

面向非规范化数据源的动物体温异常识别方法

刘元杰¹ 安雯¹ 林建涵¹ 王雅春² 刘刚¹

(1. 中国农业大学信息与电气工程学院, 北京 100083; 2. 中国农业大学动物科学技术学院, 北京 100091)

摘要: 在动物体温异常识别中, 红外测温等方式容易产生系统偏差使得判断结果不可靠。基于深度学习的方法在不同测温设备上的鲁棒性与泛化性能较差, 且难以应用于数据量少、随机性强、标准不一致等非规范化的测温场景。因此, 本文提出了一种面向非规范化数据源的动物体温异常识别方法, 通过衡量体温时序数据间的相似度即可完成异常识别。针对常用的相似性度量算法在序列匹配、序列间距离度量上效果不佳的问题, 提出了一种改进的动态时间规整算法 (Improved dynamic time warping, iDTW)。在点间度量方式上, 综合欧氏距离和一阶导数, 改善了序列过度对齐问题。使用序列交并比表示序列整体特征, 提升了序列间距离度量效果。针对不等长序列及过长序列的异常检测问题, 提出了基于滑动窗口和序列等分的异常检测方法。以较短序列为滑动窗口遍历较长序列得到一组序列间距, 根据训练和检测的不同阶段分别选择其中的最小值或最大值作为相似度衡量结果, 以解决不等长序列匹配问题。将过长的样本数据序列等分为多个子序列, 取子序列的间距和为样本间距, 以解决过长序列导致的正常样本间距过大和异常漏检问题。在公开数据集 UCR 上的实验分析表明, 相比于欧氏距离、动态时间规整、一阶导数动态时间规整和权重动态时间规整算法, iDTW 算法结合 K-近邻分类器得到的分类准确率在 10 个 UCR 数据集上分别平均提高 6.0、3.0、5.2、2.5 个百分点。基于滑动窗口和序列等分的异常检测方法相比于经典异常检测算法, 在 3 种动物体温数据集上的 F1 值均获得了明显提升。

关键词: 动物体温异常检测; 相似性度量; 动态时间规整; 非规范化数据源

中图分类号: TP391 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-1298(2023)11-0295-11

OSID: 

Anomaly Recognition for Animal Body Temperature Based on Non-standardized Data Source

LIU Yuanjie¹ AN Wen¹ LIN Jianhan¹ WANG Yachun² LIU Gang¹

(1. College of Information and Electrical Engineering, China Agricultural University, Beijing 100083, China

2. College of Animal Science and Technology, China Agricultural University, Beijing 100091, China)

Abstract: In the anomaly recognition of animal body temperature, methods such as infrared temperature measurement are prone to system bias, making the results unreliable. Deep learning based anomaly detection algorithms has poor robustness and generalization performance on different temperature measurement devices, and is difficult to apply to non-standardized temperature measurement scenarios with low data volume, strong randomness, and inconsistent standards. Therefore, a method of animal body temperature anomaly recognition for non-normalized data sources was proposed. The abnormal animal body temperature detection could be completed by measuring the similarity between body temperature time series data. An improved dynamic time warping (iDTW) algorithm was proposed to solve the problem that the commonly used similarity measurement algorithms were not effective in sequence matching and sequence distance measurement. The Euclidean distance and the first derivative were integrated in the measurement between data points, which effectively solved the problem of sequence over-alignment. The sequence intersection ratio was used to represent the overall characteristics of the sequence, which improved the effect of sequence distance measurement. Aiming at the problem of anomaly detection of unequal length sequence based on similarity measure, an anomaly detection method based on sliding window and sequence equal division was proposed. The shorter sequence was used as the sliding window to traverse the longer sequence to obtain a set of sequence distance. According to the

收稿日期: 2023-03-01 修回日期: 2023-07-25

基金项目: 国家重点研发计划项目(2022YFC2304004)

作者简介: 刘元杰(1985—), 男, 副教授, 博士, 主要从事信号处理与数据挖掘研究, E-mail: yjliu@cau.edu.cn

different stages of training and detection, the maximum or the minimum value was selected as the similarity measurement result to solve the problem of unequal length sequence matching. To solve the problem of excessive distance between normal samples and undetected anomaly caused by the long sequence, the long data sequence was equally divided into multiple sub-sequences, and the sum of the sub-sequence distance would be taken as the final similarity measurement result. Experimental results on the public dataset UCR showed that the iDTW algorithm outperformed Euclidean distance, dynamic time warping, derivative dynamic time warping and weighted dynamic time warping by an average of 6.0, 3.0, 5.2 and 2.5 percentage points on 10 time series datasets, respectively. Compared with the classical anomaly detection algorithms, the F1 score of the anomaly detection method based on sliding window and sequence equal division on three animal body temperature datasets were increased obviously.

Key words: animal body anomaly recognition; similarity measurement; dynamic time warping; non-standardized data source

0 引言

我国动物疫病多发,严重影响了养殖业发展^[1-2]。其中,中小规模养殖户、动物调运和动物检疫环节是当前疫病防控体系的薄弱点^[3]。以生猪养殖为例,全国散户数量占养猪主体的90%以上^[4]。其资金和管理水平不足,应对动物疫病的手段单一、抵抗力弱,容易成为疫病爆发的突破口^[5]。2020年非洲猪瘟中因违规调运导致疫情蔓延的情况多次发生^[6]。动物检疫人员素质参差不齐,尤其乡镇检疫人员实验室操作水平明显不足。加上设备不足、老化等问题,难以完成检疫任务^[6]。

