một nửa.
- α là tham số hình dạng của kernel, quyết định độ dốc của sự suy giảm xác suất lây nhiễm theo khoảng cách.

3.5.5 Bậc trung bình cơ sở

Bậc trung bình được định nghĩa là lượng kết nối trung bình mà mỗi trang trại có với các trang trại khác trong hệ thống [73]. Trong ngữ cảnh chăn nuôi lợn, bậc

trung bình phản ánh mức độ kết nối và tương tác giữa các trang trại thông qua các hoạt động mua bán, trao đổi lợn và các hình thức tiếp xúc khác.

Đối với quần thể trang trại, mỗi giá trị bậc trung bình tương ứng với một số lượng cạnh cụ thể trong mạng lưới. Ví dụ, với 1000 trang trại, bậc trung bình bằng 0.75 tương đương với 375 cạnh, nghĩa là tồn tại 375 mối kết nối tiếp xúc giữa các trang trại trong toàn hệ thống.

Giá trị bậc trung bình càng cao cho thấy mạng lưới càng dày đặc với nhiều đường truyền bệnh tiềm năng, trong khi giá trị thấp phản ánh hệ thống có ít kết nối hơn và các trang trại tương đối cô lập.

Để đánh giá tác động của mức độ kết nối lên quá trình lây lan dịch bệnh, ba kịch bản với các giá trị bậc trung bình khác nhau được thiết lập như trình bày trong Bảng 3.4. Kịch bản cơ sở với bậc trung bình bằng 0.75 dựa trên giả định rằng khoảng 75% trang trại tham gia vào hoạt động di chuyển lợn nhằm phản ánh điều kiện thực tế. Kịch bản thấp (0.5) mô phỏng tình huống kiểm soát chặt chẽ việc di chuyển hoặc hệ thống có ít giao dịch, trong khi kịch bản cao (1.0) thể hiện hệ thống có hoạt động mua bán sôi động và nhiều kết nối giữa các trang trại. Sự thay đổi bậc trung bình

Bảng 3.4: Bậc trung bình sử dụng

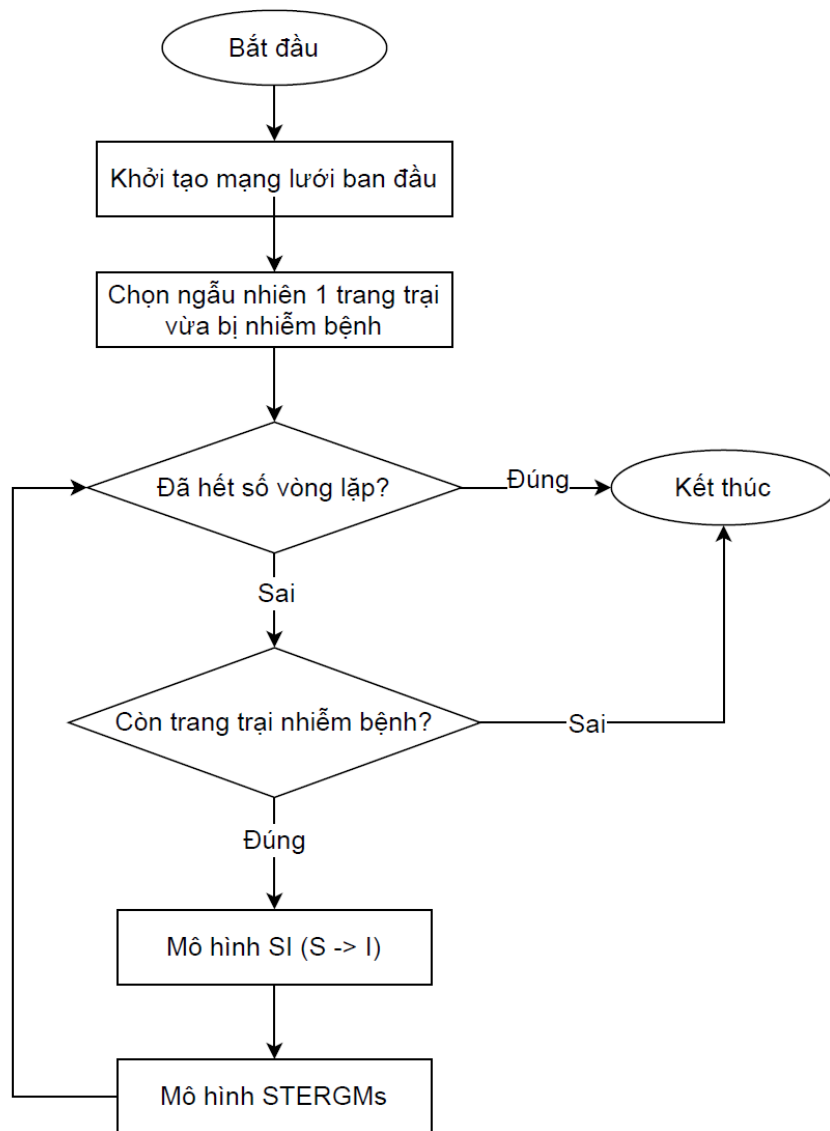
Bậc trung bình	Giá trị
Cơ sở	0.75
Cao	1.0
Thấp	0.5

cho phép đánh giá mức độ nhạy cảm của sự lây lan dịch bệnh đối với cấu trúc mạng lưới, từ đó cung cấp cơ sở cho các chính sách kiểm soát di chuyển lợn và quản lý dịch bệnh.

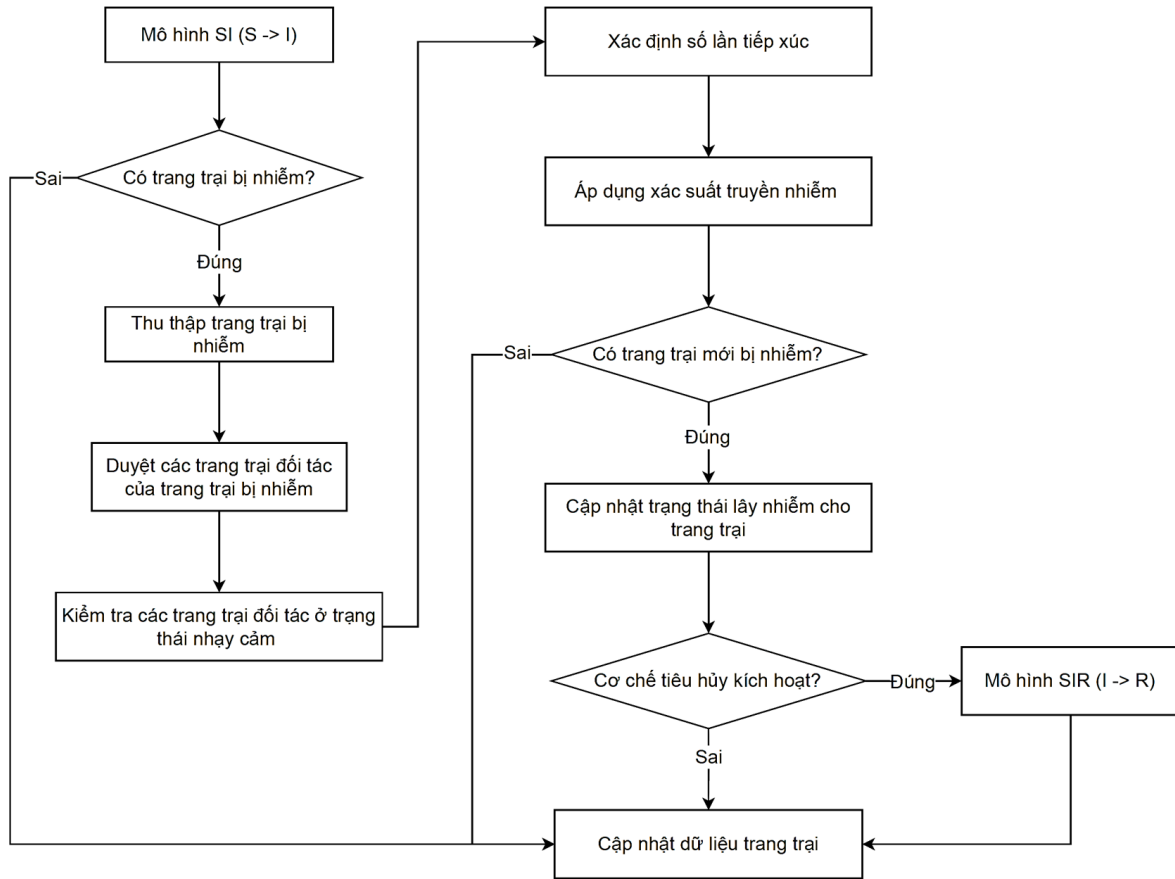
3.5.6 Lưu đồ mô hình mô phỏng

Mô hình mô phỏng được thiết kế dựa trên mạng lưới động STERGMs kết hợp với các quá trình dịch tễ học SI và SIR để mô phỏng sự lây lan dịch bệnh giữa các trang trại chăn nuôi lợn. Quy trình mô phỏng được chia thành ba giai đoạn chính và được minh họa qua ba lưu đồ tương ứng.

Mô phỏng bắt đầu với việc khởi tạo mạng lưới ban đầu dựa trên các tham số đã thiết lập. Một trang trại vừa sẽ được chọn ngẫu nhiên làm điểm phát dịch bệnh và các trang trại còn lại được coi là nhạy cảm và hoàn toàn có khả năng bị nhiễm. Mô



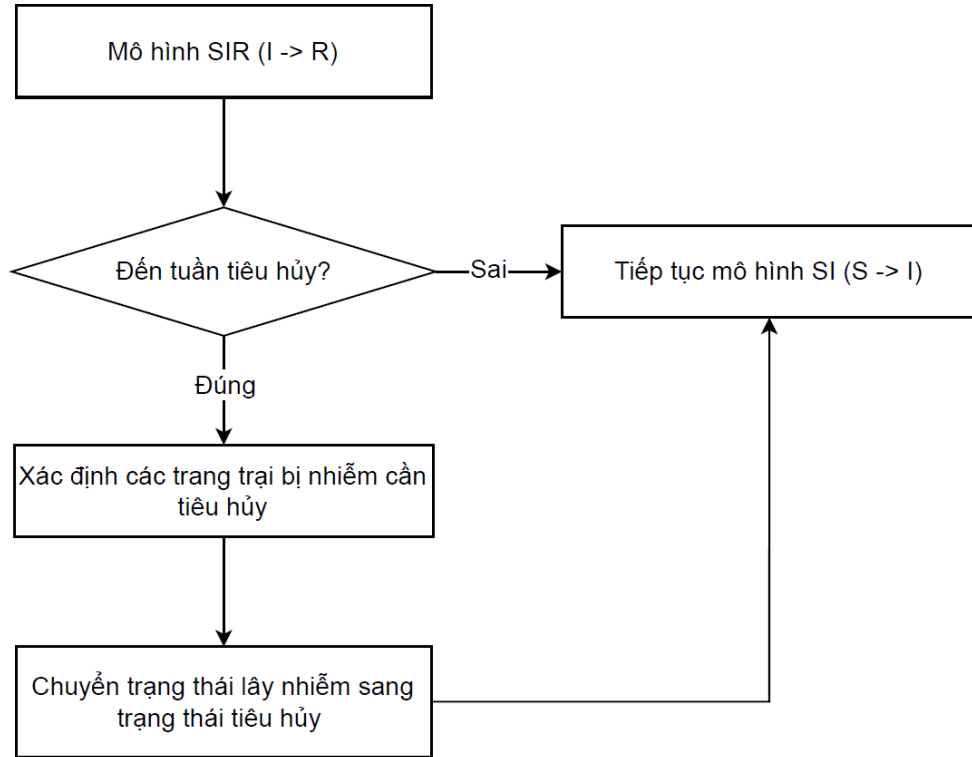
Hình 3.9: Lưu đồ khởi tạo mạng lưới trong mô hình (giai đoạn 1).



Hình 3.10: Lưu đồ lây lan trong mạng lưới (giai đoạn 2).

hình sau đó kiểm tra điều kiện dừng dựa trên số vòng lặp thời gian đã được thiết lập trước, tương ứng với 52 tuần như trong Hình 3.9. Một điểm cần lưu ý, trong kịch bản mô phỏng với hàm kernel truyền nhiễm, mô hình sẽ sử dụng phương pháp lấy mẫu lân cận. Ở phương pháp này, các trang trại trong bán kính 3km hay 3000m sẽ được khuyến khích tạo kết nối với nhau [94]. Xác suất để tạo kết nối với các trang trại trong bán kính đó là 95%. Các trang trại ở xa sẽ có xác suất kết nối là 5%, điều này nhằm đảm bảo tính ngẫu nhiên của mô hình, cũng như tính thực tiễn. Trong quá trình chăn nuôi lợn, việc giao thương thường diễn ra ở các trang trại gần nhau, tuy nhiên, vẫn luôn có khả năng giao thương với các trang trại ở xa. Sau khi đã có cấu trúc mạng lưới và có trang trại nhiễm bệnh, mô hình chuyển sang giai đoạn mô phỏng lây lan dịch bệnh theo mô hình SI.

Giai đoạn thứ hai trong Hình 3.10 tập trung vào quá trình lây lan dịch bệnh giữa các trang trại. Mô hình kiểm tra xem có trang trại nào bị nhiễm trong bước thời gian hiện tại hay không. Nếu có, trang trại đó được ghi nhận vào danh sách các trang trại bị nhiễm và trở thành nguồn lây nhiễm tiềm năng cho các trang trại khác trong các bước thời gian tiếp theo. Mô hình sau đó duyệt qua tất cả các trang trại



Hình 3.11: Lưu đồ can thiệp tiêu hủy (giai đoạn 3).

đối tác của trạng thái bị nhiễm để xác định các trạng thái nhạy cảm có nguy cơ bị lây nhiễm. Đối với mỗi trạng thái nhạy cảm được xác định, mô hình sẽ tính toán số lượng tiếp xúc dựa trên tỷ lệ tiếp xúc giữa các trạng thái và áp dụng xác suất truyền nhiễm với số lượng tiếp xúc đã tính để quyết định xem trạng thái đó có bị lây nhiễm hay không. Với kịch bản mô phỏng áp dụng hàm kernel truyền nhiễm, xác suất truyền nhiễm còn chịu ảnh hưởng bởi trọng số truyền nhiễm. Nếu có trạng thái mới bị nhiễm, trạng thái của trạng thái được cập nhật từ nhạy cảm sang bị nhiễm. Trong trường hợp cơ chế hủy bỏ tiêu hủy được kích hoạt, mô hình được chuyển sang giai đoạn 3 tiếp theo. Giai đoạn thứ 3 cuối cùng thực hiện biện pháp can thiệp tiêu hủy trạng thái bị nhiễm theo mô hình SIR. Trong Hình 3.11 mô hình kiểm tra xem đã đến thời điểm tiêu hủy theo kế hoạch can thiệp hay chưa. Nếu chưa đến thời điểm tiêu hủy, mô hình tiếp tục với quá trình mô phỏng SI như bình thường. Khi đến thời điểm tiêu hủy, mô hình xác định tất cả các trạng thái bị nhiễm cần tiêu hủy dựa trên thời gian từ khi phát hiện nhiễm bệnh. Các liên kết của các trạng thái này với các trạng thái khác được xóa bỏ để ngăn chặn sự lây lan tiếp theo. Trạng thái của các trạng thái bị tiêu hủy được chuyển từ nhiễm bệnh (Infected) sang hủy bỏ (Removed), nghĩa là chúng không còn tham gia vào quá trình lây lan dịch bệnh

trong các bước thời gian còn lại của mô phỏng. Sau khi thực hiện can thiệp, mô hình quay trở lại giai đoạn mô phỏng SI để tiếp tục theo dõi sự lây lan trong các trang trại còn lại cho đến khi đạt điều kiện dừng (hết số vòng lặp hoặc biện pháp tiêu hủy được thực hiện thành công).

3.6 Thực nghiệm và đánh giá

3.6.1 Dữ liệu mô phỏng

Dữ liệu bản đồ

- Dữ liệu bản đồ được sử dụng trong nghiên cứu là bản đồ của tỉnh Hải Dương (Hải phòng hiện nay) cho mô phỏng mạng lưới STERDMs [1, 2].
- Dữ liệu bản đồ Hà Nội được lấy từ dữ liệu bản đồ Việt Nam cho mô phỏng NAADSM [2].

Luận án sử dụng công cụ QGIS để trích xuất các dữ liệu cần thiết cho mô hình. Cụ thể, hai lớp dữ liệu ADM1_EN và ADM1_VN được sử dụng để xác định ranh giới hành chính của tỉnh Hải Dương. Dựa trên lớp bản đồ tham chiếu này, công cụ *Clip* trong QGIS được áp dụng nhằm trích xuất các lớp dữ liệu thành phần còn lại, bao gồm đường giao thông, sông và vùng nước, bảo đảm tất cả các đối tượng không gian đều nằm trong phạm vi địa lý của khu vực.

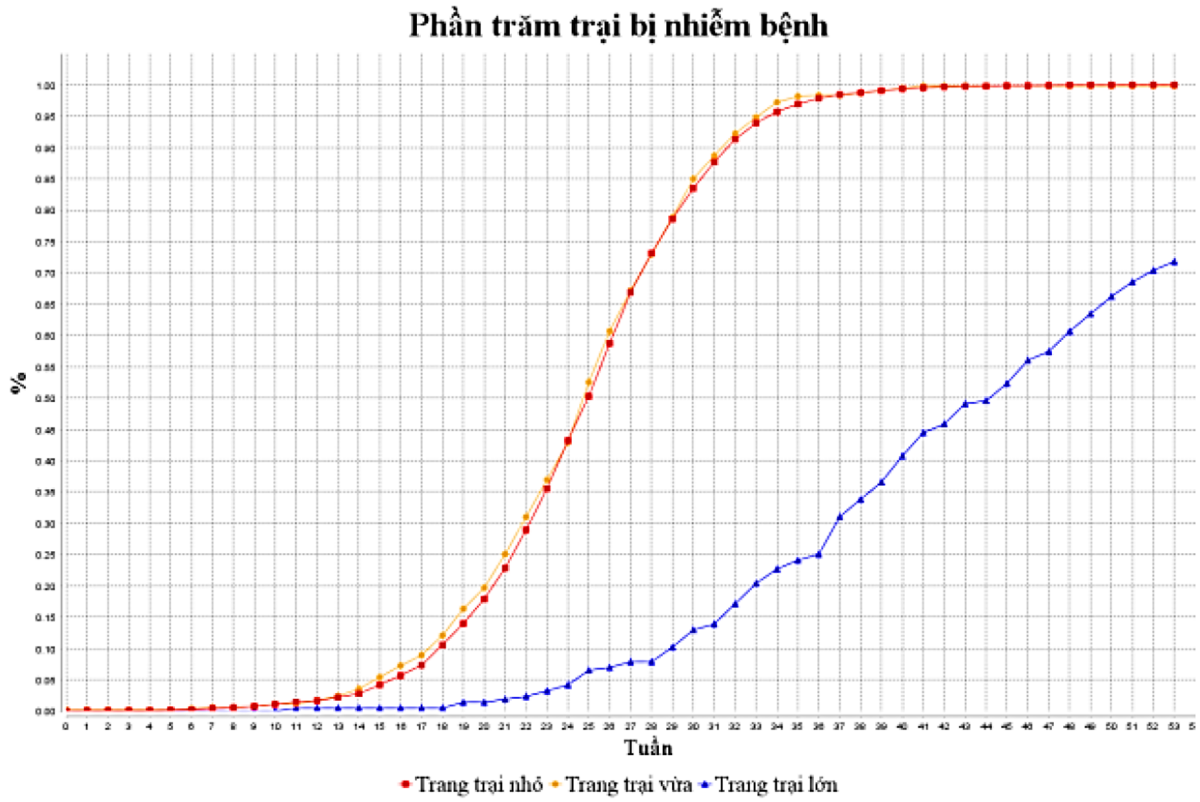
Dữ liệu chăn nuôi

Dữ liệu về quy mô đàn lợn được thu thập từ Cổng thông tin Chăn nuôi Việt Nam (<https://channuoivietnam.com/>), một nguồn dữ liệu chính thức cung cấp thông tin thống kê ngành chăn nuôi trên phạm vi toàn quốc. Bộ dữ liệu ban đầu ở định dạng .xls bao gồm thông tin chi tiết về số lượng hộ chăn nuôi lợn phân theo các cấp độ quy mô từ nhỏ đến lớn. Để phục vụ mục đích xử lý và tích hợp vào mô hình, dữ liệu được chuyển đổi sang định dạng .csv. Dữ liệu chăn nuôi lợn cho mô phỏng NAADSM được lấy tại Hà Nội năm 2020 và cho mô hình STERGMs tại Hải Dương năm 2021.

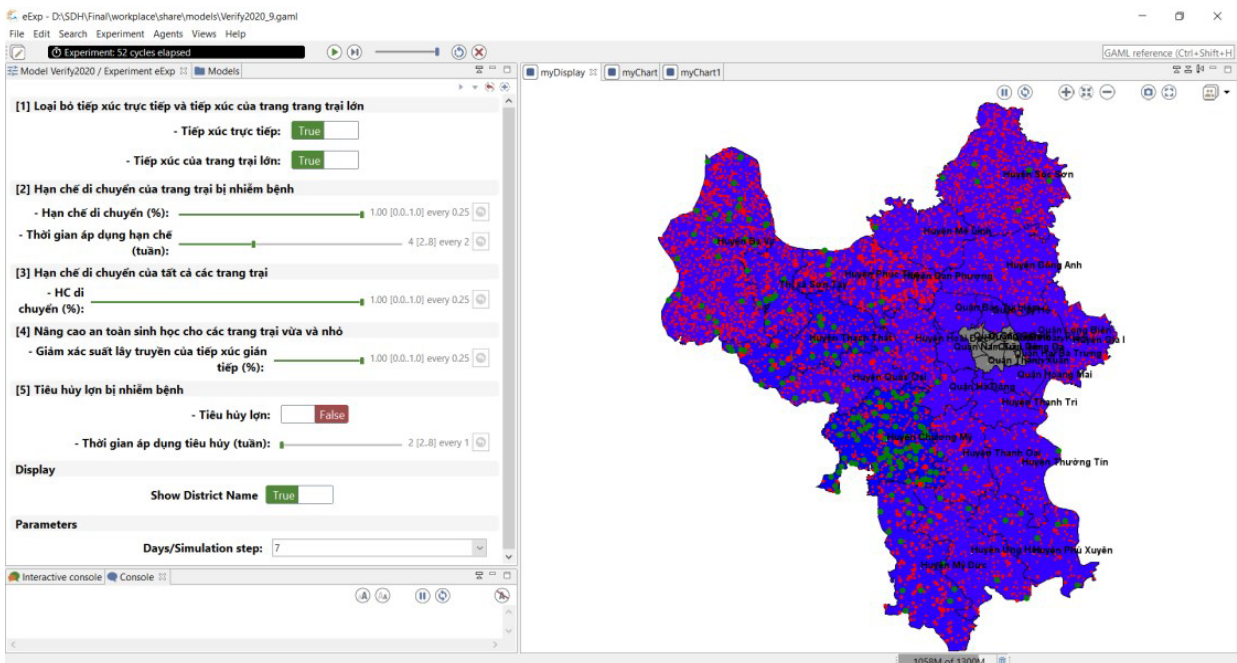
3.6.2 Kết quả đánh giá độ nhạy của tham số đầu vào mô hình NAADSM qua các kịch bản

3.6.2.1 Kịch bản cơ sở

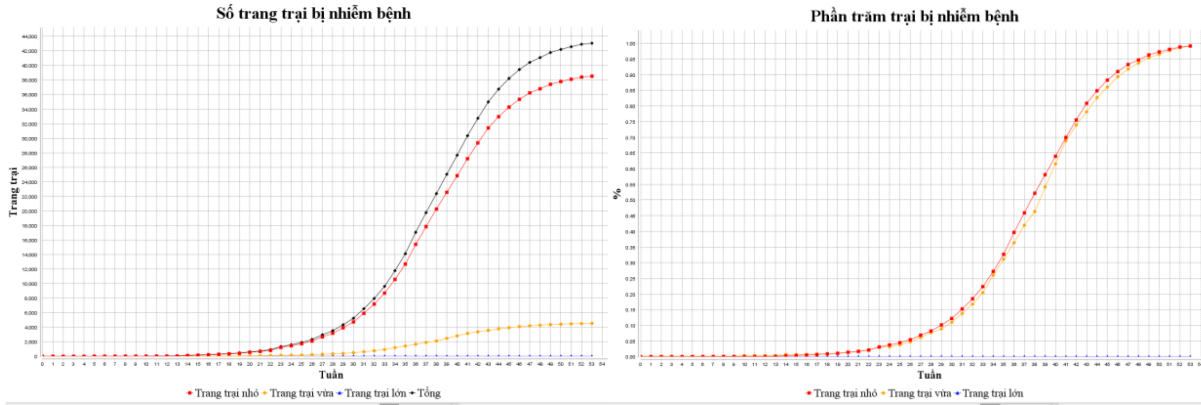
Trong kịch bản cơ sở, không có biện pháp phòng chống lây lan dịch bệnh nào được áp dụng. Kết quả mô phỏng kịch bản cơ sở được thể hiện trong hình 3.12.



Hình 3.12: Kết quả mô phỏng kịch bản cơ sở.



Hình 3.13: Mô phỏng trực quan với công cụ GAMA ở kịch bản cơ sở.



Hình 3.14: Kết quả số trang trại nhiễm bệnh khi mô phỏng loại bỏ tiếp xúc trực tiếp và tiếp xúc của trang trại lớn.

Có thể thấy ở tuần thứ 33 hầu hết các trang trại đã bị nhiễm bệnh. Số các trang trại chưa bị nhiễm bệnh còn lại hầu hết là các trang trại lớn nơi có mức độ an toàn sinh học cao. Kết quả phần trăm trang trại bị nhiễm bệnh càng thể hiện rõ hơn điều này (hình 3.12). Với công cụ GAMA các trang trại bị nhiễm bệnh được thể hiện bằng chấm đỏ, các trang trại chưa bị nhiễm bệnh được thể hiện bằng chấm xanh trên bản đồ Hà Nội. Kích thước của chấm cũng thể hiện loại hình trang trại lớn, vừa, bé tương ứng (Hình 3.13)

3.6.2.2 Loại bỏ tiếp xúc trực tiếp và tiếp xúc của trang trại lớn

Kịch bản loại bỏ tiếp xúc trực tiếp và tiếp xúc của trang trại lớn cho phép đánh giá vai trò của tiếp xúc trực tiếp, tiếp xúc gián tiếp vào tốc độ lây lan ASF. Từ việc thay đổi hai tham số liên quan đến loại bỏ tiếp xúc trực tiếp và tiếp xúc của trang trại lớn, chúng ta có thể tạo ra 2 kịch bản dùng cho đánh giá là kịch bản loại bỏ tiếp xúc trực tiếp và kịch bản loại bỏ tiếp xúc của trang trại lớn. Hai kịch bản này sẽ được so sánh, đánh giá với kịch bản cơ sở là trường hợp có cả tiếp xúc trực tiếp và tiếp xúc của các trang trại lớn các kết quả có thể thấy ở Hình 3.14.

Dựa vào kết quả ta có thể thấy được tiếp xúc gián tiếp có ảnh hưởng rất lớn đến sự lây lan dịch bệnh. Khi bỏ qua tiếp xúc trực tiếp thì kết quả cũng không thay đổi nhiều. Trang trại lớn có độ an toàn sinh học cao, khó bị lây nhiễm hơn. Do vậy việc bỏ qua tiếp xúc trang trại lớn cũng không ảnh hưởng nhiều đến kết quả.

Bảng 3.5: Kết quả số trang trại nhiễm bệnh khi loại bỏ các tiếp xúc trực tiếp và tiếp xúc của trang trại lớn

Loại tiếp xúc	Tổng	Nhỏ	Vừa	Lớn
Tiếp xúc trực tiếp và gián tiếp	44645	39444	5201	139
Chỉ có tiếp xúc gián tiếp	44615 (-0.07%)	39443 (-0.02%)	5172 (-0.56%)	127 (-9.45%)
Bỏ qua tiếp xúc trang trại lớn	44134 (-1.16%)	39340 (-0.27%)	5169 (-0.62%)	0 (-100%)

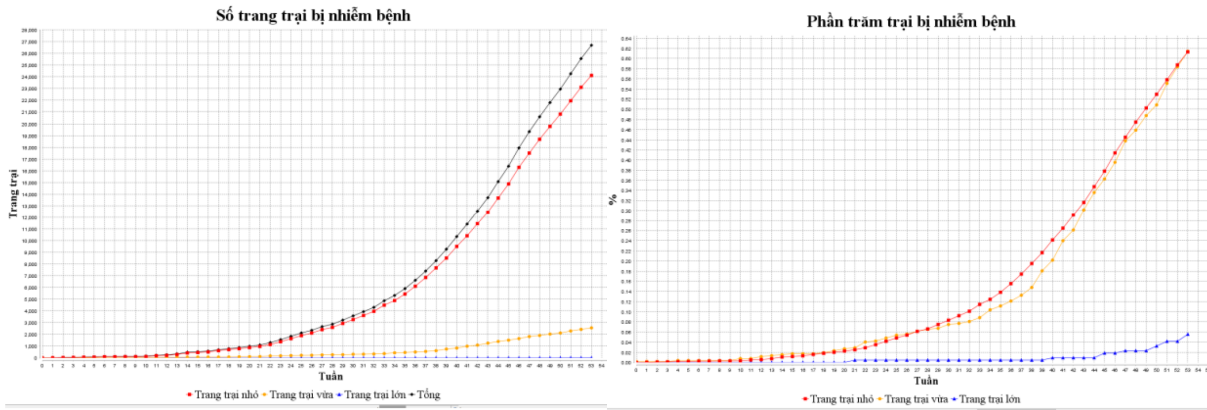
3.6.2.3 Hạn chế di chuyển của trang trại bị nhiễm bệnh

Kịch bản hạn chế di chuyển của các trang trại bị nhiễm bệnh được xây dựng nhằm đánh giá vai trò của biện pháp hạn chế di chuyển đối với tốc độ lây lan của bệnh dịch tả lợn châu Phi (ASF). Bằng cách thay đổi các tham số liên quan đến mức độ hạn chế di chuyển và thời gian áp dụng biện pháp này, mô hình cho phép xây dựng nhiều kịch bản khác nhau, chẳng hạn như hạn chế 25%, 50%, 75% và 100% hoạt động di chuyển của trang trại bị nhiễm sau 2, 4, 6 hoặc 8 tuần kể từ thời điểm phát hiện dịch.

Trong mô hình mô phỏng, biện pháp hạn chế di chuyển được biểu diễn thông qua việc giảm hệ số của phân phối Poisson khi ước lượng số lượng tiếp xúc trung bình hàng tuần mà một trang trại bị nhiễm có thể tạo ra. Cụ thể, khi một trang trại quy mô lớn bị áp dụng mức hạn chế di chuyển 50%, số lượng tiếp xúc trực tiếp trung bình hàng tuần tới các trang trại quy mô vừa được mô hình hóa theo phân phối Poisson(0.073/2), trong khi số lượng tiếp xúc gián tiếp trung bình hàng tuần từ các trang trại quy mô vừa được mô hình hóa theo phân phối Poisson(3.5/2), thay vì các phân phối ban đầu Poisson(0.073) và Poisson(3.5) như trong Hình 3.15 và Bảng 3.6.

Bảng 3.6: Kết quả khi hạn chế di chuyển của trang trại bị nhiễm bệnh

Hạn chế di chuyển	Số trang trại bị nhiễm trung bình				% thay đổi
	Tổng	Nhỏ	Vừa	Lớn	
Cơ sở	44645	39444	5201	139	NA
25%	44565	39236	5329	71	0.18
50%	44163	39049	5114	55	1.08
75%	26206	23112	3094	9	41.30
100%	126	0	0	0	99.72



Hình 3.15: Kết quả khi hạn chế 75% di chuyển của trang trại bị nhiễm bệnh

3.6.2.4 Hạn chế di chuyển của tất cả các trang trại

Kịch bản hạn chế di chuyển của tất cả các trang trại tương tự như kịch bản hạn chế di chuyển của các trang trại bị nhiễm bệnh. Điểm khác nhau ở đây là áp dụng hạn chế di chuyển lên tất cả các trang trại và áp dụng ngay từ khi bắt đầu mô phỏng (khi có dịch xuất hiện). Bằng việc thay đổi hệ số hạn chế di chuyển, chúng ta có thể tạo ra được các kịch bản khác như hạn chế 25/50/75% di chuyển của tất cả các trang trại như trong Hình 3.16 và Bảng 3.7.

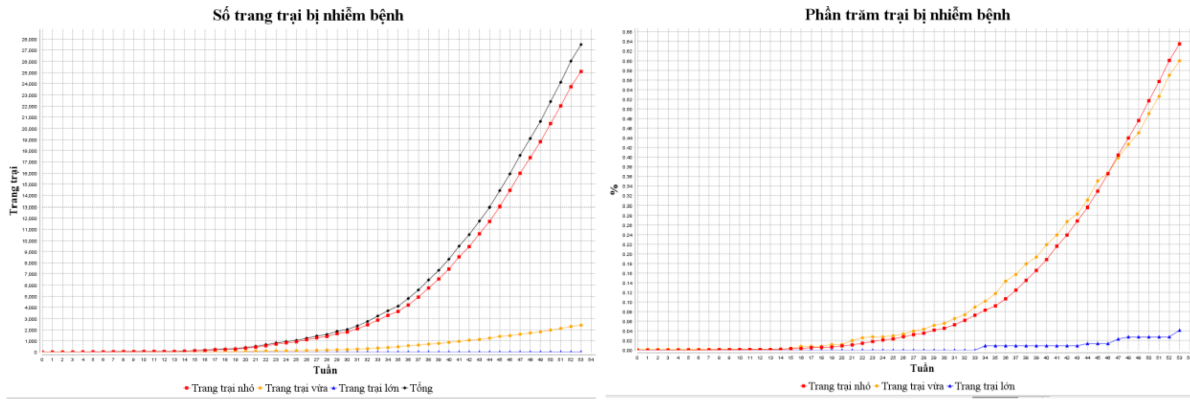
Bảng 3.7: Kết quả khi hạn chế di chuyển của tất cả các trang trại

Hạn chế di chuyển	Số trang trại bị nhiễm trung bình				% thay đổi
	Tổng	Nhỏ	Vừa	Lớn	
Cơ sở	44645	39444	5201	139	NA
25%	44354	38873	5481	71	0.65
50%	26655	23745	2912	6	40.30
75%	621	570	51	0	98.61

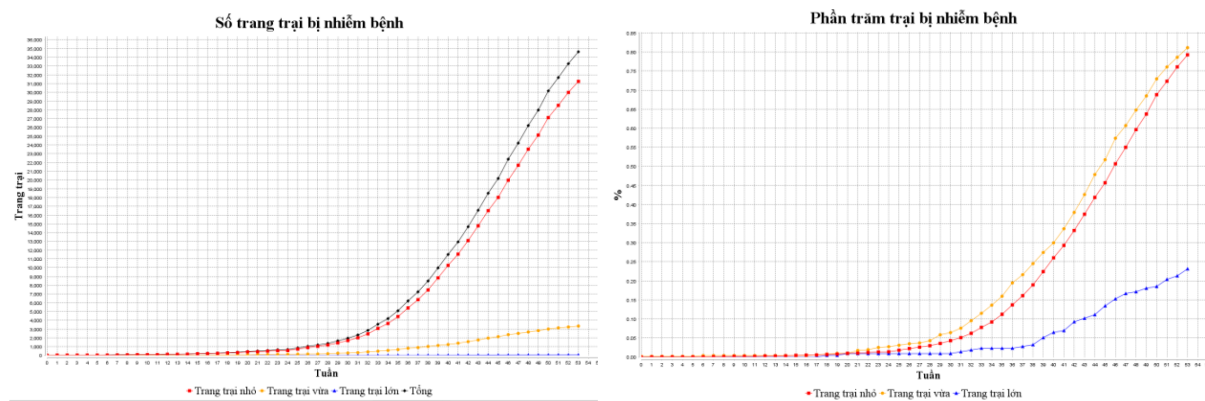
Việc hạn chế sự di chuyển của tất cả các trang trại đạt hiệu quả phòng ngừa lây lan dịch bệnh khá nhanh (khi đạt hạn chế lớn hơn 50%). Tuy nhiên, nếu hạn chế di chuyển tất cả các trang trại sẽ có tác động xấu đến kinh tế.

3.6.2.5 Nâng cao an toàn sinh học cho các trang trại vừa và nhỏ

Kịch bản nâng cao an toàn sinh học cho các trang trại vừa và nhỏ cho phép đánh giá vai trò của biện pháp nâng cao an toàn sinh học đến tốc độ lây lan ASF. Nâng



Hình 3.16: Biểu đồ kết quả khi hạn chế di chuyển của tất cả các trạng trại



Hình 3.17: Biểu đồ kết quả khi nâng cao 50% an toàn sinh học cho các trạng trại vừa và nhỏ

cao an toàn sinh học cho các trạng trại vừa và nhỏ giúp làm giảm xác suất lây truyền của tiếp xúc gián tiếp tới các trạng trại này. Bằng cách thay đổi tham số giảm xác suất lây truyền của tiếp xúc gián tiếp (của các trạng trại vừa và nhỏ), chúng ta có thể tạo ra các kịch bản khác như giảm xác suất lây truyền của tiếp xúc gián tiếp đi 25/50/75 %. Các kịch bản này sẽ được so sánh, đánh giá với kịch bản cơ sở khi không thay đổi xác suất lây truyền như trong Hình 3.17 và Bảng 3.6.2.5. Biện pháp nâng cao an toàn sinh học cho các trạng trại vừa và nhỏ bắt đầu có tác dụng khi giảm trên 50% xác suất lây truyền qua tiếp xúc gián tiếp.

Bảng 3.8: Kết quả khi nâng cao an toàn sinh học cho các trạng trại vừa và nhỏ

Tham số	Xác suất truyền		±% thay đổi của các tham số		Trung bình quy mô dịch	% thay đổi so với cơ sở
	Tiếp xúc trực tiếp	Tiếp xúc gián tiếp	Tiếp xúc trực tiếp	Tiếp xúc gián tiếp		
Cơ sở	0.6	0.6	N/A	N/A	44645	N/A
Giảm 25%	0.6	0.45	N/A	-25%	44605	0.09
Giảm 50%	0.6	0.3	N/A	-50%	34105	23.61
Giảm 75%	0.6	0.15	N/A	-75%	24646	44.80

3.6.2.6 Tiêu hủy lợn bị nhiễm bệnh

Kịch bản tiêu hủy lợn từ các trang trại bị nhiễm bệnh cho phép đánh giá vai trò của biện pháp tiêu hủy đến tốc độ lây lan của ASF. Bằng cách điều chỉnh tham số thời gian áp dụng tiêu hủy, chúng ta có thể tạo ra các khác nhau như tiêu hủy lợn sau 2/3/4/6 tuần kể từ khi trang trại bị nhiễm bệnh như trong Bảng 3.9.

Bảng 3.9: Kết quả tiêu hủy lợn bị nhiễm bệnh

Thời gian xử lý	Số trang trại bị nhiễm bệnh trung bình				% thay đổi so với cơ sở
	Tổng	Nhỏ	Vừa	Lớn	
Cơ sở	44645	39444	5201	139	N/A
6 tuần	44585	39380	5205	81	0.13
4 tuần	43302	37853	5449	64	3.01
3 tuần	310	292	21	0	99.31
2 tuần	48	44	7	0	99.89

Nếu có thể giảm thời gian chờ tiêu hủy xuống dưới 3 tuần thì sẽ cho hiệu quả phòng chống lây lan dịch ASF rất cao gần như có thể chặn đứng sự lây lan của dịch. Đây là biện pháp hiệu quả nhất trong số các biện pháp phòng chống dịch trong khi chưa có vắc xin của ASF.

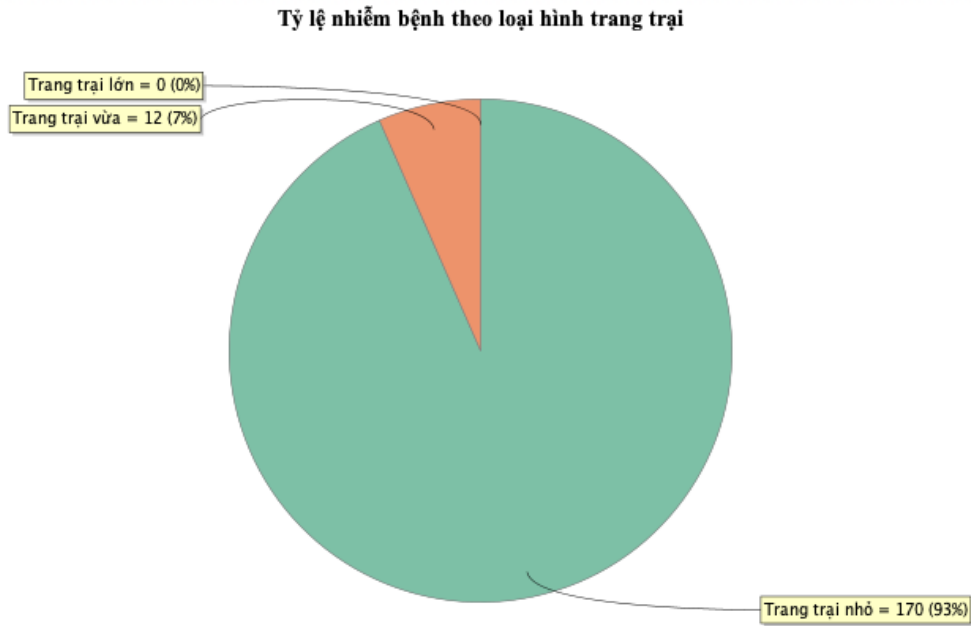
3.6.3 Kết quả đánh giá độ nhạy của tham số đầu vào của mô hình mạng lưới qua các kịch bản

3.6.3.1 Kịch bản các mức độ kết nối

Ba kịch bản với bậc trung bình khác nhau (cơ sở 0.75, cao 1.0, thấp 0.5) được thực thi với 200 lần lặp trong 52 tuần. Kết quả tổng hợp được trình bày trong Bảng 3.10 với giá trị trung vị và phạm vi phân vị 5% đến 95% của số trang trại bị nhiễm theo loại hình.

Bảng 3.10: Kết quả chạy mô phỏng ở các mức độ kết nối

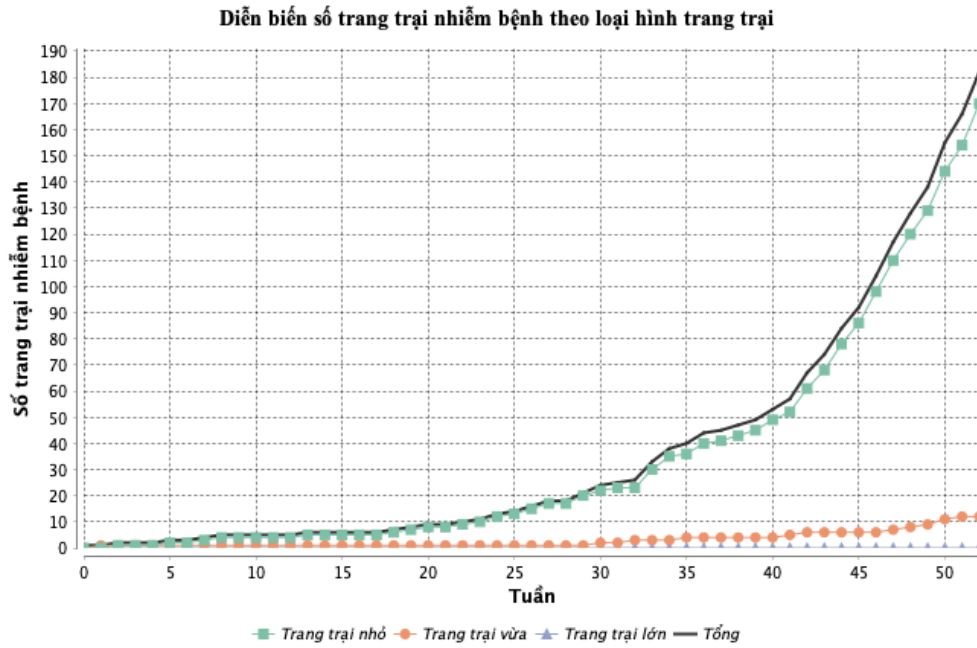
Mức độ kết nối	Trung vị số trại bị nhiễm (từ phân vị 5% đến 95%)				Tuần đạt đỉnh dịch
	Tổng	Nhỏ	Vừa	Lớn	
Cơ sở	99 (10–376)	93 (7–357)	6 (1–22)	0 (0–0)	52
Cao	371 (58–1438)	350 (52–1363)	20 (4–77)	0 (0–0)	52
Thấp	19 (2–71)	17 (1–70)	2 (1–6)	0 (0–0)	52



Hình 3.18: Biểu đồ tỷ lệ nhiễm bệnh theo loại hình trang trại ở bậc trung bình cơ sở.

Kết quả cho thấy một mối quan hệ trực tiếp giữa bậc trung bình và quy mô dịch bệnh. Cụ thể, thay đổi từ mức độ kết nối thấp lên cao, số lượng trang trại bị nhiễm trung vị tăng lên từ 19 lên 371, tức tăng gần 20 lần. Đây là một sự thay đổi có ảnh hưởng lớn đến quy mô dịch bệnh. Theo đó, nếu mạng có mật độ kết nối thấp, mạng trở nên quá phân mảnh, gây ảnh hưởng lớn tới quá trình lan rộng của dịch bệnh. Trong khi đó, nếu mạng có nhiều kết nối và đủ dày, dịch bệnh có thể tạo ra chuỗi lây nhiễm dài, làm tăng số lượng trang trại bị nhiễm. Khi quan sát thực tế tại Việt Nam, điều này có thể giải thích tại sao ASF lan nhanh vào các thời điểm cao điểm như các ngày lễ, Tết, khi mà mức độ kết nối tăng do nhu cầu giao thương và vận chuyển lợn cao hơn so với ngày thường. Một phát hiện quan trọng khác là độ rộng của khoảng tin cậy. Ví dụ, ở kịch bản cơ sở, số trang trại bị nhiễm giao động từ 10 đến 376, tức chênh lệch gần 40 lần. Điều này cho thấy, với cùng một cấu trúc mạng lưới, sự lan rộng của dịch bệnh có thể tự dập tắt hoặc bùng phát mạnh mẽ tùy thuộc vào trang trại phát bệnh và các kết nối của trang trại đó. Sự không chắc chắn này được hiểu rằng không thể dự đoán chính xác quy mô dịch mà chỉ dựa vào mức độ kết nối của mạng lưới. Trong một số trường hợp, dịch bệnh có thể tự giới hạn ở quy mô nhỏ, nhưng cũng có những trường hợp ngược lại. Điều này cũng lí giải tại sao một số ổ dịch ASF tại Việt Nam được kiểm soát nhanh trong khi ổ dịch khác lại lan rộng ra, mặc dù xuất phát từ điều kiện tương tự nhau.

Kết hợp giữa Bảng 3.10 và Hình 3.18 cho thấy, trang trại nhỏ chiếm tỷ trọng áp



Hình 3.19: Biểu đồ diễn biến số trang trại nhiễm bệnh theo loại hình trang trại ở bậc trung bình cơ sở.

đảo (89%-94%) trong tất cả các kịch bản. Điều này có ý nghĩa rằng các trang trại nhỏ với mật độ cao và khả năng an toàn sinh học thấp tạo thành động lực chính cho sự lan rộng của dịch bệnh. Ngược lại, không có trang trại lớn nào bị nhiễm càng cho thấy sự quan trọng của việc áp dụng các biện pháp an toàn sinh học và sự phân tầng rõ rệt trong ngành chăn nuôi.

Hình 3.19 là một minh họa về động lực học lây lan. Điểm quan trọng khi quan sát biểu đồ này là sự hiện diện của giai đoạn "im lặng" kéo dài cho đến tuần 35, sau đó dịch lây lan với tốc độ lớn. Chính trong giai đoạn, là khoảng thích hợp để áp dụng các biện pháp can thiệp. Tuy nhiên, thực tế, nhiều địa phương có xu hướng hạ thấp cảnh giác khi thấy bệnh không lan rộng trong thời gian đầu mà không biết rằng dịch đang âm thầm lây lan vào các trang trại trước khi bùng phát lớn. Một điểm đáng chú ý nữa là đường cong sau 52 tuần vẫn chưa đạt tới ngưỡng bão hòa cho thấy dù dịch bệnh lan chậm nhưng rất bền bỉ.

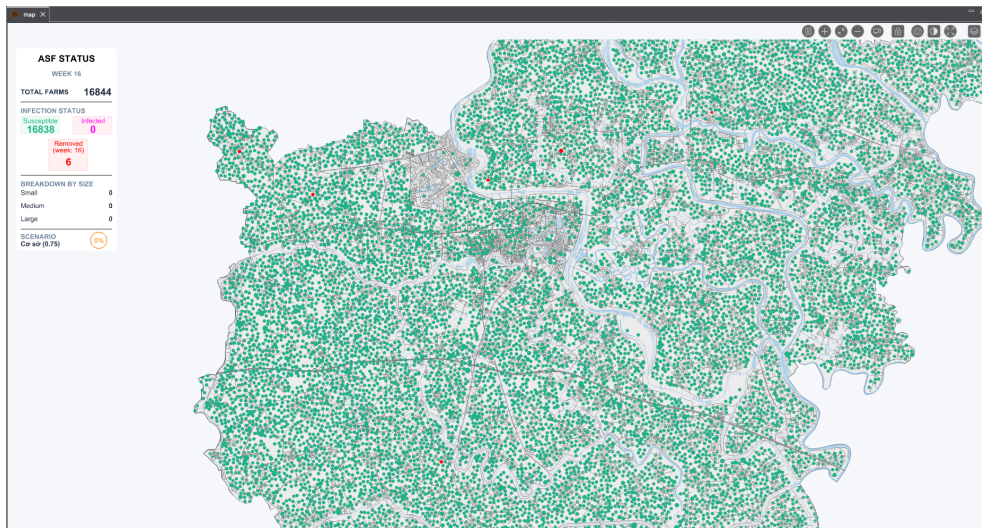
3.6.3.2 Chiến lược tiêu hủy lên trang trại nhiễm bệnh

Bốn kịch bản can thiệp tiêu hủy ở thời điểm khác nhau: tuần 6 (R4), tuần 8 (R3), tuần 12 (R2), và tuần 16 (R1), được thực hiện để đánh giá vai trò của yếu tố thời gian trong việc kiểm soát dịch bệnh như trong Bảng 3.11.

So với kịch bản cơ sở có 99 trang trại bị nhiễm, tất cả các kịch bản can thiệp đều đạt hiệu quả trên 93% như trong Hình 3.20. Sự khác biệt chỉ thực sự nằm ở con số

Bảng 3.11: Kết quả chạy mô phỏng khi áp dụng các chiến lược tiêu hủy

Kịch bản	Trung vị số trại bị nhiễm				% thay đổi của kết quả trung vị so với kịch bản cơ sở
	Tổng	Nhỏ	Vừa	Lớn	
Cơ sở	99	93	6	0	N/A
R1 (Tuần 16)	6	5	1	0	-93.94%
R2 (Tuần 12)	4	3	1	0	-95.96%
R3 (Tuần 8)	3	1	1	0	-96.97%
R4 (Tuần 6)	2	1	1	0	-97.98%



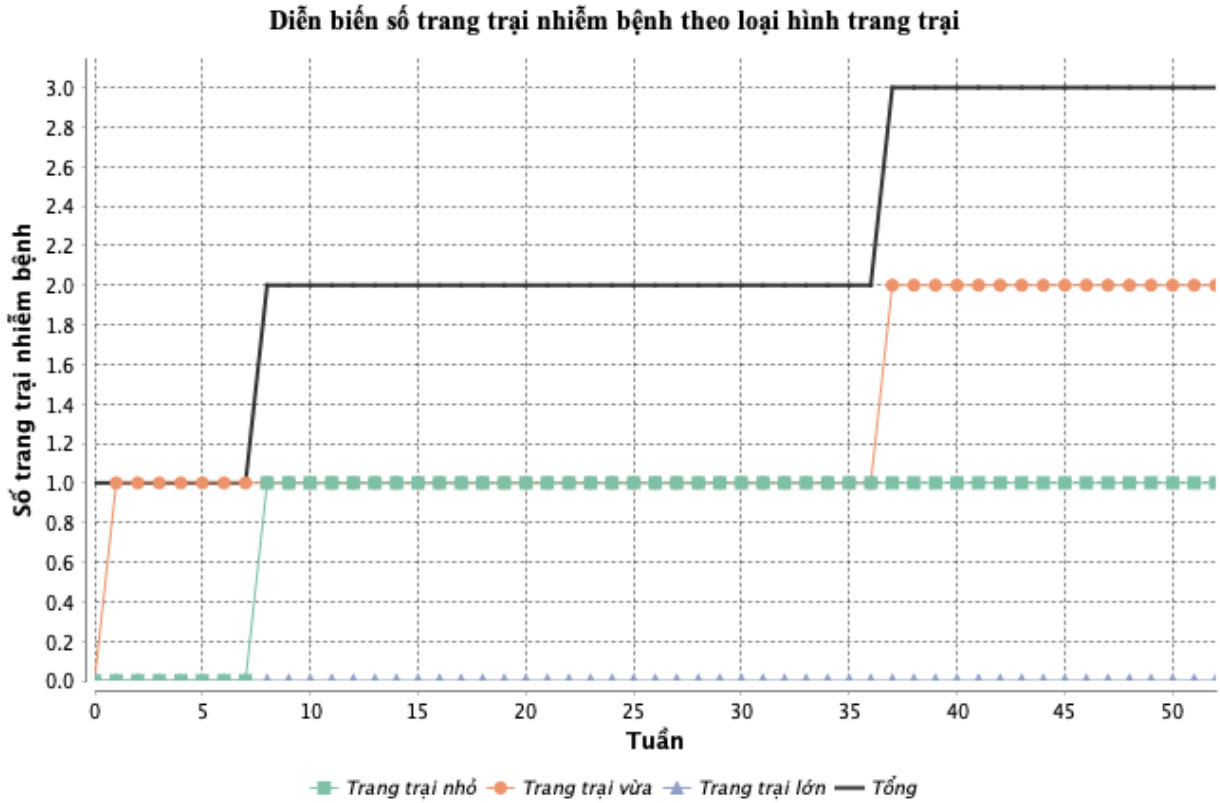
Hình 3.20: Giao diện mô phỏng áp dụng chiến lược tiêu hủy lên các trang trại.

tuyệt đối giữa các kịch bản. Ngoài ra, kết quả này là phù hợp với quan sát từ Hình 3.19 khi mà giai đoạn tăng trưởng thực sự bùng phát từ tuần 35. Việc can thiệp trong khoảng 6-16 tuần nằm đúng vào giai đoạn "im lặng" cho thấy càng can thiệp sớm, càng ít trang trại bị nhiễm, thu hẹp quy mô lan rộng của dịch bệnh.

Một điểm đáng chú ý là không có trang trại lớn nào bị nhiễm trong tất cả các kịch bản can thiệp, so với 3 trang trại trong kịch bản cơ sở. Điều này càng cho thấy tầm quan trọng của các biện pháp an toàn sinh học và sự can thiệp kịp thời nhằm bảo vệ các cơ sở sản xuất quy mô lớn.

3.6.3.3 Phân tích độ nhạy đối với các tỷ lệ tiếp xúc

Ba kịch bản giảm tỷ lệ tiếp xúc (25%, 50%, 75%) được thực hiện để đánh giá hiệu quả của biện pháp hạn chế tiếp xúc. Bằng biện pháp giảm tỷ lệ tiếp xúc, kết quả cho thấy sự hiệu quả lớn trong việc giảm số lượng các trang trại nhiễm bệnh,



Hình 3.21: Biểu đồ diễn biến số trang trại nhiễm bệnh khi tỷ lệ tiếp xúc giảm 75%.

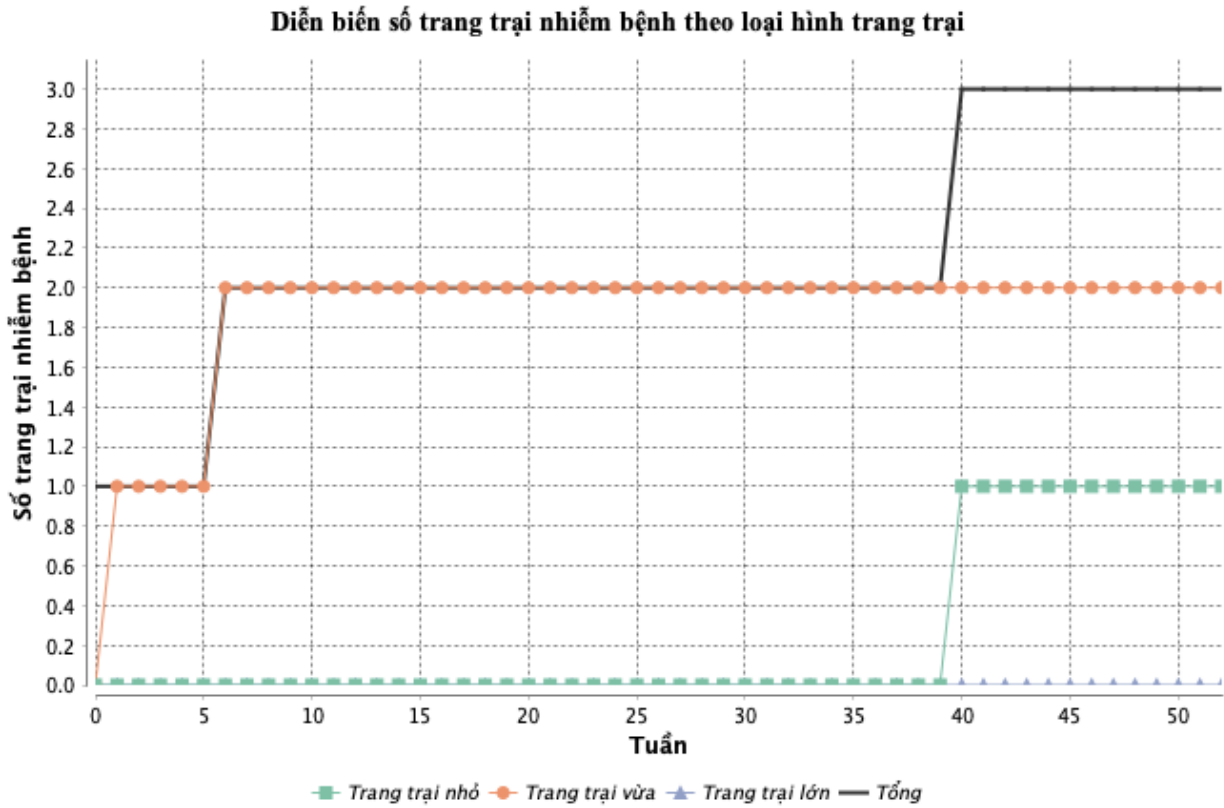
từ 69% lên đến hơn 96% ở kịch bản giảm 75% (Hình 3.21). Tuy nhiên, biện pháp này mang ảnh hưởng tiêu cực đến hoạt động kinh tế. Ví dụ, cấm vận chuyển, đóng cửa chợ gia súc hay kiểm soát chặt chẽ mọi di chuyển. Do đó, biện pháp mang hiệu quả nhanh chóng nhưng chỉ khả thi trong thời gian ngắn.

Bảng 3.12: Kết quả phân tích độ nhạy đối với các tỷ lệ tiếp xúc

Kịch bản	Trung vị số trại bị nhiễm				% thay đổi của kết quả trung vị so với kịch bản cơ sở
	Tổng	Nhỏ	Vừa	Lớn	
Cơ sở	99	93	6	0	N/A
-25%	30	27	2	0	-69.69%
-50%	10	9	1	0	-89.89%
-75%	3	2	1	0	-96.97%

3.6.3.4 Duy trì ổn định của các mối liên kết

Thay vì thay đổi đối tác thường xuyên như trong các kịch bản trước, kịch bản này giả định các trang trại duy trì quan hệ với cùng nhóm đối tác trong ít nhất 26 tuần (khoảng 6 tháng), tương ứng với một chu kỳ sản xuất lợn hoàn chỉnh.



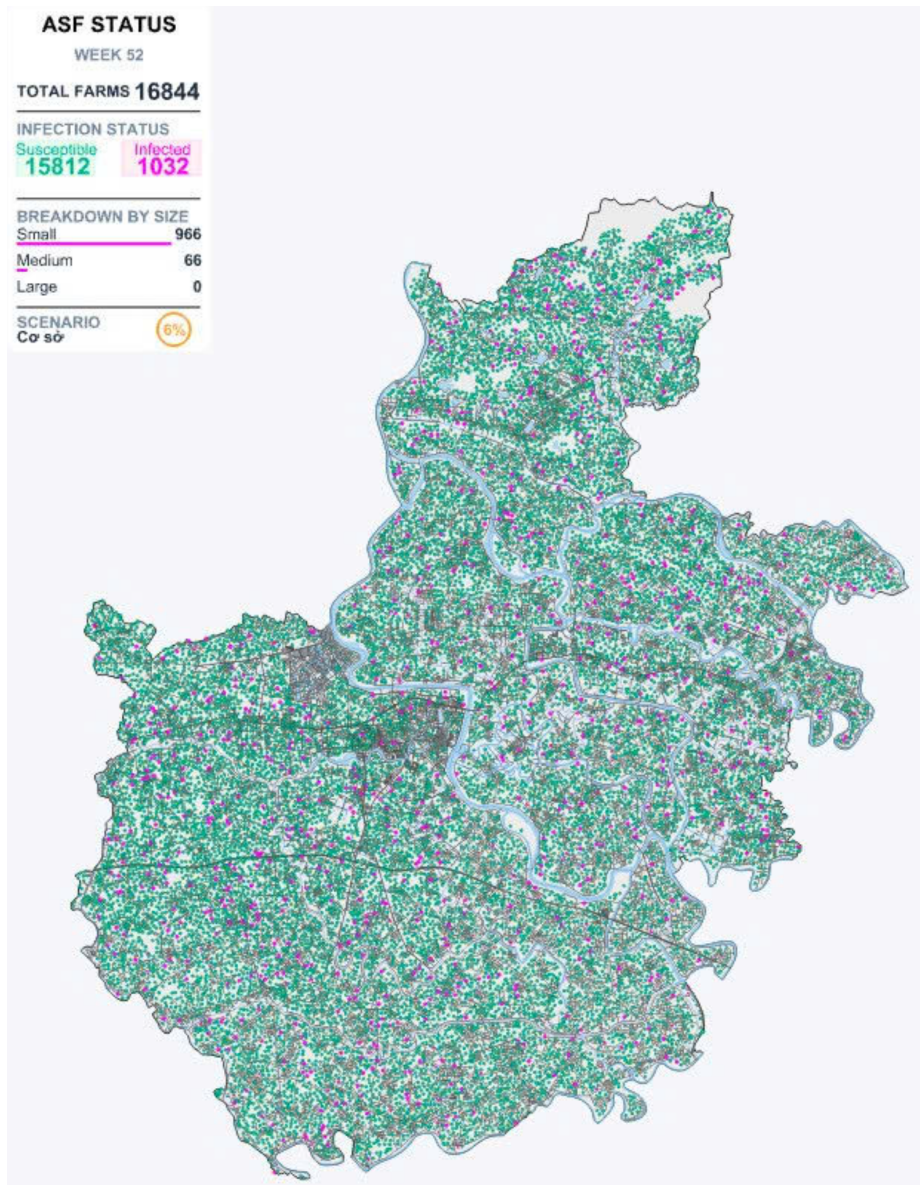
Hình 3.22: Biểu đồ diễn biến số trang trại nhiễm bệnh khi duy trì kết nối

Bảng 3.13: Kết quả chạy mô phỏng duy trì kết nối

Kích bản	Trung vị số trại bị nhiễm (từ phân vị 5% đến 95%)				Tuần đạt đỉnh dịch
	Tổng	Nhỏ	Vừa	Lớn	
Cơ sở	99 (10–376)	93 (7–357)	6 (1–22)	0 (0–0)	52
26 tuần	4 (1–23)	2 (0–20)	1 (1–3)	0 (0–0)	52

Kết quả Hình 3.22 và Bảng 3.13 cho thấy số trang trại bị nhiễm trung vị chỉ còn 4 trang trại, trong đó 2 trang trại nhỏ, 1 trang trại vừa và không có trang trại lớn nào bị nhiễm. So với kịch bản cơ sở với 99 trang trại bị nhiễm, kịch bản này đạt mức giảm 96%.

Sự khác biệt lớn cho thấy không phải tổng số kết nối mà là tính chất của các kết nối quyết định khả năng lan truyền dịch bệnh. Khi các trang trại thay đổi đối tác thường xuyên, vi-rút có cơ hội lây lan sang các nhóm trang trại mới chưa bị nhiễm, tạo ra nhiều kết nối lây nhiễm song song. Ngược lại, khi quan hệ giao dịch ổn định, vi-rút bị giam trong một nhóm trang trại có kết nối chặt chẽ với nhau dẫn đến tình trạng khó lan rộng ra ngoài. Tuy nhiên, cần lưu ý rằng trong thực tế, việc duy trì quan hệ hoàn toàn ổn định có thể không khả thi, đặc biệt là với trang trại nhỏ và vừa, do các yếu tố như biến động giá cả, thay đổi nhu cầu và các vấn đề kinh doanh



Hình 3.23: Giao diện mô phỏng áp dụng chiến lược hàm kernel lên các trang trại.

khác.

3.6.3.5 Tác động của hàm kernel truyền nhiễm

Bảng 3.14: Kết quả chạy mô phỏng với hàm kernel truyền nhiễm

Kịch bản	Trung vị số trại bị nhiễm (từ phân vị 5% đến 95%)				Tuần đạt đỉnh dịch
	Tổng	Nhỏ	Vừa	Lớn	
Cơ sở	99 (10–376)	93 (7–357)	6 (1–22)	0 (0–0)	52
Kernel	21 (2–83)	19 (1–78)	2 (1–6)	0 (0–0)	52

Khi áp dụng hàm kernel truyền nhiễm cùng với việc lấy mẫu lân cận vào quá trình lây lan, quy mô dịch bệnh giảm mạnh từ 99 xuống 21 trang trại nhiễm, tức giảm 79%. Điều này cho thấy được sự tác động mạnh mẽ của khoảng cách địa lý trong quá trình lây lan dịch bệnh. Đặc biệt, khi quan sát kết quả cho thấy sự khác biệt lớn trong quá trình lây lan. Ở kịch bản cơ sở, các kết nối được tạo ra mà không phụ thuộc vào yếu tố khoảng cách. Trong khi đó, việc áp dụng hàm kernel truyền nhiễm đã tạo ra một vùng lây nhiễm dịch bệnh từ trang trại nhiễm. Kết quả này cũng phản ánh thực tế với sự xuất hiện của ổ dịch gây ảnh hưởng đến các hộ chăn nuôi xung quanh. Ngoài ra, dịch bệnh có xu hướng tập trung tại một vùng cũng góp phần quan trọng trong việc thiết kế các biện pháp can thiệp theo vùng địa lý trong kiểm soát dịch bệnh một cách hiệu quả hơn.

3.7 Kết luận chương

Trong chương này, mô hình mô phỏng đa tác tử trên nền tảng GAMA đã được cải tiến và mở rộng dựa trên phương pháp tiếp cận mạng lưới ngẫu nhiên STERGMs từ các nghiên cứu trước, nhằm đánh giá động lực học lây lan của dịch tả lợn Châu Phi (ASF) tại một khu vực.

Các kết quả mô phỏng tại các khu vực cho thấy những xu hướng tương đồng, trong đó tiếp xúc gián tiếp được xác định là yếu tố chủ yếu trong sự lây lan ASF, với vai trò nổi bật của các trang trại vừa và nhỏ. Việc hạn chế di chuyển của các trang trại bị nhiễm bệnh có thể làm giảm tốc độ lây lan, tuy nhiên nếu áp dụng trên diện rộng cho tất cả các trang trại sẽ gây ảnh hưởng đáng kể đến lợi ích kinh tế. Trong bối cảnh đó, nâng cao mức độ an toàn sinh học cho các trang trại vừa và nhỏ được xem là giải pháp cân bằng và hiệu quả hơn.

Ngoài ra, biện pháp tiêu hủy sớm các trang trại bị nhiễm bệnh tiếp tục được khẳng định là một trong những biện pháp hiệu quả nhất để ngăn chặn sự lan rộng của dịch bệnh. Bên cạnh đó, mô hình NAADSM cho thấy là một công cụ mạnh trong mô phỏng lây lan dịch bệnh, trong khi nền tảng GAMA chứng tỏ tính trực quan, linh hoạt và hiệu quả trong việc xây dựng và phân tích các mô hình dựa trên tác tử.

Các kết quả thực nghiệm và phân tích độ nhạy tham số đã chứng minh tính hiệu quả của mô hình. Đặc biệt, việc kết hợp khung NAADSM, STERGMs và hàm truyền nhiễm kernel để mô phỏng lan truyền dịch bệnh giữa các trang trại là điểm mới cốt lõi ở cấp hệ thống của luận án là điều mà các nghiên cứu hiện tại chưa từng thực hiện theo hiểu biết của nghiên cứu sinh. Tuy nhiên mô hình này của nghiên cứu sinh

cũng đã phân nào cung cấp một cái nhìn quý giá về tầm quan trọng của việc kết hợp các khung, cấu trúc mạng kết nối khác nhau trong mô hình. Các tham số đáng tin cậy cho tỷ lệ tiếp xúc trực tiếp và gián tiếp đã được sử dụng và đánh giá những đóng góp này cho phép đánh giá các chiến lược kiểm soát dịch bệnh trên quy mô lớn, một nội dung chưa được thực hiện đầy đủ trong các nghiên cứu trước đây tại Việt Nam.

Chương 4

XÂY DỰNG HỆ THỐNG MÔ PHỎNG PHÂN TÁN TRÊN Đám Mây Phục Vụ PHÁT HIỆN CẢNH BÁO DỊCH BỆNH CHO ĐÀN GIA SÚC VÀ TỐI ƯU HOÁ HIỆU NĂNG

Chương này trình bày về giải pháp mô phỏng phân tán trên nền tảng đám mây, nhằm hỗ trợ trong công tác quản lý sức khỏe đàn lợn và giám sát môi trường, đặc biệt là trong bối cảnh dịch tả lợn Châu Phi (ASF) đang diễn biến phức tạp. Giải pháp mô phỏng phân tán này được thiết kế với bốn đóng góp chính, bao gồm việc triển khai mô hình mô phỏng phân tán để xử lý dữ liệu lớn và thực hiện mô phỏng song song, cùng khả năng mở rộng cao, từ đó tối ưu hóa hiệu quả của các mô phỏng dịch bệnh và giám sát môi trường.

Đầu tiên, nền tảng OpenStack mã nguồn mở được sử dụng để xây dựng một môi trường đám mây linh hoạt, đáp ứng nhu cầu tài nguyên cụ thể của các trang trại, qua đó hỗ trợ việc triển khai mô hình mô phỏng phân tán. Điều này mang lại tính linh hoạt cao trong việc quản lý tài nguyên và tối ưu hóa khả năng tính toán. Tiếp theo, mô hình dự đoán lây lan dịch tả lợn Châu Phi được cải tiến, kết hợp với hệ thống cho ăn chính xác, nhằm nâng cao độ chính xác của dự báo và hỗ trợ công tác phòng ngừa hiệu quả.

Giải pháp còn bao gồm việc tích hợp thử nghiệm đồng thời mô phỏng lây lan dịch bệnh và giám sát phát thải trong môi trường chăn nuôi, giúp đánh giá hiệu quả hệ thống thông qua các thử nghiệm trên nhiều mô hình mô phỏng khác nhau. Kết quả nghiên cứu cho thấy giải pháp này đã khắc phục những hạn chế của các công cụ mô phỏng hiện có, vốn thường chỉ hỗ trợ môi trường desktop với năng lực xử lý dữ liệu hạn chế, không linh hoạt trong quản lý tài nguyên và chỉ có thể thực hiện một mô phỏng tại một thời điểm.

Trong chương này, Nghiên cứu sinh sẽ trình bày chi tiết về cách xây dựng và triển khai hệ thống mô phỏng phân tán trên đám mây, từ việc thiết lập môi trường đám mây đến việc tối ưu hóa mô phỏng lây lan dịch bệnh. Đồng thời, nghiên cứu sinh sẽ giới thiệu về các phương pháp cải tiến trong việc giám sát phát thải và dự đoán

dịch bệnh, cùng với các kết quả thử nghiệm thực tế từ hệ thống mô phỏng này. Các kết quả nghiên cứu trình bày trong chương này đã được công bố trong công trình CT[2], CT[7].

4.1 Đặt vấn đề

Các kết quả trình bày ở Chương 2 và Chương 3 đã xây dựng thành công hai mô hình mô phỏng đa tác tử (ABM) có độ phức tạp cao. Tuy nhiên, khi thực hiện các kịch bản quy mô lớn (hàng nghìn tác tử, hàng trăm lần lặp, nhiều kịch bản “what-if” đồng thời), việc chạy trên máy đơn lẻ gặp hạn chế nghiêm trọng về thời gian thực thi và tài nguyên. Do đó, Chương này nghiên cứu sinh tập trung xây dựng hệ thống mô phỏng phân tán trên nền tảng điện toán đám mây nhằm hỗ trợ thực thi hiệu quả các mô hình mô phỏng trước đó, đồng thời đánh giá mức độ cải thiện hiệu năng khi triển khai phân tán.

4.2 Hệ thống đa mô phỏng

Để đáp ứng nhu cầu mô phỏng song song nhiều chuồng nuôi, việc phát triển một hệ thống đa mô phỏng (*multi-simulation*) phân tán là điều cần thiết. Hệ thống này cho phép thực hiện nhiều mô phỏng đồng thời trên nhiều máy tính, trong đó mỗi máy có thể xử lý một hoặc nhiều kịch bản mô phỏng khác nhau. Thông qua cơ chế này, người quản lý có thể theo dõi và phân tích song song tình hình phát triển của đàn lợn tại các chuồng khác nhau, từ đó đưa ra các quyết định điều chỉnh kịp thời và hiệu quả. Tuy nhiên, do số lượng mô phỏng, tác tử và kịch bản tăng nhanh theo quy mô hệ thống, các hệ thống đa mô phỏng thường được triển khai ở quy mô lớn, đòi hỏi lượng đáng kể tài nguyên tính toán, bộ nhớ và hạ tầng lưu trữ. Bên cạnh đó, chi phí truyền thông và đồng bộ dữ liệu giữa các mô phỏng phân tán cũng làm gia tăng độ phức tạp và chi phí vận hành.

Mặt khác để cải thiện hiệu năng tính toán và khả năng xử lý cho các ứng dụng theo mô hình phân tán, đặc biệt là các ứng dụng mô phỏng quy mô lớn, việc triển khai trên môi trường điện toán đám mây được xem là một giải pháp hiệu quả. Điện toán đám mây giải quyết các vấn đề liên quan đến nhu cầu tài nguyên tính toán lớn, đồng thời cho phép hệ thống mở rộng linh hoạt với độ tin cậy cao. Hiện nay, điện toán đám mây đang trở thành một động lực then chốt cho sự đổi mới và phát triển của nền kinh tế số. Công nghệ này không chỉ giúp các tổ chức tiết kiệm chi phí đầu tư vào cơ sở hạ tầng vật lý mà còn nâng cao khả năng linh hoạt, khả năng mở rộng

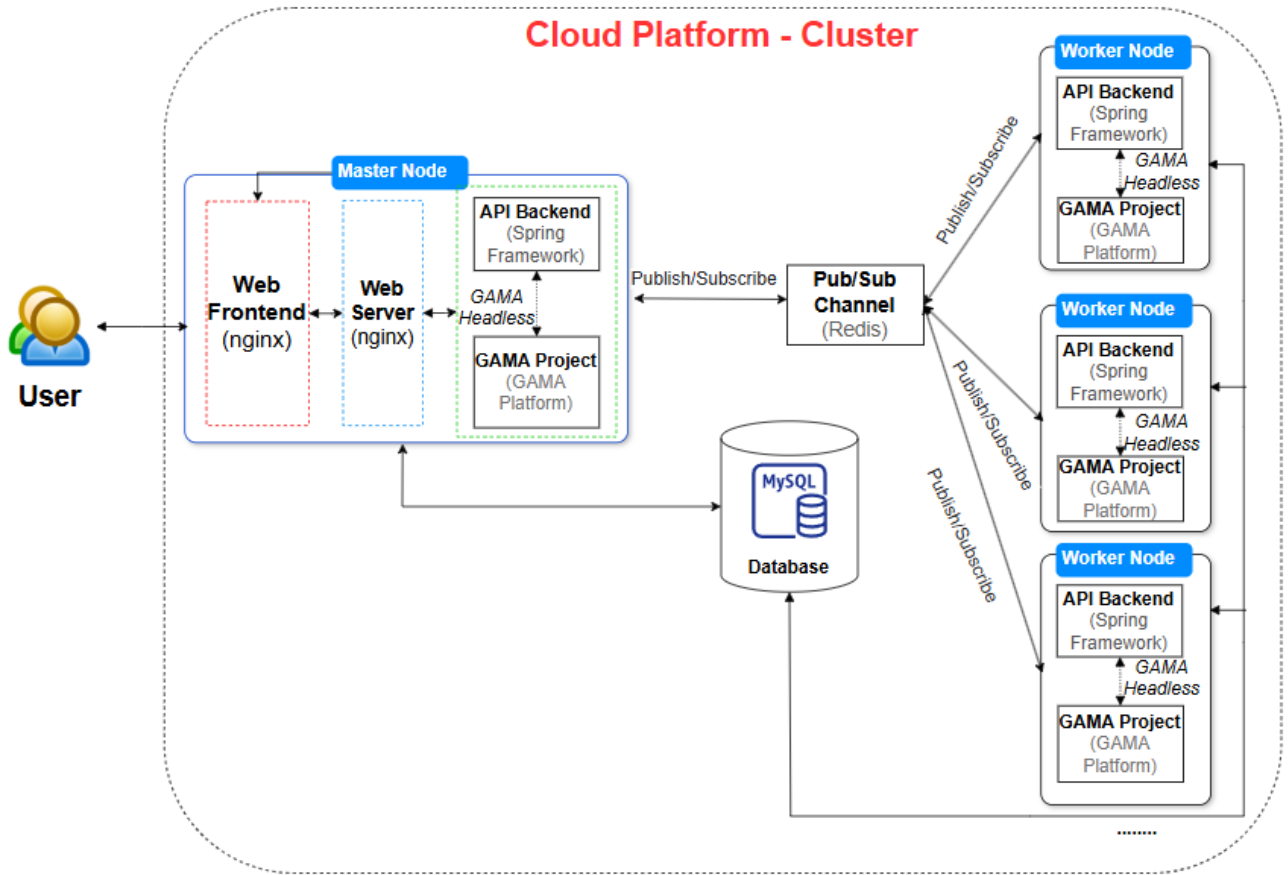
và tốc độ phản ứng trước những thay đổi của thị trường. Nhờ mô hình *trả tiền theo mức sử dụng*, các tổ chức có thể tối ưu hóa việc sử dụng tài nguyên, đồng thời đảm bảo tính an toàn và hiệu quả trong lưu trữ cũng như xử lý dữ liệu. Hiện nay, nhiều nhà cung cấp dịch vụ đám mây như Amazon Web Services (AWS), Google Cloud Platform (GCP), Microsoft Azure, v.v. cung cấp các giải pháp toàn diện từ cơ sở hạ tầng ảo, nền tảng phát triển ứng dụng đến các dịch vụ phần mềm sẵn sàng sử dụng, giúp người dùng dễ dàng tiếp cận và ứng dụng điện toán đám mây vào hoạt động kinh doanh và nghiên cứu [13].

Bên cạnh các nền tảng thương mại, các nhà nghiên cứu cũng có thể sử dụng *OpenStack* một giải pháp mã nguồn mở để xây dựng các mô hình đám mây riêng phục vụ cho các phòng thí nghiệm quy mô vừa và nhỏ, cho phép triển khai các thử nghiệm độc lập mà không phụ thuộc vào bên thứ ba. Guan đã đề xuất một phương pháp dựa trên kiến trúc đám mây đa tầng nhằm hỗ trợ mô phỏng phân tán theo các tiêu chuẩn như mô phỏng tương tác phân tán (Distributed Interactive Simulation - DIS) và kiến trúc mức cao cho mô phỏng, huấn luyện phân tán (High Level Architecture - HLA). Phương pháp này không chỉ đơn giản hóa công tác quản lý tài nguyên mà còn đạt được khả năng đàn hồi nhanh, cung cấp cho người dùng năng lực tính toán linh hoạt và mạnh mẽ. Kết quả thực nghiệm cho thấy phương pháp này đạt hiệu suất tương đương với các nền tảng tính toán lưới truyền thống, đồng thời tận dụng được nhiều ưu điểm nổi bật của công nghệ điện toán đám mây [49].

4.3 Thiết kế mô hình phân tán

4.3.1 Mô hình triển khai mô phỏng phân tán với nhiều node trên đám mây

Với ưu điểm của mô hình giao tiếp phân tán Pub/Sub (Publish/Subscribe) nghiên cứu sinh tận dụng cơ chế này với bộ mã nguồn mở Redis là một giải pháp phân phối thông điệp mạnh mẽ, nơi các thông điệp được gửi đến các kênh (channels) cụ thể và sau đó được phân phối đến tất cả các máy khách (clients) đã đăng ký (subscribe) vào các channels đó [117]. Cơ chế này cho phép các thành phần khác nhau của hệ thống mô phỏng giao tiếp với nhau một cách hiệu quả mà không cần biết về sự tồn tại của các đối tượng khác trong hệ thống. Khi một thông điệp được gửi đến một channel, Redis chịu trách nhiệm phân phối thông điệp đó đến tất cả các subscribers của channel đó, đảm bảo rằng mọi thông tin được truyền tải đến các



Hình 4.1: Kiến trúc hệ thống phân tán trên đám mây.

thành phần cần thiết một cách đồng thời và nhanh chóng. Dựa trên cấu trúc chi tiết của máy ảo (node) đã xây dựng và Redis được sử dụng trong vai trò của một kênh Publish/Subscribe, giúp kết nối giữa Master Node và các Worker Nodes. Nghiên cứu sinh đề xuất mô hình triển khai mô phỏng trên các Node như trong Hình 4.1.

Trong mô hình trên, Master Node (nút chính) đóng vai trò là trung tâm điều khiển của hệ thống. Nó chịu trách nhiệm quản lý các tác vụ mô phỏng, nhận các yêu cầu từ Web Frontend và phân phối chúng đến các worker nodes. Trong khi các Worker Node là những đơn vị xử lý chính, có nhiệm vụ thực thi các tác vụ mô phỏng song song thì Web Frontend có nhiệm vụ giao tiếp với Master Node thông qua Nginx, gửi các yêu cầu thực thi mô phỏng và nhận phản hồi từ Master Node, tùy chọn cấu hình mô phỏng, khởi chạy mô phỏng và kiểm tra tiến độ chạy của mô phỏng. Cơ chế Publish/Subscribe của Redis đóng vai trò giúp kết nối giữa Master Node và các Worker Nodes, điều phối thông điệp một cách nhịp nhàng tới API Backend ở các nodes, chỉ thị cho GAMA Headless sẽ được mô tả trong 4.3.3 đã được tích hợp sẵn trước đó thực thi các tác vụ mô phỏng. Các thông tin hệ thống và đường dẫn tới các kết quả mô phỏng sẽ được lưu trữ tại Database MySQL để thuận tiện cho việc

quản lý và truy vấn kết quả sau này.

4.3.2 Cấu trúc của từng Node

Trong kiến trúc của mô hình mỗi một node là một máy tính trên đám mây được tạo với các dịch vụ được nghiên cứu sinh cấu hình dựa trên việc viết bổ sung một API BackEnd bằng spring boot framework của Java như có thể thấy trong Hình 1. Đây là thành phần cốt lõi để quản lý và điều khiển toàn bộ hoạt động của node, API này thực hiện kết nối với database và kết nối với GAMA Headless từ đó cung cấp các tương tác với các node bên ngoài và điều phối việc lưu trữ kết quả đầu ra của các thí nghiệm mô phỏng. Trong khi đó GAMA Headless sẽ chịu trách nhiệm thực thi các mô phỏng theo địa chỉ được điều phối từ API ở chế độ không giao diện tối ưu cho môi trường server. GAMA project có nhiệm vụ quản lý và tổ chức các file experiment plan, thư mục lưu trữ kết quả bên trong từng node, các project mô phỏng và đồng thời kết nối tương tác với MySQL để lưu trữ dữ liệu trong suốt quá trình thực thi mô phỏng. Mỗi thành phần trong cấu trúc Node được phân chia nhiệm vụ một cách rõ ràng với khả năng tương tác và điều khiển linh hoạt đảm bảo việc quản lý dữ liệu một cách có tổ chức.

4.3.3 Cải tiến GAMA-Headless

Công cụ GAMA, một nền tảng mô phỏng mã nguồn mở, được thiết kế nhằm xây dựng và thực thi các mô phỏng dựa trên tác tử, đã được ứng dụng rộng rãi trong các lĩnh vực như địa lý, sinh thái học và quy hoạch đô thị nhờ khả năng tích hợp dữ liệu từ hệ thống thông tin địa lý (GIS) và hỗ trợ mô hình hóa các không gian phức tạp. Một trong những thành phần tiêu biểu của GAMA là ngôn ngữ mô hình hóa GAML, cho phép người dùng định nghĩa các tác tử, hành vi của chúng và môi trường một cách trực quan và hiệu quả. Mặc dù giao diện đồ họa của GAMA hỗ trợ tốt quá trình phát triển và thử nghiệm mô hình, nhưng trong một số trường hợp, việc chạy mô phỏng không cần giao diện đồ họa (GUI) lại mang lại nhiều ưu thế. Đó chính là lúc chế độ GAMA Headless được phát huy tác dụng. Chế độ Headless cho phép thực thi các mô phỏng trực tiếp qua dòng lệnh hoặc script, từ đó mở ra khả năng triển khai hiệu quả trên các hệ thống lớn như máy chủ hoặc cụm máy tính, đồng thời tối ưu hóa hiệu suất cho các kịch bản mô phỏng quy mô lớn.

Trong nghiên cứu của nghiên cứu sinh, GAMA Headless được sử dụng để thực thi các kịch bản mô phỏng đã được xây dựng trên GAMA mà không cần khởi chạy toàn bộ ứng dụng, với việc cấu hình trực tiếp trên các node trong kiến trúc triển

khai. Tuy nhiên, mặc dù Headless Mode hỗ trợ tự động hóa và tối ưu hóa quá trình mô phỏng, nó vẫn tồn tại một số hạn chế, đặc biệt là về việc lưu trữ dữ liệu kết quả của mô phỏng, yếu tố có thể ảnh hưởng đáng kể đến quá trình phân tích và đánh giá kết quả sau này. Để khắc phục những hạn chế đang gặp phải của GAMA Headless, nghiên cứu sinh đã thực hiện những cấu hình tinh chỉnh cần thiết trên file XML và cải tiến việc lưu trữ kết quả để phù hợp cho bài toán phân tán của nghiên cứu sinh, thông qua việc khai thác tính năng Database Access là một thành phần quan trọng giúp kết nối quá trình mô phỏng với hệ thống lưu trữ dữ liệu. Tính năng này có thể được cấu hình để tích hợp với các hệ thống cơ sở dữ liệu quan hệ (ví dụ: MySQL, PostgreSQL) hoặc hệ thống NoSQL. Qua đó, các script chạy mô phỏng có thể bao gồm các lệnh ghi nhận dữ liệu vào database hoặc truy xuất thông tin cần thiết từ database nhằm thực hiện các quá trình tính toán liên tục và phản hồi theo thời gian thực. nghiên cứu sinh cấu hình Database Access kết hợp với xây dựng một database với Mysql để lưu trữ một cách linh hoạt.

```
<Simulation experiment="example_experiment" finalStep="1000"
            id="0" seed="1.0"
            sourcePath="./samples/models/example_model.gaml">
</Simulation>
```

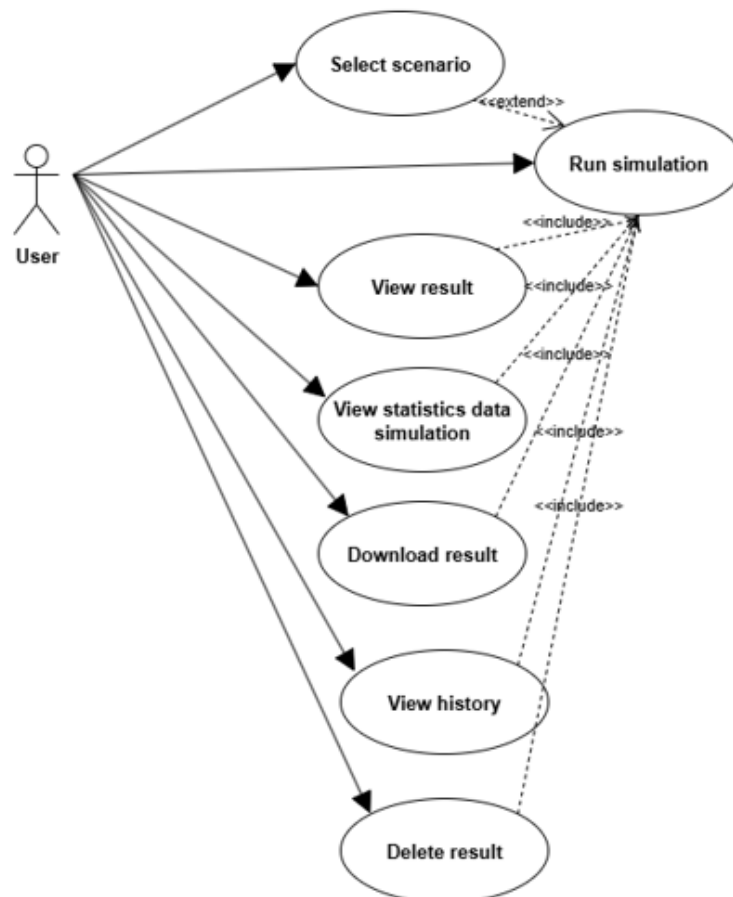
Listing 4.1: Cấu hình thí nghiệm GAMA ở chế độ không giao diện (headless mode)

Nghiên cứu sinh tiến hành tùy biến một số tham số khi cấu hình chế độ *GAMA Headless Mode*, được minh họa thông qua một đoạn cấu hình rút gọn trong Listing 4.1. Các tham số chính được sử dụng trong cấu hình bao gồm:

- **experiment** (bắt buộc): Xác định tên *experiment* sẽ được thực thi trong tệp mô hình *.gaml*. Experiment này phải tồn tại trong mô hình; nếu không, chế độ headless sẽ tự động kết thúc quá trình thực thi.
- **finalStep** (bắt buộc): Xác định tổng số bước mô phỏng tối đa mà hệ thống sẽ chạy.
- **id** (bắt buộc): Cho phép gán tiền tố định danh cho các tệp đầu ra, đặc biệt hữu ích trong các *experiment plan* có quy mô lớn hoặc khi thực hiện nhiều mô phỏng song song.
- **sourcePath** (bắt buộc): Chỉ định đường dẫn tương đối hoặc tuyệt đối tới tệp mô hình *.gaml* cần được nạp và thực thi.
- **seed**: xác định trạng thái ban đầu của bộ sinh số ngẫu nhiên, qua đó chi phối tính ngẫu nhiên và khả năng tái lập của mô phỏng.

4.3.4 Thiết kế chức năng hệ thống và Database

Để đáp ứng nhu cầu sử dụng hệ thống đa mô phỏng một cách hiệu quả, hệ thống tập trung vào phát triển các chức năng cốt lõi liên quan đến chức năng mô phỏng được mô tả trong biểu đồ Use-case như trong Hình 4.2. Trong đó chức năng lựa chọn kịch bản cho phép chọn kịch bản dựa trên mô hình mô phỏng, thiết lập các thông số theo kịch bản, lựa chọn node để phân bổ và thực thi mô phỏng, chức năng chạy mô phỏng sẽ thực hiện chạy mô phỏng trên các tham số đã thiết lập trước đó, sau khi mô phỏng chạy xong chức năng xem kết quả giúp người dùng quan sát các kết quả từ mô hình mô phỏng dưới dạng đồ họa trực quan, chức năng xem thống kê dữ liệu mô phỏng cho phép hiển thị các dữ liệu tổng hợp dưới dạng đồ thị, người dùng có thể tải các kết quả mô phỏng thông qua chức năng tải kết quả và cũng có thể xem lịch sử với chức năng xem lịch sử hoặc dùng chức năng xóa kết quả để dọn dẹp các dữ liệu mô phỏng không quan trọng.



Hình 4.2: Biểu đồ use-case của hệ thống mô phỏng.

4.3.5 Cơ chế điều phối của hệ thống

Cơ chế điều phối toàn hệ thống trong kiến trúc mà luận án đề xuất được xây dựng theo mô hình master-worker kết hợp với bộ lập lịch tập trung trên nền tảng đám mây như cũng đã được đề cập tới tại mục 4.3.1. Master node chịu trách nhiệm phân phối kịch bản mô phỏng theo thuật toán phân phối xoay vòng (RR - Round Robin), giám sát tiến độ và tổng hợp kết quả từ các worker node (mỗi node chạy độc lập GAMA-Headless). Các worker node có nhiệm vụ thực thi các mô phỏng đồng thời khi nhận được các tác vụ từ master node, qua đó bảo đảm khả năng mở rộng, tăng tốc độ tính toán và nâng cao hiệu quả sử dụng tài nguyên của toàn hệ thống.

Về bản chất, cơ chế điều phối không nhằm đạt tối ưu toàn cục của hệ thống chân nuôi thực tế, mà chỉ phục vụ tối ưu hóa thực thi mô phỏng theo kịch bản. Điều này xuất phát từ mục tiêu cốt lõi của luận án: hỗ trợ phân tích các kịch bản “what-if” để cảnh báo và đánh giá chiến lược kiểm soát dịch bệnh, chứ không phải điều khiển thời gian thực hệ thống vật lý. Tối ưu toàn cục chỉ có ý nghĩa khi hệ thống được mở rộng thành Digital Twin thời gian thực với dữ liệu cảm biến liên tục – nằm ngoài phạm vi nghiên cứu của luận án.

Nếu thay đổi kịch bản mô phỏng (thay đổi số lượng trang trại, tham số truyền nhiễm, chiến lược tiêu hủy hoặc mô hình dịch tễ), cơ chế điều phối vẫn đảm bảo tính linh hoạt nhờ thiết kế tham số hóa hoàn toàn. Master node chỉ cần nhận file cấu hình JSON/XML chứa tham số mới và phân phối lại cho các worker. Về tác động của số lượng trang trại đến độ phức tạp và hiệu quả điều phối có thể thấy với việc triển khai phân tán trên đám mây, độ phức tạp của hệ thống được phân bổ đều và được xử lý song song trên nhiều nút. Hiệu quả điều phối phụ thuộc chủ yếu vào biến động của dữ liệu mô phỏng chứ không phải biến động online của hệ thống thực.

Tuy nhiên, trong khuôn khổ luận án này, tác giả chưa thực hiện thí nghiệm đánh giá định lượng để đo lường cụ thể tác động của việc thay đổi số lượng trang trại trong mô hình đa bầy đàn đến hiệu suất hệ thống tính toán. Về bản chất, khi số lượng trang trại tăng, số lượng tác tử (agents) trong mô hình cũng tăng theo, dẫn đến độ phức tạp logic của mô hình tăng mạnh do số lượng tương tác giữa các tác tử gia tăng, đòi hỏi nhiều tài nguyên tính toán hơn và thời gian thực thi mô phỏng dài hơn. Ngược lại, khi giảm số lượng trang trại, độ phức tạp và nhu cầu tài nguyên sẽ giảm tương ứng. Phân tích nêu trên của nghiên cứu sinh chủ yếu dựa trên đặc tính lý thuyết của kiến trúc master-worker và cơ chế lập lịch phân tán. Việc thực hiện đánh giá thực nghiệm chi tiết về khả năng mở rộng theo số lượng trang trại sẽ là một hướng nghiên cứu quan trọng và cần thiết trong các công việc tiếp theo. Tóm lại, cơ chế điều phối trong luận án được thiết kế nhằm tối ưu hiệu năng tính toán

cho mô phỏng quy mô lớn, thay vì tối ưu toàn cục của hệ thống vật lý. Đây là điểm khác biệt cơ bản so với các hệ thống điều khiển thời gian thực và hoàn toàn phù hợp với mục tiêu hỗ trợ ra quyết định dựa trên kịch bản mô phỏng.

4.4 Triển khai và kết quả

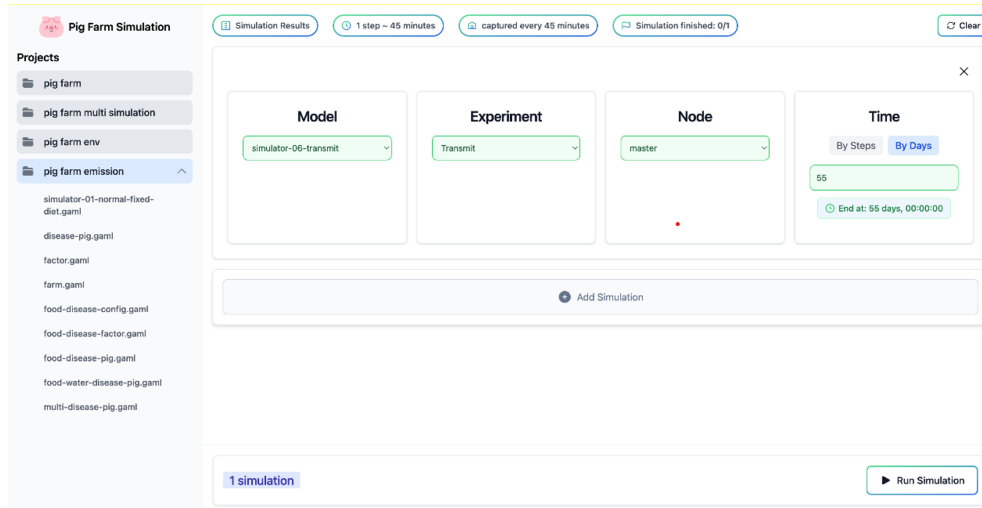
4.4.1 Triển khai thử nghiệm mô hình hệ thống phân tán trên nền tảng Cloud.

Để đánh giá hiệu suất của mô hình mô phỏng, nghiên cứu sinh triển khai hệ thống đám mây dựa trên hạ tầng điện toán đám mây OpenStack được triển khai tại Trung tâm Đại học Số, Trường Đại học Công nghệ – Đại học Quốc gia Hà Nội; nền tảng đám mây AWS; và môi trường máy tính để bàn cục bộ với cấu hình tương đương. Do các hạn chế về tài nguyên của hạ tầng OpenStack, giới hạn phần cứng của máy tính để bàn và các yếu tố chi phí liên quan đến AWS, hệ thống thực nghiệm được triển khai ở quy mô rút gọn, bao gồm một nút điều phối (master node) và ba nút thực thi (worker node). Cấu hình phần cứng của các nút master và worker được giữ đồng nhất, đồng thời các thiết lập tương đương được duy trì trên cả hai môi trường đám mây nhằm đảm bảo tính so sánh của thí nghiệm như trong Bảng 4.1. Số lượng nút trong cụm được cố định trong suốt quá trình triển khai; mặc dù có thể mở rộng thủ công khi cần thiết, hệ thống hiện chưa hỗ trợ khả năng co giãn tự động hay điều chỉnh tài nguyên động.

Bảng 4.1: So sánh các nền tảng và khung mô phỏng

Nền tảng	Tài nguyên phần cứng	Khung mô phỏng
OpenStack	c4-r8g (4 CPU, 8 GB RAM)	GAMA 1.9
AWS	t3a.xlarge (4 vCPU, 16 GB RAM)	GAMA 1.9
Máy tính để bàn	Intel Core i5-1145G7 (4 nhân, 16 GB RAM)	GAMA 1.9

Mặc dù tài nguyên CPU được cấu hình tương đương trên cả ba môi trường, hạ tầng OpenStack chỉ cung cấp 8 GB RAM so với 16 GB RAM trên AWS và hệ thống máy tính để bàn, phản ánh các tùy chọn cấu hình sẵn có của từng môi trường. Sự khác biệt về dung lượng bộ nhớ giữa các nền tảng được xem là không ảnh hưởng đáng kể đến kết quả đánh giá hiệu năng trong phạm vi mô hình và các kịch bản mô phỏng được sử dụng trong nghiên cứu này, do quá trình mô phỏng chủ yếu bị chi phối bởi cường độ tính toán, trong khi mức sử dụng bộ nhớ chỉ đóng vai trò thứ yếu



Hình 4.3: Giao diện website của hệ thống mô phỏng trên đám mây.

và không phải là yếu tố quyết định đối với hiệu năng tổng thể của hệ thống trong các thí nghiệm đã thực hiện. Cấu hình hệ thống đầy đủ được tóm tắt trong Bảng 4.1. Hệ thống được triển khai trên hệ điều hành Ubuntu 20.04 LTS và sử dụng GAMA phiên bản 1.9. Trên AWS, các chức năng lưu trữ và cơ sở dữ liệu được triển khai bằng các dịch vụ gốc như Amazon S3 và RDS, trong khi triển khai trên OpenStack sử dụng lưu trữ cục bộ, qua đó đảm bảo tính tương đương về mặt chức năng giữa hai môi trường đám mây. Trong môi trường máy tính để bàn, dữ liệu được lưu trữ trực tiếp trong thư mục dự án. Mặc dù các mô phỏng được thực thi theo chế độ tuần tự, cách thiết lập này cung cấp một mốc tham chiếu cơ bản để đánh giá hiệu năng và độ trễ trong điều kiện phần cứng ổn định, ít bị ảnh hưởng bởi các biến động mạng hoặc chi phí ảo hóa thường gặp trong hạ tầng đám mây.

Sau khi triển khai, các thí nghiệm có thể được thực hiện và giám sát một cách thuận tiện thông qua giao diện web, như minh họa trong Hình 4.3. Để đảm bảo tính toàn diện và độ tin cậy thống kê, một khung thí nghiệm tổng thể đã được thiết kế, trong đó các kịch bản kiểm thử được xây dựng nhằm mô phỏng các tải công việc trong thực tế với mức độ phức tạp tăng dần, cho phép quan sát và phân tích các thách thức về khả năng mở rộng, bao gồm cả các điểm nghẽn tài nguyên. Nghiên cứu áp dụng thiết kế thí nghiệm nhân tố (factorial experimental design) nhằm thay đổi một cách có hệ thống các yếu tố then chốt và đánh giá sự tương tác giữa chúng. Các tham số bao gồm:

Thời lượng tải công việc (Workload Duration). Các thí nghiệm được thực hiện với hai mức thời lượng mô phỏng là 15 ngày và 30 ngày, lần lượt tương ứng với các kịch bản mô phỏng không có tác nhân gây hại và nhiễm dịch tả lợn ASF như

đã trình bày ở Chương 2.

Số lượng mô phỏng. Ban đầu, số lượng mô phỏng được cấu hình tăng theo hàm mũ cơ số 2 (cụ thể: 2, 4, 8, 16, 32) nhằm đánh giá khả năng mở rộng theo chiều ngang của hệ thống. Tuy nhiên, các giới hạn về tài nguyên đã dẫn đến hiện tượng tắc nghẽn hệ thống. Cụ thể, trên nền tảng AWS, hệ thống trở nên không ổn định khi vượt quá 32 mô phỏng cho cả hai kịch bản 15 ngày và 30 ngày. Trong khi đó, trên nền tảng OpenStack, ngưỡng ổn định chỉ đạt 32 mô phỏng đối với kịch bản 15 ngày và 20 mô phỏng đối với kịch bản 30 ngày. Sau các ngưỡng này, quá trình thực thi trở nên không đáng tin cậy.

Để đánh giá chi tiết hơn xu hướng hiệu năng khi tiến gần đến giới hạn mở rộng của hệ thống, các thí nghiệm bổ sung đã được thực hiện tại các mức trung gian gồm 12, 20, 24 và 28 mô phỏng.

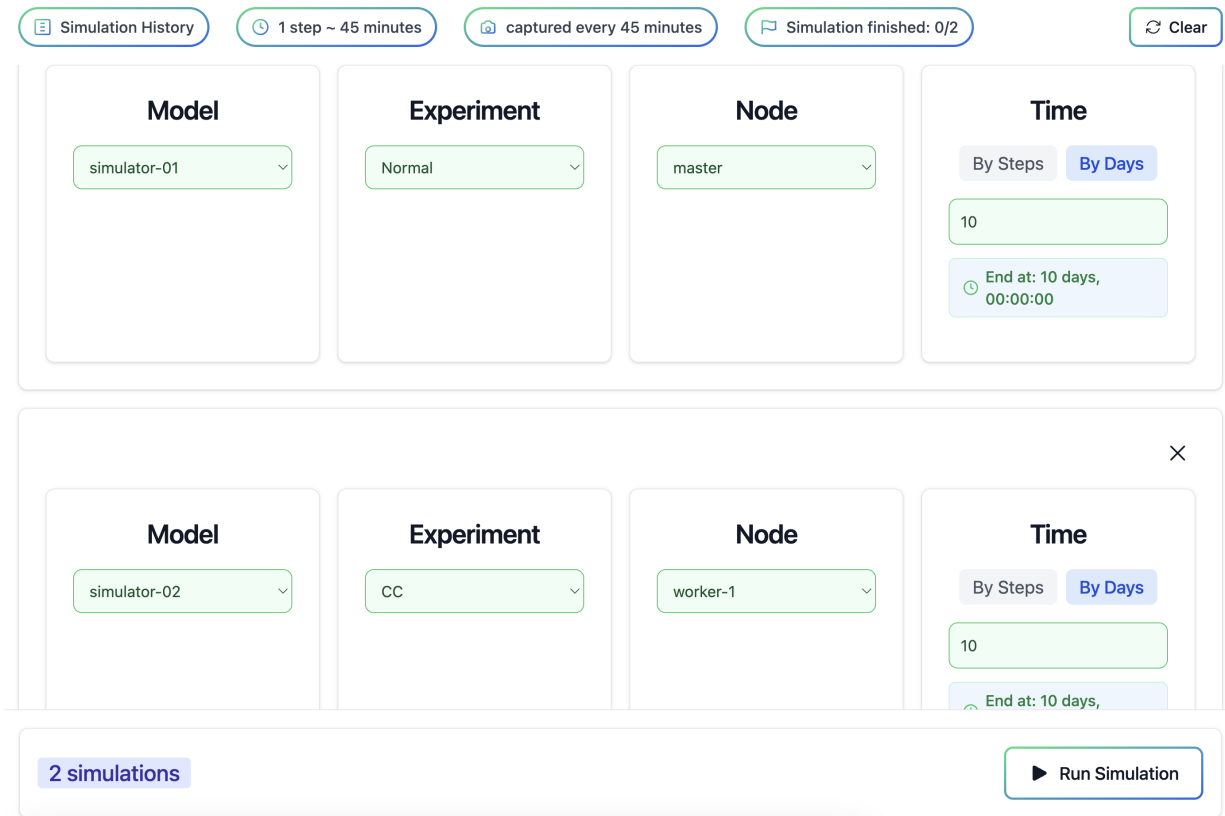
Lập thí nghiệm và ý nghĩa thống kê. Nhằm đảm bảo ý nghĩa thống kê, khả năng tái lập kết quả và giảm thiểu sự biến thiên vốn có của môi trường điện toán đám mây (chẳng hạn như độ trễ mạng hoặc cơ chế phân bổ tài nguyên động), mỗi cấu hình thí nghiệm được xác định bởi tổ hợp thời lượng mô phỏng, số lượng mô phỏng và nền tảng triển khai đều được lặp lại 30 lần.

Bên cạnh các thí nghiệm trên môi trường đám mây, một tập thí nghiệm tương ứng cũng được thực hiện trên môi trường máy tính để bàn nhằm đảm bảo tính khách quan và khả năng so sánh khoa học giữa các nền tảng. Đối với môi trường máy tính để bàn, mỗi kịch bản mô phỏng được lặp lại 30 lần cho cả hai trường hợp 15 ngày và 30 ngày.

Do các mô phỏng trong môi trường này được thực thi tuần tự, chỉ tổng thời gian thực thi cho N mô phỏng được đo đạc và được tính theo Công thức (3):

$$T_{\text{total}} = N \times T_{\text{single}} \quad (4.1)$$

trong đó T_{single} là thời gian thực thi của một mô phỏng đơn lẻ. Tổng thời gian thực thi được suy ra từ 30 mẫu đo, sau đó được chuẩn hóa ngẫu nhiên để tạo ra một phân bố mô phỏng. Các chỉ số sử dụng CPU và RAM không thể được ước lượng cho trường hợp $N > 1$, do các mô phỏng không được thực hiện song song trong môi trường máy tính để bàn.



Hình 4.4: Giao diện cấu hình chạy đa mô phỏng song song không liên kết

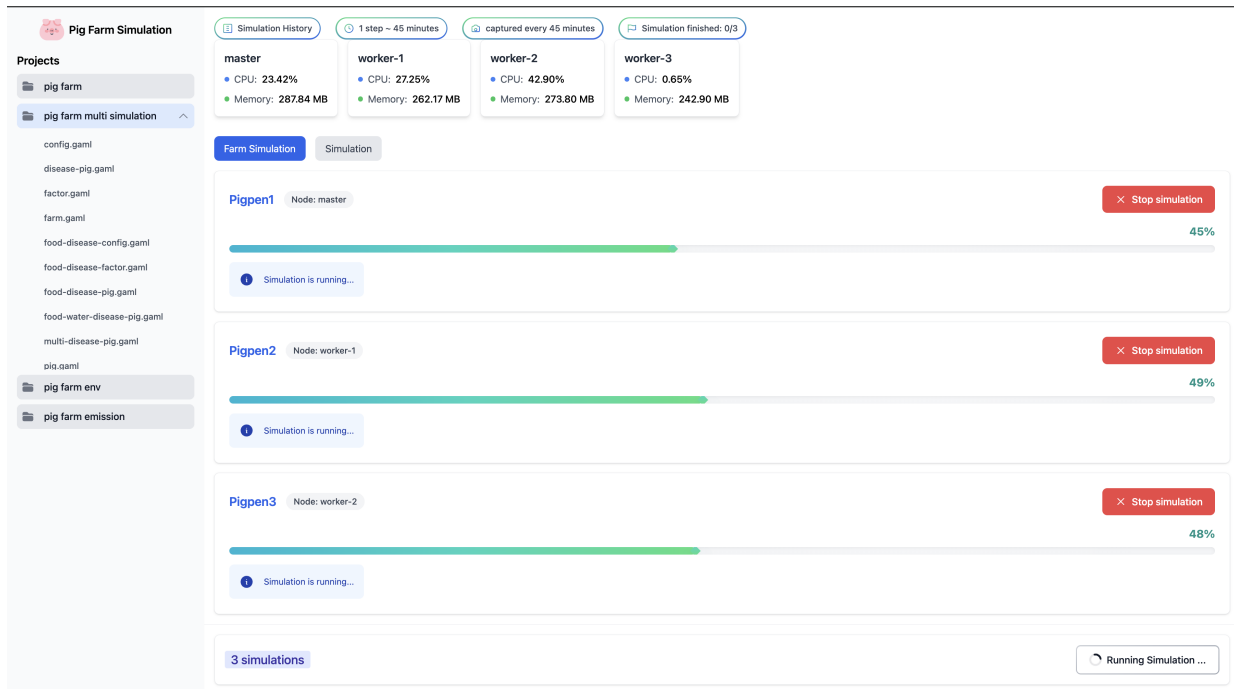
4.4.2 Triển khai đa mô phỏng song song trong GAMA

4.4.2.1 Đa mô phỏng song song độc lập giữa các mô phỏng

Trong cơ chế này, hệ thống hỗ trợ thực hiện đa mô phỏng các chuồng nuôi chạy song song nhưng không tồn tại mối quan hệ liên kết hay tương tác lẫn nhau giữa các mô phỏng. Mỗi chuồng nuôi được xem như một thực thể mô phỏng độc lập, có thể được cấu hình để chạy đồng thời với các chuồng khác tại cùng một thời điểm.

Hệ thống cho phép cấu hình linh hoạt số lượng chuồng nuôi được mô phỏng song song, trong đó các chuồng có thể sử dụng cùng một kịch bản mô phỏng hoặc các kịch bản khác nhau, tùy thuộc vào mục tiêu phân tích. Các tham số cấu hình chính bao gồm: mô hình mô phỏng được lựa chọn, tập kịch bản cần thực thi, cũng như tập các nút tính toán (nodes) được chỉ định để thực hiện từng mô phỏng như trong Hình 4.4 và Hình 4.5.

Sau khi quá trình thực thi được khởi tạo, các node tính toán tiến hành chạy song song các mô phỏng theo các cấu hình đã định trước. Kết quả đầu ra của hệ thống bao gồm toàn bộ dữ liệu chi tiết của từng mô phỏng, chẳng hạn như diễn biến động của chuồng trại theo thời gian và các tham số quan trọng trong mô hình, bao gồm



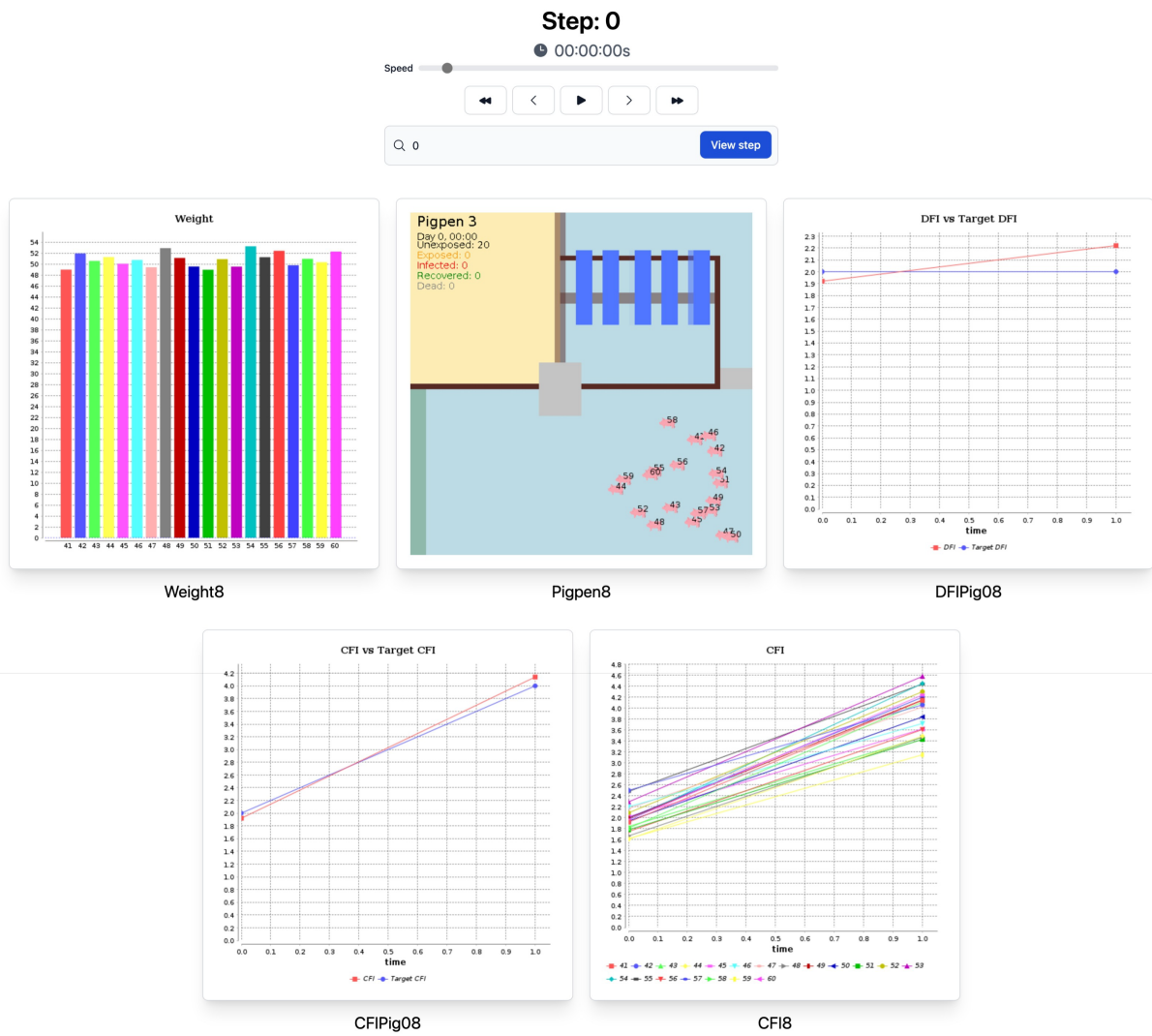
Hình 4.5: Giao diện thực thi chạy đa mô phỏng song song không liên kết

lượng thức ăn tiêu thụ (CFI), lượng nước uống (DFI), khối lượng cơ thể (Weight), cùng các biến trạng thái liên quan khác như trong Hình 4.6.

Việc triển khai đa mô phỏng các chuồng nuôi chạy song song trên nền tảng đám mây mà nghiên cứu sinh đề xuất sẽ mang lại lợi thế rõ rệt về hiệu năng so với môi trường máy tính để bàn truyền thống. Trong môi trường desktop, các mô phỏng thường được thực hiện theo cơ chế tuần tự do giới hạn về tài nguyên phần cứng, dẫn đến tổng thời gian thực thi tăng tuyến tính theo số lượng mô phỏng. Cách tiếp cận này không phù hợp đối với các bài toán mô phỏng dịch bệnh, vốn yêu cầu số lượng lớn các lần chạy độc lập để phản ánh đầy đủ tính bất định của quá trình lây lan.

Mô hình này có ý nghĩa đặc biệt đối với đánh giá thống kê trong các bài toán lây lan dịch bệnh. Các mô hình dịch tễ thường mang tính ngẫu nhiên cao, trong đó kết quả của mỗi lần chạy phụ thuộc vào seed và các biến ngẫu nhiên trong mô hình. Do đó, việc thực hiện nhiều lần lặp mô phỏng độc lập là điều kiện cần thiết để xây dựng các phân bố xác suất đáng tin cậy cho các chỉ số đầu ra như tỷ lệ nhiễm, thời điểm bùng phát dịch hay tốc độ lây lan.

Khả năng thực hiện đồng thời số lượng lớn mô phỏng trên đám mây cho phép thu thập các tập dữ liệu thống kê với kích thước mẫu lớn trong thời gian hợp lý, từ đó nâng cao độ tin cậy của các kết quả phân tích và giảm thiểu sai lệch do biến thiên ngẫu nhiên. Trong khi đó, ở môi trường desktop, việc phải thực hiện tuần tự một



Hình 4.6: Giao diện kết quả chi tiết một mô phỏng khi chạy đa mô phỏng song song không liên kết

số lượng lớn mô phỏng thường dẫn đến thời gian thực nghiệm kéo dài, khiến số lần lặp bị giới hạn và làm suy giảm ý nghĩa thống kê của kết quả.

4.4.2.2 Đa mô phỏng song song có liên kết giữa các mô phỏng

Trong cơ chế này, hệ thống hỗ trợ thực hiện đa mô phỏng các chuồng nuôi chạy song song đồng thời có sự liên kết và trao đổi dữ liệu, nhằm mô phỏng các mối quan hệ tồn tại trong thực tế giữa các chuồng nuôi, đặc biệt là trong bối cảnh lan truyền dịch bệnh quy mô các chuồng trong một trang trại. Khác với cơ chế đa mô phỏng độc lập, các mô phỏng trong cơ chế này không còn tách biệt hoàn toàn mà được phép chia sẻ trạng thái và tác động lẫn nhau thông qua các kênh dữ liệu được kiểm soát.

Để hiện thực hóa cơ chế này, mô hình chuồng nuôi được nghiên cứu sinh tích hợp vào hệ thống mô phỏng thông qua việc xây dựng tác tử *Pigpen*, đại diện cho một đơn vị chuồng trong trang trại. Tác tử *Pigpen* đóng vai trò như một *container logic*, chịu trách nhiệm quản lý tập hợp các tác tử con, bao gồm các tác tử *Pig* hoặc *DiseasePig*, đồng thời cung cấp các phương thức cần thiết để theo dõi, điều khiển và cập nhật trạng thái của môi trường nuôi nhốt trong suốt quá trình mô phỏng.

Nhằm hỗ trợ việc thu thập và trao đổi dữ liệu giữa các mô phỏng, mô hình được bổ sung các phương thức lưu trữ và truy xuất dữ liệu sau:

- `save_data_daily()`: lưu trữ dữ liệu tổng hợp hàng ngày của chuồng nuôi;
- `save_pig_data_daily()`: lưu trữ thông tin chi tiết hàng ngày của từng cá thể lợn;
- `get_neighbor_states()`: truy xuất trạng thái dịch bệnh của các chuồng nuôi lân cận.

Quá trình lan truyền dịch bệnh giữa các chuồng được mô phỏng thông qua cơ chế tiếp xúc theo vị trí. Khi một cá thể lợn khỏe mạnh (trạng thái SEIR = 0) di chuyển đến khu vực tiếp giáp với chuồng lân cận (ở đây có thể hiểu theo mô hình chuồng tại Việt Nam các chuồng tách biệt nhau qua hàng rào Inox các cá thể lợn có thể tiếp xúc trực tiếp mới nhau qua song Inox), hệ thống sẽ kiểm tra khả năng tiếp xúc với tác nhân gây bệnh từ chuồng bên cạnh. Trong trường hợp phát hiện tiếp xúc giữa cá thể lợn khỏe mạnh và nguồn lây nhiễm, xác suất lây nhiễm được tính toán dựa trên các tham số dịch tễ đã thiết lập. Nếu xác suất này vượt qua ngưỡng cho phép, trạng thái SEIR của cá thể lợn sẽ được cập nhật từ 0 (*susceptible*) sang 1 (*exposed*), đánh dấu sự khởi đầu của giai đoạn ủ bệnh.

Thông qua cơ chế đa mô phỏng song song có liên kết này, hệ thống không chỉ cho phép mô phỏng chi tiết động học của từng chuồng nuôi, mà còn phản ánh được quá trình lan truyền dịch bệnh ở cấp độ liên chuồng, qua đó nâng cao tính hiện thực và giá trị phân tích của mô hình trong các nghiên cứu dịch tễ học quy mô lớn.

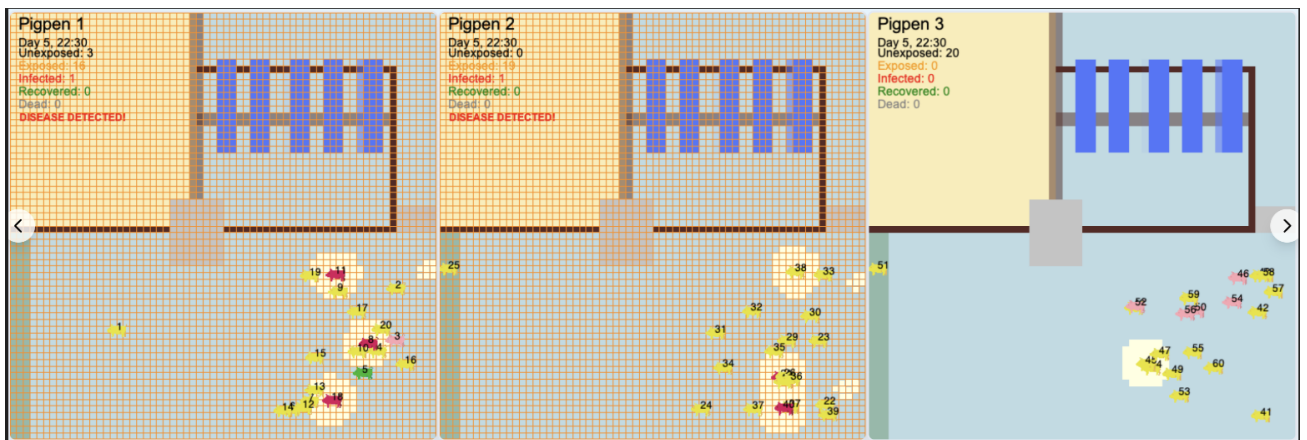
Trong quá trình mô phỏng, dữ liệu của mỗi chuồng nuôi được ghi nhận và lưu trữ vào cơ sở dữ liệu theo từng bước thời gian từng ngày, tạo điều kiện cho việc chia sẻ thông tin giữa các mô phỏng song song. Các chuồng nuôi được bố trí liền kề về mặt logic, cho phép xác định rõ ràng các chuồng “láng giềng” thông qua thuộc tính *neighbor_ids*. Cách tổ chức này phản ánh cấu trúc không gian của các khu chăn nuôi trong thực tế, đồng thời tạo nền tảng cho việc mô phỏng lan truyền dịch bệnh giữa các chuồng.

Việc đánh định danh cho các cá thể lợn trong hệ thống được thực hiện một cách có hệ thống nhằm đảm bảo tính duy nhất và khả năng truy vết trong môi trường đa mô phỏng. Với mỗi chuồng có khả năng chứa tối đa *total_pigs* cá thể, ID của một con lợn trong chuồng thứ *n* được xác định theo công thức 3.1:

$$pig_id = (n - 1) \cdot total_pigs + i \quad (3.1)$$

trong đó *i* là số thứ tự của cá thể lợn trong chuồng, với $1 \leq i \leq total_pigs$.

Hình 4.7 minh họa giao diện trực quan của mô hình đa mô phỏng có liên kết được đề xuất cho bài toán lan truyền dịch tả lợn Châu Phi (ASF) ở quy mô trang trại, trong đó các chuồng nuôi được mô phỏng và vận hành song song trong cùng một hệ thống. Trên giao diện này, người dùng có thể thiết lập các tham số ban đầu của thí nghiệm, bao gồm số lượng chuồng tham gia mô phỏng, tổng số ngày thực hiện, cũng như thời điểm và vị trí khởi phát ổ dịch ban đầu tại một chuồng cụ thể.



Hình 4.8: Giao diện kết quả thực thi đa mô phỏng lây lan dịch quy mô trang trại trên Website.

Hình 4.7: Giao diện cấu hình thực thi đa mô phỏng quy mô trang trại trên Website.

Kết quả mô phỏng được thể hiện trong Hình 4.8, nơi mỗi chuồng nuôi được biểu diễn như một thực thể độc lập nhưng có mối quan hệ liên kết với các chuồng lân cận. Các chuồng hiển thị màu cam biểu thị trạng thái đã bị nhiễm bệnh, phản ánh trực quan quá trình lan truyền dịch ASF giữa các chuồng trong quá trình mô phỏng. Việc sắp xếp các chuồng trên giao diện được xây dựng theo mối quan hệ liền kề logic, tương ứng với cấu trúc không gian của các chuồng nuôi trong thực tế, qua đó giúp làm rõ cơ chế lây lan liên chuồng và hỗ trợ phân tích động học dịch bệnh ở cấp độ trang trại.

Nói chung, cơ chế đa mô phỏng song song trên đám mây không chỉ đóng vai trò tăng tốc quá trình thực thi, mà còn là yếu tố then chốt giúp nâng cao chất lượng khoa học của việc đánh giá mô hình dịch tễ, thông qua khả năng thực hiện các thí nghiệm quy mô lớn, có tính tái lập cao và đảm bảo ý nghĩa thống kê.

4.4.3 Phân tích và đánh giá kết quả

Các thí nghiệm được thực hiện bằng cách triển khai hai mô hình mô phỏng trên ba môi trường thực thi, bao gồm hai nền tảng điện toán đám mây và một môi trường máy tính để bàn. Mỗi mô phỏng đại diện cho một chuồng nuôi lợn gồm 20 cá thể, với thời lượng mô phỏng lần lượt là 15 ngày và 30 ngày.

Số lượng chuồng nuôi, tương ứng với số lượng mô phỏng chạy đồng thời, có thể được cấu hình linh hoạt thông qua giao diện web, cho phép hệ thống dễ dàng mở

rộng quy mô thí nghiệm. Ngược lại, số lượng lợn trong mỗi chuồng được giữ cố định ở mức 20 cá thể; mọi thay đổi đối với tham số này cần được thực hiện ở mức mã nguồn nhằm đảm bảo hành vi nhất quán của các tác tử.

Trong đánh giá hiệu năng, nghiên cứu này tập trung chủ yếu vào mô hình mô phỏng động lực học lây lan dịch bệnh như đã đề cập ở Chương 2. Mô hình thứ hai, đại diện cho quá trình lan truyền dịch bệnh giữa các trang trại được trình bày trong Chương 3, được sử dụng nhằm kiểm chứng khả năng của khung mô phỏng phân tán trong việc tích hợp các mô hình GAMA không đồng nhất, qua đó chứng minh tính mở rộng và khả năng tương tác của hệ thống.

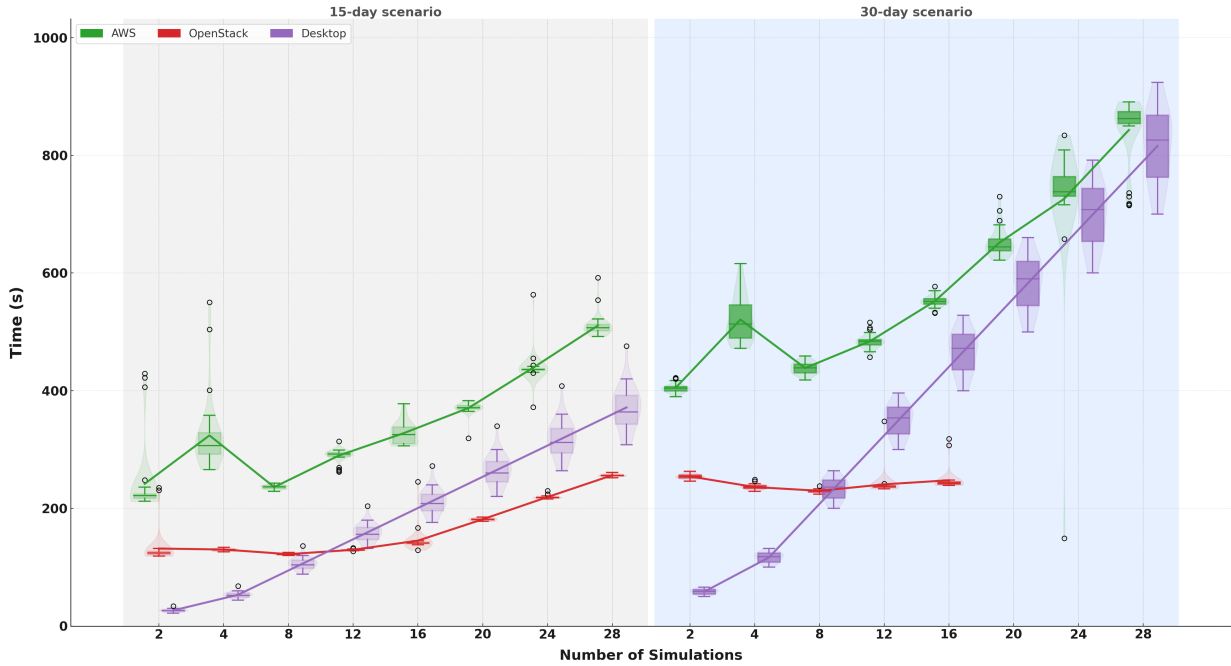
Dữ liệu thí nghiệm cho mỗi kịch bản được thu thập và tổng hợp từ 30 lần lặp độc lập nhằm đảm bảo độ tin cậy và tính nhất quán về mặt thống kê. Số lượng mô phỏng chạy đồng thời trong mỗi kịch bản được cấu hình tăng theo cấp số nhân (lũy thừa của 2), đồng thời bổ sung các trường hợp kiểm thử tại các mức trung gian gồm 12, 20, 24 và 28 mô phỏng.

Trong quá trình thực thi, các chỉ số hiệu năng của hệ thống được ghi nhận và phân tích, bao gồm mức sử dụng CPU (theo phần trăm), mức tiêu thụ RAM (MB), và thời gian thực thi (phút và giây). Đối với môi trường máy tính để bàn, do các mô phỏng được thực hiện tuần tự, chỉ tổng thời gian thực thi được đo đạc; chỉ số này được sử dụng làm cơ sở so sánh hiệu năng tổng thể với các môi trường điện toán đám mây.

Kết quả thí nghiệm được tính toán, tổng hợp và phân tích thống kê bằng các chỉ số mô tả, bao gồm Q1 (tứ phân vị thứ nhất), Median (trung vị), Q3 (tứ phân vị thứ ba), IQR (khoảng tứ phân vị), Min, Max và Outliers. Các kết quả được minh họa trong Hình 4.9, Hình 4.10 và Hình 4.11 thể hiện sự biến thiên của ba chỉ số hiệu năng chính—mức tiêu thụ RAM, mức sử dụng CPU và thời gian thực thi—trên ba môi trường thực thi gồm AWS, OpenStack và Desktop, dưới hai kịch bản thời lượng mô phỏng là 15 ngày và 30 ngày.

Hình 4.9 trình bày phân bố thời gian thực thi của các môi trường Desktop, OpenStack và AWS dưới hai kịch bản mô phỏng 15 ngày và 30 ngày. Các thống kê dựa trên tứ phân vị (Q1, Median, Q3, IQR, Min–Max và các giá trị ngoại lai) cho thấy sự khác biệt rõ rệt về đặc tính vận hành của ba mô hình thực thi. Đáng chú ý, môi trường OpenStack, đối với kịch bản mô phỏng 30 ngày, hệ thống chỉ duy trì trạng thái ổn định khi thực hiện tối đa 16 mô phỏng song song. Khi số lượng mô phỏng tăng lên 20, tài nguyên hệ thống bị khai thác cạn kiệt, dẫn đến việc các mô phỏng không thể khởi chạy hoặc bị gián đoạn trong quá trình thực thi.

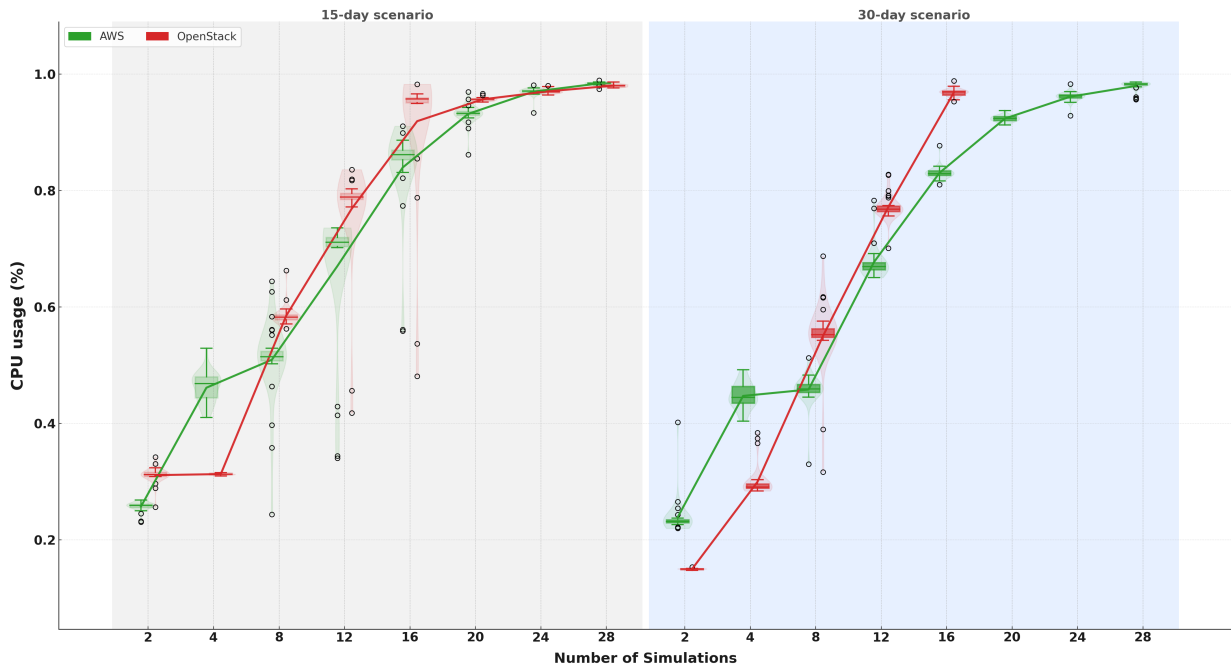
Môi trường Desktop thể hiện sự tăng trưởng tuyến tính của giá trị trung vị thời



Hình 4.9: Thời gian thực thi với các cấp độ mô phỏng.

gian thực thi theo số lượng mô phỏng, đồng thời duy trì giá trị IQR gần như không đáng kể ở tất cả các mức tải. Phân bố cực kỳ hẹp này phản ánh bản chất xác định của cơ chế thực thi tuần tự hoàn toàn, trong đó không xảy ra hiện tượng tranh chấp tài nguyên. Mặc dù ổn định và có khả năng dự đoán cao, môi trường Desktop về bản chất không phù hợp cho các quy trình mô phỏng quy mô lớn do không thể khai thác tính song song. OpenStack đạt được giá trị trung vị thời gian thực thi thấp nhất tại hầu hết các mức song song trong cả hai kịch bản mô phỏng. Giá trị IQR nhỏ ở các mức tải thấp và trung bình (≤ 12 mô phỏng) cho thấy cơ chế lập lịch và phân bổ tài nguyên hoạt động hiệu quả khi mức độ tranh chấp còn hạn chế. Tuy nhiên, khi số lượng mô phỏng đồng thời vượt quá 16, IQR mở rộng đáng kể và xuất hiện nhiều giá trị ngoại lai có độ trễ cao. Sự gia tăng độ phân tán này phản ánh sự suy giảm hiệu quả lập lịch và tính ổn định của hệ thống dưới tải nặng, phù hợp với hiện tượng bão hòa CPU đã được quan sát trước đó. Đồng thời, sự gia tăng của Q_3 cùng với khoảng cách ngày càng lớn so với các giá trị ngoại lai cho thấy độ trễ tích lũy và sự xuất hiện của các nút thắt hiệu năng khi hệ thống tiến gần tới trạng thái quá tải.

Ngược lại, AWS thể hiện mức độ biến thiên cao hơn so với sự ổn định của OpenStack. Mặc dù AWS có giá trị trung vị và IQR cao hơn tại các mức song song trung bình, độ rộng của phân bố chỉ tăng dần một cách từ từ khi tải tăng. Ngay cả tại các mức đồng thời cao (≥ 20 mô phỏng), AWS vẫn duy trì sự gia tăng có kiểm soát của Q_3 , mặc dù xuất hiện nhiều giá trị ngoại lai hơn so với OpenStack.



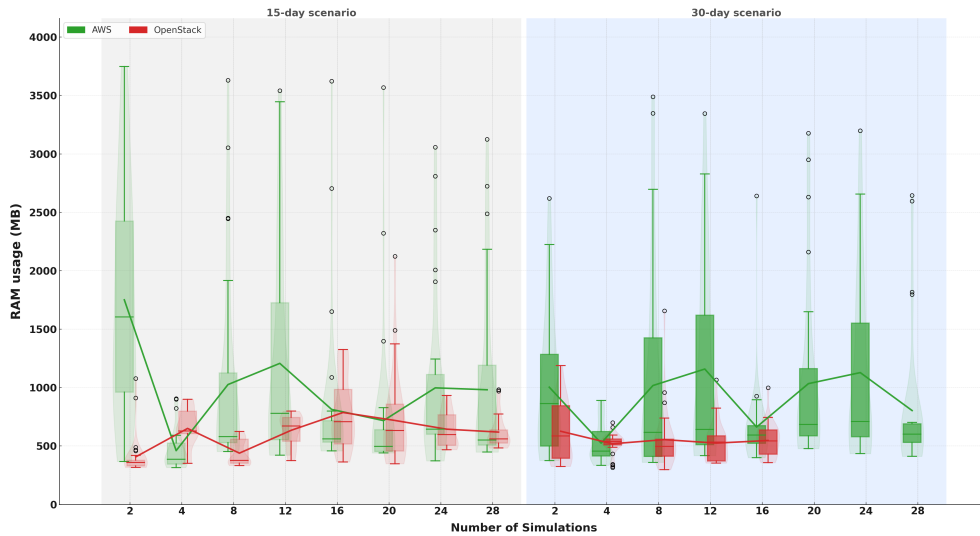
Hình 4.10: Tài nguyên CPU sử dụng chạy mô phỏng với các cấp độ mô phỏng.

Hành vi này cho thấy AWS được hưởng lợi từ khả năng cấp phát tài nguyên đàn hồi hoặc một tầng ảo hóa có khả năng chống chịu tốt hơn, qua đó làm giảm sự mất ổn định của hệ thống dưới tải nặng. Mặc dù AWS có thời gian thực thi tuyệt đối cao hơn — đặc biệt trong kịch bản 30 ngày, nơi giá trị trung vị đạt khoảng 800–900 giây — sự gia tăng đơn điệu và có thể dự đoán của Q_1 , Median và Q_3 cho thấy một mô hình thời gian hoàn thành nhất quán và có khả năng mở rộng tốt.

Hình 4.10 minh họa các đặc trưng tiêu thụ CPU của hai nền tảng AWS và OpenStack dưới cả hai kịch bản mô phỏng 15 ngày và 30 ngày. Các chỉ số dựa trên tứ phân vị cho thấy sự khác biệt mang tính cấu trúc rõ rệt giữa hai môi trường thực thi. Mặc dù AWS xuất hiện số lượng giá trị ngoại lai nhiều hơn một chút tại các mức song song từ 8 đến 24 mô phỏng, giá trị trung vị cũng như toàn bộ phân bố tứ phân vị của OpenStack luôn cao hơn so với AWS. Điều này cho thấy OpenStack duy trì mức sử dụng CPU tuyệt đối cao hơn, mặc dù cả hai nền tảng có độ rộng IQR tương đương nhau ở hầu hết các mức tải.

Do đó, mức độ biến thiên (IQR) của hai nền tảng là tương tự, nhưng AWS thể hiện xu hướng trung tâm thấp hơn, phản ánh khả năng phân bổ CPU hiệu quả hơn dưới cùng một khối lượng công việc. Một quan sát đáng chú ý là hiện tượng bão hòa CPU xảy ra sớm trên OpenStack. Giá trị trung vị của mức sử dụng CPU tiệm cận 100% ngay từ khoảng 12–16 mô phỏng và gần như không tăng thêm sau đó, cho thấy hệ thống đã đạt đến giới hạn tài nguyên tính toán.

Ngược lại, AWS tiếp tục thể hiện sự gia tăng dần đều của cả giá trị trung vị và tứ



Hình 4.11: Tài nguyên RAM sử dụng chạy mô phỏng với các cấp độ mô phỏng.

phân vị trên (Q3) cho tới 28 mô phỏng, phản ánh khả năng đàn hồi tốt hơn và duy trì hiệu năng ổn định dưới mức song song cao. Những kết quả này cho thấy AWS cung cấp một hồ sơ hiệu năng CPU ổn định và có khả năng mở rộng tốt hơn cho các bài toán mô phỏng phân tán, trong khi OpenStack dễ bị tranh chấp CPU và đạt trạng thái bão hòa ở mức song song thấp hơn đáng kể. Do đó, OpenStack phù hợp hơn với các khối lượng công việc ở mức trung bình, trong khi AWS hỗ trợ hiệu quả hơn các quy trình mô phỏng quy mô lớn.

Hình 4.11 cho thấy sự khác biệt rõ rệt trong mô hình sử dụng bộ nhớ giữa AWS và OpenStack trên tất cả các mức độ song song. AWS thể hiện dải Min–Max và Q1–Q3 rộng hơn một cách nhất quán, đặc biệt tại các mức 8, 12, 16 và 24 mô phỏng đồng thời trong cả hai kịch bản thí nghiệm. Dải IQR mở rộng này phản ánh một cơ chế phân bổ bộ nhớ mang tính thích ứng cao hơn, cho phép điều chỉnh linh hoạt mức tiêu thụ RAM dựa trên đặc điểm của khối lượng công việc.

Mặc dù phân bố bộ nhớ của AWS rộng hơn, giá trị trung vị vẫn được duy trì ổn định theo số lượng mô phỏng song song, cho thấy nền tảng này bảo toàn được cấu trúc phân bố trung tâm có tính dự đoán, đồng thời vẫn cho phép biến thiên thích ứng. Hành vi này phản ánh khả năng cấp phát bộ nhớ đàn hồi mà không làm suy giảm tính ổn định tổng thể của hệ thống.

Ngược lại, OpenStack thể hiện dải IQR hẹp hơn đáng kể, với các giá trị tập trung chặt chẽ xung quanh trung vị. Mặc dù sự tập trung này ban đầu có thể được xem là có lợi, mức trần RAM thấp và ổn định cho thấy một chính sách phân bổ cứng nhắc với khả năng đàn hồi hạn chế. Mô hình bộ nhớ bị ràng buộc này nhiều khả năng góp phần dẫn đến hiện tượng bão hòa CPU sớm đã được quan sát trong phân tích

mức sử dụng CPU, do việc thiếu hụt RAM làm giảm khả năng cân bằng tải của hệ thống.

Mặc dù AWS tạo ra nhiều giá trị ngoại lai hơn, các sai lệch này chủ yếu xuất phát từ việc cấp phát bộ nhớ ở mức cao một cách có chủ đích, được kích hoạt bởi các đợt bùng nổ mô phỏng cụ thể, thay vì do sự bất ổn của hệ thống. Mẫu hình này phản ánh một chiến lược tối ưu tài nguyên, trong đó phần bộ nhớ dự phòng được khai thác nhằm tăng tốc các giai đoạn tính toán.

Tổng thể, phân bố RAM rộng hơn nhưng có cấu trúc ổn định của AWS cho thấy một hệ thống bộ nhớ phù hợp hơn với các quy trình mô phỏng song song quy mô lớn, trong khi OpenStack chỉ duy trì hiệu quả ở các mức tải trung bình do hành vi phân bổ bộ nhớ bị giới hạn và kém thích ứng hơn. Phân tích dựa trên các thống kê tứ phân vị của mức sử dụng CPU, tiêu thụ RAM và thời gian thực thi cho thấy ba môi trường thực thi có những đặc trưng về khả năng mở rộng hoàn toàn khác nhau. Nền tảng Desktop bị giới hạn một cách nội tại bởi mô hình thực thi tuần tự nghiêm ngặt, do đó không thể đạt được bất kỳ lợi ích hiệu năng đáng kể nào khi khối lượng công việc tăng lên.

OpenStack đạt được thời gian hoàn thành nhanh nhất ở các mức song song trung bình, tuy nhiên hệ thống trở nên kém ổn định khi mức độ tranh chấp CPU gia tăng. Điều này khiến OpenStack chỉ phù hợp cho các tác vụ mô phỏng quy mô vừa, nơi yêu cầu về tài nguyên chưa vượt quá ngưỡng bão hòa của hệ thống.

Ngược lại, AWS mặc dù có độ trễ nền cao hơn, nhưng lại duy trì được cấu trúc phân bố tứ phân vị ổn định và có khả năng dự đoán tốt ngay cả dưới mức độ song song cao. Nhờ cơ chế cấp phát tài nguyên đàn hồi, hệ thống có thể bảo toàn tính ổn định phân bố trong khi vẫn mở rộng hiệu quả đến số lượng lớn các mô phỏng chạy đồng thời.

Những kết quả này cho thấy các môi trường điện toán đám mây được trang bị cơ chế phân bổ tài nguyên thích ứng mang lại lợi thế rõ rệt cho các bài toán mô phỏng phân tán và các quy trình mô hình hóa đa tác tử phức tạp.

4.5 Kết luận chương

Chương này đã trình bày việc đề xuất và xây dựng một hệ thống mô phỏng phân tán dựa trên nền tảng điện toán đám mây nhằm nâng cao khả năng mở rộng và hiệu quả tính toán cho các mô hình mô phỏng đa tác tử quy mô lớn trong giám sát sức khỏe đàn lợn. Hệ thống được phát triển trên nền tảng GAMA và triển khai trên các cụm máy ảo thuộc hai môi trường đám mây AWS và OpenStack, cho phép rút ngắn

đáng kể thời gian tính toán thông qua cơ chế xử lý song song và phân bổ tài nguyên hiệu quả. Kết quả thực nghiệm cho thấy hệ thống hoạt động ổn định trên cả ba môi trường thực thi, trong đó AWS đạt hiệu năng cao nhất nhờ khả năng mở rộng linh hoạt và tốc độ xử lý vượt trội; OpenStack thể hiện ưu thế về tính ổn định bộ nhớ và chi phí vận hành thấp, phù hợp với các mô phỏng quy mô nhỏ hoặc thời gian ngắn; trong khi môi trường máy tính để bàn bộc lộ rõ hạn chế về hiệu năng khi số lượng mô phỏng tăng lên do cơ chế thực thi tuần tự. Các kết quả này khẳng định ưu thế của hạ tầng đám mây phân tán trong việc mở rộng và tối ưu hóa các mô phỏng GAMA quy mô lớn so với cách triển khai cục bộ truyền thống. Đồng thời, chương cũng chứng minh tính linh hoạt và khả năng thích ứng của kiến trúc đề xuất thông qua việc tích hợp và vận hành hiệu quả nhiều loại mô hình mô phỏng khác nhau, tiêu biểu là mô hình lây lan dịch bệnh và mô hình phát thải. Những kết quả đạt được là cơ sở quan trọng cho các nghiên cứu tiếp theo hướng tới tối ưu hóa phân bổ tài nguyên động, nâng cao khả năng chịu lỗi và mở rộng ứng dụng của hệ thống trong quản lý dịch bệnh, chăn nuôi thông minh và nông nghiệp bền vững.

KẾT LUẬN VÀ HƯỚNG PHÁT TRIỂN

Các đóng góp chính

Trong bối cảnh chăn nuôi chính xác và xu hướng áp dụng công nghệ hiện đại vào ngành nông nghiệp, việc mô phỏng và quản lý dịch bệnh trong chăn nuôi lợn ngày càng trở nên quan trọng. Một trong những giải pháp hiệu quả để giải quyết vấn đề này là ứng dụng mô hình đa tác tử (ABM) kết hợp với công nghệ IoT và hệ thống giám sát thông minh. Tuy nhiên, việc mô phỏng lây lan dịch bệnh trong đàn lợn vẫn đối mặt với nhiều thách thức, đặc biệt là sự phức tạp trong việc xử lý dữ liệu phân tán và sự tương tác giữa các yếu tố môi trường, hành vi động vật và mầm bệnh. Từ những vấn đề đặt ra, các đóng góp chính của luận án bao gồm:

- Đóng góp 1: Luận án đề xuất và phát triển mô hình mô phỏng hệ thống cho ăn chính xác PFS cho đàn lợn nuôi và mô hình mô phỏng dựa trên hướng tác tử tích hợp máy trạng thái hai lớp gồm lớp hành vi và lớp bệnh lý, kết hợp với mô hình SEIR ở cấp cá thể. Từ đó mô hình mô phỏng quá trình lây lan dịch bệnh trong nội bộ đàn lợn (intra-herd transmission) gắn với hệ thống cho ăn chính xác, cho phép phân tích các kịch bản lây nhiễm khác nhau trong môi trường giả lập.
- Đóng góp 2: Xây dựng mô hình mô phỏng đa tác tử mô tả sự lan truyền dịch bệnh giữa các trang trại (inter-herd transmission). Trên cơ sở các tham số và động lực lây truyền đã được xác định ở cấp độ trong đàn. Điểm mới cốt lõi là chuyển từ mô hình cấp đàn sang cấp hệ thống đa đàn, cho phép đánh giá các chiến lược kiểm soát dịch bệnh trên quy mô lớn.
- Đóng góp 3: Đề xuất và triển khai kiến trúc hệ thống mô phỏng phân tán trên nền tảng đám mây, nhằm tối ưu hóa hiệu năng tính toán cho các kịch bản mô phỏng quy mô lớn và tăng tính linh hoạt trong việc thử nghiệm, giám sát các kịch bản cảnh báo sớm nguy cơ dịch bệnh.

Bàn luận

Kết quả đạt được từ các đóng góp trong luận án đã phản ánh hiệu quả của mô hình mô phỏng hệ thống cho ăn chính xác và lây lan dịch bệnh trong chăn nuôi lợn, cũng như việc áp dụng công nghệ thông tin trong quản lý sức khỏe động vật. Các

mô hình được xây dựng góp phần nâng cao khả năng tối ưu hóa dinh dưỡng cho đàn lợn và hỗ trợ phòng chống dịch bệnh một cách hiệu quả hơn.

Trước hết, mô hình hệ thống cho ăn chính xác được phát triển dựa trên nền tảng mô hình đa tác tử (Agent-Based Modeling – ABM), cho phép mô phỏng hành vi và nhu cầu dinh dưỡng của từng cá thể lợn. Cách tiếp cận này không chỉ hỗ trợ quản lý dinh dưỡng một cách hiệu quả mà còn góp phần tối ưu hóa chi phí thức ăn và cải thiện tình trạng sức khỏe tổng thể của đàn lợn. Tuy nhiên, việc mô phỏng với số lượng lớn các tác tử vẫn đòi hỏi khối lượng tính toán đáng kể, do đó bài toán tối ưu hóa hiệu năng mô phỏng cần tiếp tục được nghiên cứu và hoàn thiện.

Tiếp theo, mô hình lây lan dịch bệnh được xây dựng cho cả cấp độ nội bầy đàn và giữa các trang trại được xem là một bước tiến quan trọng trong công tác quản lý dịch bệnh trong chăn nuôi. Thông qua mô phỏng, mô hình giúp làm rõ hơn cơ chế và động lực lây lan của dịch bệnh trong môi trường trang trại, từ đó hỗ trợ xây dựng các chiến lược phòng ngừa và can thiệp phù hợp. Tuy nhiên, việc áp dụng mô hình trong thực tiễn đòi hỏi nguồn dữ liệu có chất lượng cao, đặc biệt là dữ liệu về sự tiếp xúc giữa các cá thể và các yếu tố ngoại cảnh, điều mà hiện nay vẫn còn gặp nhiều hạn chế.

Cuối cùng, việc triển khai hệ thống mô phỏng trên nền tảng đám mây như AWS và OpenStack đã góp phần nâng cao hiệu suất mô phỏng cũng như tăng tính linh hoạt trong việc thử nghiệm nhiều kịch bản khác nhau và hỗ trợ cảnh báo sớm dịch bệnh. Mặc dù hạ tầng đám mây giúp giải quyết hiệu quả các vấn đề liên quan đến khối lượng dữ liệu lớn và tính toán phân tán, hệ thống vẫn cần được tiếp tục cải tiến nhằm nâng cao hiệu quả chi phí và độ tin cậy khi mở rộng triển khai ở quy mô lớn.

Hạn chế

Mặc dù các phương pháp đề xuất đã cải thiện hiệu năng mô phỏng dịch bệnh và quản lý hệ thống cho ăn chính xác, nhưng vẫn tồn tại những hạn chế nhất định. Một số hạn chế có thể kể ra là:

- **Hạn chế 1:** Việc xây dựng mô hình đa tác tử (ABM) cho hệ thống cho ăn chính xác vẫn gặp phải vấn đề về độ phức tạp tính toán, đặc biệt khi xử lý với số lượng lớn tác tử. Điều này có thể ảnh hưởng đến hiệu suất mô phỏng khi áp dụng ở quy mô lớn hoặc khi cần xử lý các kịch bản mô phỏng phức tạp.
- **Hạn chế 2:** Mô hình mô phỏng sự lây lan dịch bệnh giữa các trang trại có thể gặp khó khăn trong việc mô phỏng chính xác các yếu tố gián tiếp như vận

chuyển hoặc vi phạm an toàn sinh học, do sự không đồng nhất trong dữ liệu thực tế và sự khó khăn trong việc thu thập dữ liệu đầy đủ.

- **Hạn chế 3:** Mặc dù việc sử dụng nền tảng đám mây giúp tối ưu hóa hiệu suất mô phỏng, việc quản lý dữ liệu phân tán và tính toán quy mô lớn vẫn yêu cầu các giải pháp tối ưu hóa sâu hơn để giảm thiểu chi phí tính toán và tăng tính ổn định trong quá trình thực thi mô phỏng.

Luận án tồn tại một số hạn chế, chẳng hạn như độ phức tạp tính toán trong mô phỏng đa tác tử và thiếu tích hợp IoT thực tế. Ngoài ra, nghiên cứu dùng dữ liệu giả lập, nên dự báo mang tính lý thuyết cao, tập trung vào phân tích kịch bản và độ nhạy tham số, chứ chưa được kiểm chứng (validation) qua dữ liệu thực địa. Điều này có thể dẫn đến sự khác biệt giữa mô phỏng và thực tế, đặc biệt trong bối cảnh chăn nuôi phân tán và biến đổi khí hậu tại Việt Nam

Hướng phát triển

Dựa trên những hạn chế đã phân tích, một số hướng nghiên cứu tiềm năng có thể được phát triển nhằm tiếp tục nâng cao hiệu năng mô phỏng hệ thống cho ăn chính xác và sự lây lan dịch bệnh:

- **Hướng phát triển 1:** Cải thiện hiệu năng của mô phỏng bằng việc cải tiến kiến trúc phân tán trên môi trường đám mây.
- **Hướng phát triển 2:** Mở rộng mô hình mô phỏng sự lây lan dịch bệnh để tạo mô hình liên thông hai tầng từ nội bầy đàn lên quy mô các trang trại trong khu vực để đảm bảo tính nhất quán của mô phỏng.
- **Hướng phát triển 3:** Tăng cường khả năng mô phỏng quá trình lây lan dịch bệnh thông qua việc thu thập và xử lý dữ liệu từ các cảm biến IoT thời gian thực, đồng thời phát triển các mô hình học máy để dự đoán sự lây lan dịch bệnh dựa trên dữ liệu thời gian thực .
- **Hướng phát triển 4:** Nâng cao khả năng tích hợp hệ thống giám sát thông minh vào mô phỏng, cho phép hệ thống cảnh báo sớm dịch bệnh hoạt động hiệu quả hơn, từ đó hỗ trợ quản lý đàn lợn và giảm thiểu nguy cơ dịch bệnh.

DANH MỤC

CÔNG TRÌNH KHOA HỌC

Bài báo tạp chí

[CT1] Xuan-Truong Nguyen, Linh Manh Pham and Quang Hung Bui, “Agent-based Modeling the Spread of African Swine Fever on a Regional Scale and Evaluating Its Control Measures using a Cloud-based Simulator”, *VNU Journal of Science: Computer Science and Communication Engineering*, vol. 41, no. 2, Dec. 2025, ISSN 2588–1086. DOI: 10.25073/2588-1086/vnucsce.5737.

Báo cáo khoa học hội nghị

[CT2] Xuan-Truong Nguyen, Linh Manh Pham, Nguyen Quang Thanh and Hoang-Viet Tran, “Improving the Performance of the African Swine Fever Spreading Simulation on the Cloud-based GAMA Platform”, *Proceedings of the 11th EAI International Conference on Mobility, IoT and Smart Cities*, Da Nang, Vietnam, Oct. 2024. In Press. (SCOPUS).

[CT3] Xuan-Truong Nguyen, Linh Manh Pham and Quang Hung Bui, “Cloud-based Multi-Agent Simulation of Multiple Pathogens in Pigs Raised by the Precision Feeding System”, *Proceedings of the 11th EAI International Conference on Mobility, IoT and Smart Cities*, Da Nang, Vietnam, Oct. 2024. In Press. (SCOPUS).

[CT4] Xuan-Truong Nguyen, Linh Manh Pham and Quang Hung Bui, “Simulation of the Health Monitoring and Disease Warning System on the Pig Herd with a Cloud-based GAMA Platform”, *Proceedings of the 8th IEEE/ACIS International Conference on Big Data, Cloud Computing, and Data Science Engineering*, pp. 26–31, Ho Chi Minh City, Vietnam, Dec. 2023.
<https://doi.org/10.1109/BCD57833.2023.10466335>. (SCOPUS).

[CT5] Linh Manh Pham, Xuan-Truong Nguyen, “A Cloud-based Multi-agent Simulation of African Swine Fever in Hanoi Region”, *Proceedings of the 8th IEEE/ACIS International Conference on Big Data, Cloud Computing, and Data Science Engineering*, pp. 52–57, Ho Chi Minh City, Vietnam, Dec. 2023.
<https://doi.org/10.1109/BCD57833.2023.10466296>. (SCOPUS).

[CT6] Xuan-Truong Nguyen and Linh Manh Pham, “Cloud-Based Simulation

of Precision Feeding System for Pig Health Management”, *Proceedings of the 13th International Conference on Application of Information Technology in Agriculture Asia-Pacific Region (APFITA)*, pp. 109–115, Hanoi, Vietnam, 2022, ISBN 978–604–9990–32–8.

<http://fat.uet.vnu.edu.vn/proceeding-of-apfita-wcca-2022-conference>.

Bài báo tạp chí chưa công bố

[CT7] Xuan-Truong Nguyen, Linh-Manh Pham, Quang Hung Bui, “A Cloud-Based Distributed System Supporting Multi-Agent Simulation of Large-Scale Pig Health Monitoring Models”, submitted to *IEEE Access*, 2026.

Tài liệu tham khảo

- [1] Vietnam administrative boundaries (cod-ab). <https://data.humdata.org/dataset/cod-ab-vnm>. Humanitarian Data Exchange, truy cập năm 2025.
- [2] Vietnam latest free shapefile. <https://download.geofabrik.de/asia/vietnam-latest-free.shp.zip>. Geofabrik OpenStreetMap Extracts, truy cập năm 2025.
- [3] B. Akinyemi, J. Siegford, L. Jessiman, S. Turner, A. Johnson, and F. Akaichi. Precision livestock farming usage among a subset of u.s. swine producers: Insights through a structural equation modeling approach. *Smart Agricultural Technology*, 10:100839, 2025. doi: 10.1016/j.atech.2025.100839. URL <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2772375525000723>.
- [4] B. E. Akinyemi, F. Akaichi, J. M. Siegford, and S. P. Turner. Us swine industry stakeholder perceptions of precision livestock farming technology: A q-methodology study. *Animals*, 13(18):2930, 2023. doi: 10.3390/ani13182930. URL <https://www.mdpi.com/2076-2615/13/18/2930>.
- [5] B. E. Akinyemi, L. Jessiman, S. P. Turner, and J. M. Siegford. Beyond the farm: stakeholder perspectives on precision livestock farming in the swine industry. *Frontiers in Animal Science*, 6, 2025. doi: 10.3389/fanim.2025.1710969. URL <https://www.frontiersin.org/journals/animal-science/articles/10.3389/fanim.2025.1710969/full>.
- [6] S. Alter. Defining information systems as work systems: Implications for the is field. *European Journal of Information Systems*, 17(5):448–469, 2008. doi: 10.1057/ejis.2008.40.
- [7] F. H. W. Ambrosius, M. R. Kramer, A. Spiegel, E. A. M. Bokkers, B. B. Bock, and G. J. Hofstede. Diffusion of organic farming among dutch pig farmers: An agent-based model. *Agricultural Systems*, 197:103336, 2022. doi: 10.1016/j.agsy.2021.103336.
- [8] M. Andraud, N. Rose, B. Grasland, J.-S. Pierre, A. Jestin, and F. Madec. Epidemiological modelling of disease spread in livestock populations. *Veterinary Research*, 50(1):21, 2019. doi: 10.1186/s13567-019-0635-4.
- [9] M. Andraud, S. Bougeard, T. Chesnoiu, and N. Rose. Stochastic modelling of african swine fever in wild boar and domestic pigs: Epidemic forecasting and

- comparison of disease management strategies. *Epidemics*, 40:100611, 2022. doi: 10.1016/j.epidem.2022.100611.
- [10] A. Antelmi, P. Caramante, G. Cordasco, G. D'Ambrosio, D. D. Vinco, F. Foglia, L. Postiglione, and C. Spagnuolo. Reliable and efficient agent-based modeling and simulation. *Journal of Artificial Societies and Social Simulation*, 27(2):4, 2024. doi: 10.18564/jasss.5300. URL <https://www.jasss.org/27/2/4.html>.
- [11] M. Armbrust, A. Fox, R. Griffith, A. D. Joseph, R. Katz, A. Konwinski, G. Lee, D. Patterson, A. Rabkin, I. Stoica, and M. Zaharia. A view of cloud computing. *Communications of the ACM*, 53(4):50–58, 2010. doi: 10.1145/1721654.1721672.
- [12] I. Baldini, P. Castro, K. S.-P. Chang, P. Cheng, S. Fink, V. Ishakian, N. Mitchell, V. Muthusamy, R. Rabbah, A. Slominski, and P. Suter. Serverless computing: Current trends and open problems. In *Research Advances in Cloud Computing*, pages 1–20. Springer, 2017. doi: 10.1007/978-981-10-5026-8_1.
- [13] I. Bambrik. A survey on cloud computing simulation and modeling. *SN Computer Science*, 1(6):1–17, 2020. doi: 10.1007/s42979-020-00273-1.
- [14] D. Berckmans. Precision livestock farming technologies for welfare management in intensive livestock systems. *Rev. Sci. Tech. Off. Int. Epiz.*, 33(1): 189–196, Apr. 2014. doi: 10.20506/rst.33.1.2273.
- [15] G. Bernabucci, C. Evangelista, P. Girotti, P. Viola, R. Spina, B. Ronchi, U. Bernabucci, L. Basiricò, L. Turini, A. Mantino, M. Mele, and R. Primi. Precision livestock farming: an overview on the application in extensive systems. *Italian Journal of Animal Science*, 24:859–884, 2025. doi: 10.1080/1828051X.2025.2480821. URL <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/1828051X.2025.2480821>.
- [16] P. Blanchard, D. J. Higham, and N. J. Higham. Accurately computing the log-sum-exp and softmax functions. *IMA Journal of Numerical Analysis*, 41(4):2311–2330, 2021. doi: 10.1093/imanum/draa038.
- [17] S. Blome, K. Franzke, and M. Beer. African swine fever: A review of current knowledge. *Virus Research*, 287:198099, 2020. doi: 10.1016/j.virusres.2020.198099. URL <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2020.198099>.

- [18] G. J. Boender, R. van den Hengel, H. J. W. van Roermund, and T. J. Hagenaars. The influence of between-farm distance and farm size on the spread of classical swine fever during the 1997–1998 epidemic in the netherlands. PLoS ONE, 9(4):e95278, 2014. doi: 10.1371/journal.pone.0095278.
- [19] A. Borshchev. The Big Book of Simulation Modeling: Multimethod Modeling with AnyLogic 6. AnyLogic North America, 2013. ISBN 9780989573177.
- [20] I. Bostanci and T. Conrad. Integrating agent-based and compartmental models for infectious disease modeling: A novel hybrid approach. Journal of Artificial Societies and Social Simulation, 28(1):1–5, 2025. doi: 10.18564/jasss.5567.
- [21] I. Boumans. Simulating pigs: Understanding their motivations, behaviour, welfare and productivity. PhD thesis, Wageningen University, 2017. WU thesis 6727.
- [22] I. J. M. M. Boumans, I. J. M. de Boer, G. J. Hofstede, and E. A. M. Bokkers. Unravelling variation in feeding, social interaction and growth patterns among pigs using an agent-based model. Physiology Behavior, 191:100–115, 2018. doi: 10.1016/j.physbeh.2018.03.030.
- [23] F. Brauer, C. Castillo-Chavez, and Z. Feng. Mathematical Models in Epidemiology, volume 69 of Texts in Applied Mathematics. Springer, 2019. ISBN 978-1-4939-9828-9. doi: 10.1007/978-1-4939-9828-9.
- [24] J. D. Bus et al. Understanding the feeding strategies of growing-finishing pigs by modelling growth and motivation. Applied Animal Behaviour Science, 271: 106000, 2024. doi: 10.1016/j.applanim.2024.106000.
- [25] R. Buyya and S. N. Srirama, editors. Fog and Edge Computing: Principles and Paradigms. John Wiley & Sons, 2019. doi: 10.1002/9781119525080.
- [26] R. Buyya, S. N. Srirama, G. Casale, R. Calheiros, Y. Simmhan, B. Varghese, E. Gelenbe, B. Javadi, L. M. Vaquero, M. A. S. Netto, A. N. Toosi, M. A. Rodriguez, I. M. Llorente, S. D. C. D. Vimercati, P. Samarati, D. Milojicic, C. Varela, R. Bahsoon, M. D. D. Assuncao, O. Rana, W. Zhou, H. Jin, W. Gentsch, A. Y. Zomaya, and H. Shen. A manifesto for future generation cloud computing: Research directions for the next decade. ACM Computing Surveys, 51(5):105, 2018. doi: 10.1145/3241737.
- [27] Chính phủ. Nghị định số 13/2020/NĐ-cp hướng dẫn chi tiết luật chăn nuôi, 2020. Việt Nam.

- [28] N. T. Collier, J. Ozik, and E. R. Tatara. Distributed agent-based simulation with repast4py. Proceedings of the Winter Simulation Conference, pages 192–206, 2023. doi: 10.1109/WSC57314.2022.10015389.
- [29] S. Costard, B. Wieland, W. de Glanville, D. U. Pfeiffer, et al. African swine fever: how can global spread be prevented? Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences, 374(1776):20170704, 2019. doi: 10.1098/rstb.2017.0704.
- [30] G. Coulouris, J. Dollimore, T. Kindberg, and G. Blair. Distributed Systems: Concepts and Design. Pearson, 5 edition, 2011. ISBN 0132143011.
- [31] L. Danon, A. P. Ford, T. House, C. P. Jewell, M. J. Keeling, G. O. Roberts, J. V. Ross, and M. C. Vernon. Networks and the epidemiology of infectious disease. Interdisciplinary Perspectives on Infectious Diseases, 2011:284909, 2011. doi: 10.1155/2011/284909.
- [32] Department of Animal Health, Vietnam. Cập bách ngăn chặn, không giấu dịch tả lợn châu phi. Online, 2020. URL <http://www.cucthuy.gov.vn/Pages/cap-bach-ngan-chan-khong-giau-dich-ta-lon-chau-phi.aspx>. Accessed: Oct. 2025.
- [33] D. Dong. Agent-based cloud simulation model for resource management. Journal of Cloud Computing, 12(1):156, 2023. doi: 10.1186/s13677-023-00525-5. URL <https://doi.org/10.1186/s13677-023-00525-5>.
- [34] C. Dubé, C. Ribble, D. Kelton, and B. McNab. A review of network analysis terminology and its application to foot-and-mouth disease modelling and policy development. Transboundary and Emerging Diseases, 56(3):73–85, 2009. doi: 10.1111/j.1865-1682.2009.01070.x.
- [35] J. M. Epstein. Modelling to contain pandemics. Nature, 460:687, 2009. doi: 10.1038/460687a.
- [36] T. Erl. Service-Oriented Architecture: Analysis and Design for Services and Microservices. Pearson, 2 edition, 2017. ISBN 978-0-13-385858-7. With contributions by Paulo Merson and Roger Stoffers. Part of The Pearson Service Technology Series from Thomas Erl.
- [37] ETRI. Etri developed smart safe livestock barn platform technology. <https://www.eurekalert.org/news-releases/973491>, 2022.

- [38] European Commission. Animal disease information system (adis). https://food.ec.europa.eu/animals/animal-diseases/animal-disease-information-system-adis_en, n.d. Retrieved December 22, 2025.
- [39] C. Folke, S. R. Carpenter, B. Walker, M. Scheffer, T. Chapin, and J. Rockström. Resilience thinking: Integrating resilience, adaptability and transformability. *Ecology and Society*, 15(4):20, 2010. URL <https://www.ecologyandsociety.org/vol15/iss4/art20/>.
- [40] C. Folke, R. Biggs, A. V. Norström, B. Reyers, and J. Rockström. Social-ecological resilience and biosphere-based sustainability science. *Ecology and Society*, 21(3):41, 2016. doi: 10.5751/ES-08748-210341. URL <https://www.ecologyandsociety.org/vol21/iss3/art41/>.
- [41] Food and Agriculture Organization of the United Nations. Farmer’s Handbook on Pig Production. Technical report, FAO, Rome, Italy, 2009. For smallholders at village level.
- [42] Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). Animal disease threats: FAO launches new global information system (EMPRES-i+). <https://www.fao.org/newsroom/detail/animal-disease--fao-launches-new-information-system-221021/en>, 2021. Accessed: Dec. 22, 2025.
- [43] Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). Meat market review: Overview of global market developments in 2023, 2024. URL <https://openknowledge.fao.org/server/api/core/bitstreams/ae4eb1ec-613d-478c-8361-c9bdba1df559/content>.
- [44] ForgeFX. Pig farm livestock management simulation. <https://forgefx.com/simulation-projects/livestock-management/pig-farm-simulation/>, 2023.
- [45] G. R. Gangadharan. Open source solutions for cloud computing. *Computer*, 50(1):66–70, 2017. doi: 10.1109/MC.2017.20.
- [46] M. C. Gates, L. K. Holmstrom, K. E. Biggers, and J. P. Guardiola. Animal disease surveillance in the 21st century: A review of alternatives to conventional population-based approaches. *Animals*, 14(7):1008, 2024. doi: 10.3390/ani14071008.

- [47] General Statistics Office of Vietnam. Press release on the results of the mid-term rural and agricultural survey 2020. Online, 2021. URL <https://www.gso.gov.vn/du-lieu-va-so-lieu-thong-ke/2021/06/thong-cao-bao-chi-ve-ket-qua-dieu-tra-nong-thon-nong-nghiep-giua-ky-nam-2020/>. Accessed: Oct. 2025.
- [48] A. Grignard, P. Taillandier, B. Gaudou, D.-A. Vo, N. Q. Huynh, and A. Drogoul. GAMA 1.6: Advancing the art of complex agent-based modeling and simulation. In *PRIMA 2013: Principles and Practice of Multi-Agent Systems*, volume 8291 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 117–131. Springer, 2013. doi: 10.1007/978-3-642-44927-7_9.
- [49] S. Guan, R. E. De Grande, and A. Boukerche. A multi-layered scheme for distributed simulations on the cloud environment. *IEEE Transactions on Cloud Computing*, 7(1):5–18, 2019. doi: 10.1109/TCC.2015.2453945.
- [50] M. Guarino and I. Fontana. Zootecnia di precisione le ultime novità. *Rivista di Suinicoltura (Edagricole)*, Feb. 2016. URL <https://suinicoltura.edagricole.it/tecnica/zootecnia-di-precisione-le-ultime-novita/>. Accessed: 2025-12-24.
- [51] C. Guinat, S. Gubbins, T. Vergne, J. L. Gonzales, L. Dixon, and D. U. Pfeiffer. Experimental pig-to-pig transmission dynamics for african swine fever virus, georgia 2007/1 strain. *Epidemiology and Infection*, 144(1):25–34, 2016. doi: 10.1017/S0950268815000862.
- [52] D. Y. Habtemariam and Y. Kim. Wsim4abm: Agent-based modelling simulation web service with message-broker middleware and annotation processing library. *SoftwareX*, 30:102173, 2025. doi: 10.1016/j.softx.2024.102173. URL <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S235271102400226X>.
- [53] A. Halev, B. Martínez-López, M. Clavijo, C. Gonzalez-Crespo, J. Kim, C. Huang, S. Krantz, R. Robbins, and X. Liu. Infection prediction in swine populations with machine learning. *Scientific Reports*, 13:17738, 2023. doi: 10.1038/s41598-023-43472-5. URL <https://doi.org/10.1038/s41598-023-43472-5>.
- [54] E. Hasahya, K. K. Thakur, M. M. Dione, B. Wieland, P. Oba, J. Kungu, and H. S. Lee. Modeling the spread of porcine reproductive and respiratory

- syndrome among pig farms in lira district of northern uganda. Frontiers in Veterinary Science, 8:727895, 2021. doi: 10.3389/fvets.2021.727895.
- [55] M. K. Hasan, H.-S. Mun, K. M. B. Ampode, E. B. Lagua, H.-R. Park, Y.-H. Kim, M. Sharifuzzaman, and C.-J. Yang. Transformation toward precision large-scale operations for sustainable farming: A review based on china’s pig industry. Journal of Advanced Veterinary and Animal Research, 11(4):1076–1092, 2024. doi: 10.5455/javar.2024.k859. URL <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11855412/>.
- [56] H. Heesterbeek, R. M. Anderson, et al. Modeling infectious disease dynamics in the complex landscape of global health. Science, 347(6227):aaa4339, 2015. doi: 10.1126/science.aaa4339.
- [57] N. Hostiou, C. Allain, I. Veissier, R. Lardy, V. Lefleur, M. Hassouna, S. Lebouquin, V. Courboulay, L. Depuille, A. Chanvallon, et al. Data-driven decision support in livestock farming for improved animal health, welfare and greenhouse gas emissions: Overview and challenges. Computers and Electronics in Agriculture, 190:106315, 2021. doi: 10.1016/j.compag.2021.106315.
- [58] ILVO. Development of a digital twin for pig growth and behaviour. <https://pureportal.ilvo.be/en/publications/development-of-a-digital-twin-for-pig-growth-and-behaviour/>, 2022.
- [59] M. Jakobsen, A. G. Kongsted, and J. E. Hermansen. Foraging behaviour, nutrient intake from pasture and performance of free-range growing pigs in relation to feed cp level in two organic cropping systems. Animal, 9(12):2006–2016, 2015. doi: 10.1017/S1751731115001585.
- [60] L. Janssens de Bisthoven. What does resilience of social–ecological systems mean? a critical review and conceptual clarification. Land, 14(12):2301, 2025. doi: 10.3390/land14122301.
- [61] S. M. Jenness, S. M. Goodreau, and M. Morris. Epimodel: An r package for mathematical modeling of infectious disease over networks. Journal of Statistical Software, 84(8):1–47, 2018. doi: 10.18637/jss.v084.i08. URL <https://www.jstatsoft.org/article/view/v084i08>.
- [62] D. Y. Jeong, S. K. Jo, I. B. Lee, H. Shin, and J. G. Kim. Digital twin application: Making a virtual pig house toward digital livestock farming. IEEE Access, 11:121592–121602, 2023. doi: 10.1109/ACCESS.2023.3313618.

- [63] S. Jo, D. Park, H. Park, and S. Kim. Smart livestock farms using digital twin: Feasibility study. Information and Communication Technology Convergence (ICTC), 2018. URL <https://www.semanticscholar.org/paper/Smart-Livestock-Farms-Using-Digital-Twin%253A-Study-Jo-Park/519f5cf71da24d46b14ceed12324933aa6a9d632>.
- [64] E. Kim, J.-S. Lim, and S.-I. Pak. Mechanistic modelling for african swine fever transmission in the republic of korea. Journal of Veterinary Science, 24(2):e21, Mar 2023. doi: 10.4142/jvs.22262. URL <https://doi.org/10.4142/jvs.22262>.
- [65] K. Kravari and N. Bassiliades. A survey of agent platforms. Journal of Artificial Societies and Social Simulation, 18(1):11, 2015. doi: 10.18564/jasss.2661. URL <https://www.jasss.org/18/1/11.html>.
- [66] P. N. Krivitsky and M. S. Handcock. A separable model for dynamic networks. Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Statistical Methodology), 76(1):29–46, 2014. doi: 10.1111/rssb.12063.
- [67] P. N. Krivitsky, M. S. Handcock, and M. Morris. ergm 4: New features for analyzing exponential-family models for networks. Journal of Statistical Software, 105(6):1–44, 2024. doi: 10.18637/jss.v105.i06. URL <https://www.jstatsoft.org/article/view/v105i06>. Official update to the ergm package (version 4), maintaining the log-odds ratio interpretation of model coefficients.
- [68] KU Leuven. Development of a digital twin for pig growth and behaviour. <https://research.kuleuven.be/portal/en/project/3E220842>, 2022.
- [69] K. C. Laudon and J. P. Laudon. Management Information Systems: Managing the Digital Firm. Pearson, 16 edition, 2020. ISBN 9780135191798.
- [70] V. P. Le, N. T. Lan, J. T. Canevari, J. P. Villanueva-Cabezas, P. Padungtod, T. B. N. Trinh, V. T. Nguyen, C. N. Pfeiffer, M. V. Oberin, S. M. Firestone, and M. A. Stevenson. Estimation of a within-herd transmission rate for african swine fever in vietnam. Animals, 13(4):571, feb 2023. doi: 10.3390/ani13040571.
- [71] H. S. Lee, K. K. Thakur, V. N. Bui, A. N. Bui, M. Van Dang, and B. Wieland. Simulation of control scenarios of porcine reproductive and respiratory syndrome in nghe an province in vietnam. Transboundary and Emerging Diseases, 66:2279–2287, 2019. doi: 10.1111/tbed.13288.

- [72] H. S. Lee, K. K. Thakur, V. N. Bui, T. L. Pham, A. N. Bui, T. D. Dao, T. T. Vu, and B. Wieland. A stochastic simulation model of african swine fever transmission in domestic pig farms in the red river delta region in vietnam. Transboundary and Emerging Diseases, 68(3):1384–1391, 2021. doi: 10.1111/tbed.13802.
- [73] H. S. Lee, K. K. Thakur, L. Pham-Thanh, T. D. Dao, A. N. Bui, V. N. Bui, and H. Nguyen Quang. A stochastic network-based model to simulate farm-level transmission of african swine fever virus in vietnam. PLoS ONE, 16(3): e0247770, 2021. doi: 10.1371/journal.pone.0247770.
- [74] W. T. M. Leung, J. W. Rudge, and G. Fournié. Simulating contact networks for livestock disease epidemiology: a systematic review. Journal of the Royal Society Interface, 20(198):20220622, 2023. doi: 10.1098/rsif.2022.0622.
- [75] E. Mahmoodi and et al. Data-driven simulation-based decision support system for resource allocation in industry 4.0 and smart manufacturing. Simulation Modelling Practice and Theory, 133:102943, 2024. doi: 10.1016/j.simpat.2024.102943.
- [76] T. Mairittha, T. Sawanglok, P. Raden, and S. Treesuk. When pigs get sick: Multi-agent ai for swine disease detection, Mar. 2025. URL <https://arxiv.org/abs/2503.15204>.
- [77] S. Marzban, R. Han, N. Juhász, and G. Röst. A hybrid partial differential equation–agent-based model for viral dynamics with application to SARS-CoV-2 and influenza. Royal Society Open Science, 8(11):210787, 2021. doi: 10.1098/rsos.210787.
- [78] J. Maselyne, W. Saeys, and A. Van Nuffel. Review: Quantifying animal feeding behaviour with a focus on pigs. Physiology & Behavior, 138:37–51, Jan. 2015. doi: 10.1016/j.physbeh.2014.09.012.
- [79] P. Mell and T. Grance. The nist definition of cloud computing. Special Publication 800-145, National Institute of Standards and Technology, 2011. URL <https://csrc.nist.gov/pubs/sp/800/145/final>.
- [80] C. Merca, I. Clemensson Lindell, L. Ernholm, L. Eliasson Selling, T. P. Nunes, M. Sjölund, and F. C. Dórea. Veterinary syndromic surveillance using swine production data for farm health management and early disease detection. Preventive Veterinary Medicine, 205:105659, Aug. 2022. doi: 10.

- 1016/j.prevetmed.2022.105659. URL <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35537868/>. Epub 2022 Apr 27.
- [81] N. Merchant, A. T. Sampson, A. Boiko, and R. E. Falconer. Dense agent-based hpc simulation of cell physics and signaling with real-time user interactions. *Frontiers in Computer Science*, 5:1085867, 2023. doi: 10.3389/fcomp.2023.1085867. URL <https://www.frontiersin.org/journals/computer-science/articles/10.3389/fcomp.2023.1085867/full>.
- [82] T. K. Michaels, A. Garmestani, L. Gunderson, D. G. Angeler, D. R. Uden, G. R. Meredith, and C. R. Allen. Transformative capacity of social-ecological systems. *Ecology and Society*, 31(1):10, 2026. doi: 10.5751/ES-16701-310110. URL <https://www.ecologyandsociety.org/vol31/iss1/art10/>.
- [83] M. P. Mil-Homens, C. Wang, G. Trevisan, F. Dórea, D. C. L. Linhares, D. Holtkamp, and G. S. Silva. Leveraging productivity indicators for anomaly detection in swine breeding herds with unsupervised learning. *Frontiers in Veterinary Science*, 12:1586438, Nov. 2025. doi: 10.3389/fvets.2025.1586438. URL <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fvets.2025.1586438/full>. Epub 2025-11-17; PubMed PMID: 41334223.
- [84] Ministry of Agriculture and Rural Development of Vietnam. Ngành chăn nuôi lợn — bức tranh 10 năm tới. Online, 2021. URL http://agro.gov.vn/vn/tID25578_Nganh-chan-nuoi-lon-Buc-tranh-10-nam-toi.html. Accessed: Oct. 2025.
- [85] F. Mirsaeedi et al. Compartmental models in epidemiology: bridging the gap with operations research for enhanced epidemic control. *Annals of Operations Research*, 357:1021–1078, 2026. doi: 10.1007/s10479-025-06893-1.
- [86] Morrison Swine Health Monitoring Project. Morrison swine health monitoring project, n.d. URL <https://mshmp.umn.edu/>. Accessed: 2025-12-22.
- [87] National Pork Board. Normal and abnormal behaviors of swine under production conditions. Online, n.d. URL <https://www.usporkcenter.org/>. Accessed: 2026-01-03.
- [88] S. Neethirajan. The role of sensors, big data and machine learning in modern animal farming. *Animal*, 14(6):1328–1336, 2020. doi: 10.1017/S1751731120000234.

- [89] S. Neethirajan. Big data analytics and precision animal agriculture symbiosis: What drives the adoption rate and patterns of big data analytics in precision animal agriculture? *Animals*, 11(9):2545, 2021. doi: 10.3390/ani11092545.
- [90] S. Neethirajan et al. Iumenta: A generic framework for animal digital twins within the open digital twin platform. *arXiv*, 2024. URL <https://arxiv.org/abs/2411.10466>.
- [91] M. Newman. *Networks*. Oxford University Press, 2 edition, 2018. ISBN 9780198805090. doi: 10.1093/oso/9780198805090.001.0001.
- [92] S. Newman. *Building Microservices*. O’Reilly Media, 2 edition, 2021. ISBN 1492033995.
- [93] A. T. Ngo, G. T. H. Nguyen, D. H. Nong, and L. See. Simulating the spatial distribution of pollutant loads from pig farming using an agent-based modeling approach. *Environmental Science and Pollution Research*, 29:42037–42054, 2022. doi: 10.1007/s11356-021-17112-2.
- [94] H. Q. Nguyen, B. Guntoro, A. R. S. Putra, T. A. T. Nguyen, N. C. Liangco, and T. L. Nguyen. Analysis of pig farming productivity and the perceptions of farmers towards government support policies in the mekong delta, vietnam. *Advances in Animal and Veterinary Sciences*, 13(2):279–288, 2025. doi: 10.17582/journal.aavs/2025/13.2.279.288.
- [95] H. Nguyen-Ba, M. Taghipoor, and J. van Milgen. Modelling the feed intake response of growing pigs to diets contaminated with mycotoxins. *Animal*, 14: s303–s312, 2020. doi: 10.1017/S175173112000083X.
- [96] H. Nguyen-Ba, J. van Milgen, and M. Taghipoor. A procedure to quantify the feed intake response of growing pigs to perturbations. *Animal*, 14(2):253–260, 2020. doi: 10.1017/S1751731119001976. URL <https://doi.org/10.1017/S1751731119001976>.
- [97] OECD and Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). *OECD-FAO Agricultural Outlook 2023–2032*. OECD Publishing, Paris, France, 2023. doi: 10.1787/08801ab7-en. URL https://www.oecd-ilibrary.org/agriculture-and-food/oecd-fao-agricultural-outlook-2023-2032_08801ab7-en.html.

- [98] OECD and Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). OECD-FAO Agricultural Outlook 2025–2034. OECD Publishing, Paris, France, 2025. doi: 10.1787/601276cd-en. URL https://www.oecd.org/en/publications/2025/07/oecd-fao-agricultural-outlook-2025-2034_3eb15914.html.
- [99] C. Pahl. Containerization and the paas cloud. IEEE Cloud Computing, 2(3): 24–31, 2015. doi: 10.1109/MCC.2015.51.
- [100] R. Pastor-Satorras, C. Castellano, P. Van Mieghem, and A. Vespignani. Epidemic processes in complex networks. Reviews of Modern Physics, 87(3): 925–979, 2015. doi: 10.1103/RevModPhys.87.925.
- [101] L. M. Pham, H. Nguyen-Ba, H. S. Nguyen, and H.-H. Le. Simulation of precision feeding systems for swine. In Proceedings of the 13th International Conference on Knowledge and Systems Engineering (KSE). IEEE, Nov 2021. doi: 10.1109/KSE53942.2021.9648760.
- [102] D. C. Pittman Ratterree et al. Mechanistic models of influenza transmission in commercial swine populations: A systematic review. Pathogens, 13(9):746, 2024. doi: 10.3390/pathogens13090746.
- [103] Quốc hội. Luật chăn nuôi số 32/2018/qh14, 2018. Việt Nam.
- [104] A. Rahimifar, J. Wiegert, K. Kaniyamattam, and L. O. Tedeschi. An agent-based modeling approach for balancing feed efficiency and environmental footprint of growing-finishing pig production systems. Journal of Animal Science, 103(Supplement 3):65–66, 2025. doi: 10.1093/jas/skaf300.082.
- [105] S. F. Railsback and V. Grimm. Agent-Based and Individual-Based Modeling: A Practical Introduction. Princeton University Press, 2 edition, 2019. ISBN 9780691190839.
- [106] J. J. Randolph. A guide to writing the dissertation literature review. Practical Assessment, Research, and Evaluation, 14(13), 2009. doi: 10.7275/b0az-8t74.
- [107] A. Relun, L. Grosbois, and L. Ezanno. Simulation of within-herd transmission of infectious diseases in pig populations. Preventive Veterinary Medicine, 140: 23–33, 2017. doi: 10.1016/j.prevetmed.2017.02.014.

- [108] J. L. Risco-Martín, K. Henares, S. Mittal, L. F. Almendras, and K. Olcoz. A unified cloud-enabled discrete event parallel and distributed simulation architecture, 2023. URL <https://arxiv.org/abs/2302.11242>.
- [109] M. Salathé, L. Bengtsson, T. J. Bodnar, D. D. Brewer, J. S. Brownstein, C. Buckee, E. M. Campbell, C. Cattuto, S. Khandelwal, P. L. Mabry, and A. Vespignani. Digital epidemiology. *PLOS Computational Biology*, 8(7): e1002616, 2012. doi: 10.1371/journal.pcbi.1002616.
- [110] M. Shinoda et al. Predicting livestock intake energy at different grazing strategies using agent-based modelling of livestock. *Scientific Reports*, 15: 13316, 2025. doi: 10.1038/s41598-025-19816-8.
- [111] T. A. B. Snijders. Markov chain monte carlo estimation of exponential random graph models. *Journal of Social Structure*, 3(2):1–40, 2002. URL <https://www.cmu.edu/joss/content/articles/volume3/Snijders.pdf>.
- [112] T. I. Solikhah, F. Rostiani, A. F. P. Nanra, A. D. P. P. Dewi, P. H. Nurbadri, Q. A. D. Agustin, and G. P. Solikhah. African swine fever virus: Virology, pathogenesis, clinical impact, and global control strategies. *Veterinary World*, 18(6):1599–1613, June 2025. ISSN 0972-8988. doi: 10.14202/vetworld.2025.1599-1613. URL <https://www.veterinaryworld.org/Vol.18/June-2025/19.pdf>.
- [113] A. Ssematimba, S. Malladi, P. J. Bonney, K. M. St Charles, M. Culhane, T. J. Goldsmith, T. Halasa, and C. A. Corzo. African swine fever detection and transmission estimates using homogeneous versus heterogeneous model formulation in stochastic simulations. *Open Veterinary Journal*, 12(3):406–416, 2022. doi: 10.5455/OVJ.2022.v12.i3.15.
- [114] Swine Health Information Center (SHIC). Shic-funded domestic swine disease surveillance project annual report leads to 2025-2026 renewal, Dec. 2025. URL <https://www.swinehealth.org/shic-funded-domestic-swine-disease-surveillance-project-annual-report-leads-to-2025-2026-renewal/>. Accessed: 2025-12-22.
- [115] P. Taillandier, B. Gaudou, A. Grignard, N. Q. Huynh, N. Marilleau, P. Caillou, D. Philippon, and A. Drogoul. Building, composing and experimenting complex spatial models with the GAMA platform. *GeoInformatica*, 23(2): 299–322, 2019. doi: 10.1007/s10707-018-00339-6.

- [116] A. S. Tanenbaum and M. van Steen. Distributed Systems. CreateSpace Independent Publishing Platform, 3 edition, 2017. ISBN 1543057381.
- [117] S. Tarkoma. Publish/Subscribe Systems: Design and Principles. John Wiley & Sons, Chichester, UK, 2012.
- [118] K. K. Thakur, C. W. Revie, D. Hurnik, Z. Poljak, and J. Sanchez. Simulation of between-farm transmission of porcine reproductive and respiratory syndrome virus in ontario, canada using the north american animal disease spread model. Preventive Veterinary Medicine, 118(4):413–426, 2015. doi: 10.1016/j.prevetmed.2015.01.006.
- [119] J. H. M. Thornley and J. France. Mathematical Models in Agriculture: Quantitative Methods for the Plant, Animal and Ecological Sciences. CABI Publishing Series. CABI Publishing, Wallingford, UK, 2007. URL <https://books.google.com.vn/books?id=rlwBCRSHobcC>.
- [120] A. Trabachini, M. da Rocha Moreira, Érik dos Santos Harada, M. do Nascimento Amorim, and K. O. da Silva-Miranda. Precision livestock farming applied to swine farms—a systematic literature review. Animals, 15(14):2138, 2025. doi: 10.3390/ani15142138. URL <https://www.mdpi.com/2076-2615/15/14/2138>.
- [121] M. Tracy, M. Cerdá, and K. M. Keyes. Agent-based modeling in public health: Current applications and future directions. Annual Review of Public Health, 39:77–94, 2018. doi: 10.1146/annurev-publhealth-040617-014317.
- [122] S. Trimarchi, F. Casamatta, L. Gamba, F. Grimaccia, M. Lorenzo, and A. Niccolai. A review of agent-based models for energy commodity markets and their natural integration with reinforcement learning models. Energies, 18(12):3171, 2025. doi: 10.3390/en18123171.
- [123] Trow Nutrition. Nutriopt swine model. <https://www.trownutrition.com/en/programme-lister/nutriopt-swine-model-365087/>, 2023.
- [124] E. Tullo, A. Finzi, and M. Guarino. Environmental impact of livestock farming and precision livestock farming as a mitigation strategy. Science of the Total Environment, 2019. doi: 10.1016/j.scitotenv.2018.10.018.
- [125] E. Tullo, M. Guarino, B. Amon, and C. M. Wathes. Precision animal agriculture: how can it contribute to a reduction of the ecological footprint

- of livestock production? *Animal Frontiers*, 9(4):8–15, 2019. doi: 10.1093/af/vfz013.
- [126] T. Tuunanen, R. Winter, and J. vom Brocke. Dealing with complexity in design science research: A methodology using design echelons. *MIS Quarterly*, 48(2):427–458, 2024. doi: 10.25300/MISQ/2023/16700. URL <https://misq.umn.edu/misq/article/48/2/427/2267/Dealing-with-Complexity-in-Design-Science-Research>.
- [127] T. Tuunanen, R. Winter, and J. vom Brocke. Dealing with complexity in design science research: A methodology using design echelons. *MIS Quarterly*, 48(2):427–458, 2024. doi: 10.25300/MISQ/2023/16700. URL <https://misq.umn.edu/misq/article/48/2/427/2267/Dealing-with-Complexity-in-Design-Science-Research>.
- [128] K. Van Meerbeek, T. Jucker, and J.-C. Svenning. Unifying the concepts of stability and resilience in ecology. *Journal of Ecology*, 109(9):3114–3132, 2021. doi: 10.1111/1365-2745.13651. URL <https://besjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/1365-2745.13651>.
- [129] U. Wilensky and W. Rand. *An Introduction to Agent-Based Modeling: Modeling Natural, Social, and Engineered Complex Systems with NetLogo*. The MIT Press, Cambridge, MA, 2015. ISBN 9780262731898.
- [130] S. Wolfert, L. Ge, C. Verdouw, and M.-J. Bogaardt. Big data in smart farming – a review. *Agricultural Systems*, 153:69–80, 2017. doi: 10.1016/j.agsy.2017.01.023.
- [131] World Organisation for Animal Health. World animal health information system (wahis). <https://wahis.woah.org>, 2023. Accessed 2023.
- [132] World Organisation for Animal Health (WOAH). World animal health information system (wahis). <https://www.woah.org/en/what-we-do/animal-health-and-welfare/disease-data-collection/world-animal-health-information-system/>, 2025. Accessed: Dec. 22, 2025.
- [133] L. Zhu, X. Yang, Y. Xian, W. Jiang, X. Pu, S. Wang, J. Cheng, L. Niu, Y. Zhao, L. Chen, X. Zhou, Y. Wang, M. Gan, L. Zhu, and L. Shen. Empowering precision livestock farming: Artificial intelligence applications in animal genomic breeding and multi-dimensional phenotypic measurement. *Smart Agricultural*

Technology, 12:101655, 2025. doi: 10.1016/j.atech.2025.101655. URL <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S277237552500886X>.