动物体温异常是出现疫病的前兆。目前,常用阈值法完成动物体温异常判断。然而,阈值法可靠性较低。一方面,不同的测温工具、测温部位及环境因素的影响,使得测温容易出现系统误差,测得的原始体温值结合阈值法的判断结果不可靠。例如最典型的红外测温设备,即使是昂贵精密的红外测温仪,其误差也在±0.3℃左右^[7-8]。另一方面,对于仅在体温变化模式上表现不同的异常体温,阈值法无法识别。此外,阈值法无法提前报警,仅能发现症状明显的动物疫病,可能错过理想处置时间,导致损失进一步扩大。

相较于单次测温结果,个体的持续体温变化更能说明动物的健康情况。首先,多次、持续的测温可以体现个体体温的相对变化趋势,降低系统误差的影响,有助于提升异常判断的准确性。其次,对于体温变动模式上的异常,必须使用体温序列才能发现问题。此外,部分疾病出现明显症状前,体温会出现相应变化。分析体温序列可以发现这些规律,做到提前报警。因此,使用动物体温序列能够提升异常判断的敏感性和精确性。

针对动物体温序列的异常检测,目前的主流研究方向是通过自动化设备持续监测动物体温,利用基于深度学习模型的异常检测算法发现动物体温变

化规律^[9-11]。主要使用长短时记忆(Long short term memory, LSTM)神经网络^[12-14]。然而,自动化设备如温度传感器等,容易出现掉落以及因动物活动导致测温探头与测温部位接触不佳的问题。这使得测得的体温数据存在噪声。这类非规范化的数据往往需要经过数据预处理后,才能用于模型训练及检测。而不同种类的温度传感器,使用的数据预处理方式往往存在差异^[15-17],使得对应的异常检测算法的鲁棒性较差。此外,自动化监测设备成本较高,在我国畜牧业生产中应用有限。大量场景中仍需依赖简易设备进行体温测量,测得的体温时序数据呈现数据量少、随机性强、标准不一致等非规范化的特点。而深度学习模型通常需要大量数据进行支撑,不适用于这类数据源。

基于相似性度量的异常检测方法可以通过衡量序列数据间的相似度,完成异常检测^[18-19]。这类方法的鲁棒性较好,能够识别序列间的差异,适用于上下文异常和集体异常的检测。主要的相似性度量算法包括欧氏距离(Euclidean distance, ED)、动态时间规整(Dynamic time warping, DTW)等。然而,欧氏距离在序列匹配时,完全按照时间顺序依次配对。其对时间步不齐的序列效果不佳。DTW算法能够应对时间步不齐的序列,但可能出现序列过度对齐的问题。即一个序列上的单点对应另一个序列上多个点的现象,导致匹配效果不佳^[20-21]。此外,DTW算法仅关注单个数据点的差异,没有考虑序列整体间的差异。针对DTW匹配效果不佳的问题,导数动态时间规整算法(Derivative dynamic time warping, DDTW)^[22]提出了根据形状进行相似性度量,用一阶导数表示形状信息,从而达到更好的序列匹配效果。不过DDTW没有考虑序列间数值上的差异。加权动态时间规整算法(Weighted dynamic time warping, WDTW)^[23]提出给位置差异较大的数据点对应增加惩罚权重。在选择对齐路径时,优先选择和当前点位置较近的对对应点。然而这样可能错过最

佳对齐路径。此外,基于相似性度量的异常检测方法多用于计算等长序列相似度,针对不等长序列的研究较少。

因此,本文提出一种面向非规范化数据源的动物体温异常识别方法。首先,通过改进的动态时间规整算法(Improved dynamic time warping, iDTW)衡量序列间相似度。在点间度量方式上,综合欧氏距离、一阶导数和序列交并比,以提升序列对齐和序列间距离度量效果。接着基于滑动窗口和序列等分完成对不等长序列和过长序列的异常检测。以较短序列为滑动窗口遍历较长序列,发现序列间的最佳对应区段,以解决不等长序列匹配问题。将过长的样本数据序列等分为多个子序列,以子序列的间距和为样本间距,以解决过长序列导致的正常样本间距过大和异常漏检问题。

1 用于异常检测的改进动态时间规整算法

1.1 iDTW 算法

针对 DTW 方法存在的序列匹配、序列间距离度量效果不佳的问题,本文改进了原 DTW 算法的点间度量方法。在欧氏距离外进一步增加了一阶导数差和序列交并比(Intersection over union, IOU)两个特征项,提出了 iDTW 算法。

iDTW 中点间距离的度量方法为

$$\begin{aligned} \text{dist}(s_i, q_j) = & f(\text{IOU}(\mathbf{S}, \mathbf{Q}))d(|D(s_i) - D(q_j)|)|s_i - q_j| \end{aligned} \quad (1)$$

其中

$$\begin{cases} \mathbf{S} = \{s_1, s_2, \dots, s_n\} \\ \mathbf{Q} = \{q_1, q_2, \dots, q_m\} \end{cases} \quad (2)$$

式中 $\mathbf{S}, \mathbf{Q}$ ——时间序列

s_i ——序列 $\mathbf{S}$ 上的第 i 个数据点

q_j ——序列 $\mathbf{Q}$ 上的第 j 个数据点

D ——一阶导数,表示形状信息

f ——单调递减函数,表示序列区间差距

d ——单调递增函数,表示一阶导数差距

一阶导数表达式为

$$D_x(q_j) = \frac{q_j - 1.5q_{j-1} + 0.5q_{j+1}}{2} \quad (3)$$

一阶导数差距越大,说明对应点对的局部形状差异越大,序列间距应越大。因此使用单调递增函数 $d(x)$ 表示一阶导数差距,即

$$d(x) = x^2 + 2x \quad (4)$$

为避免因忽视个别“出界点”(outlier)导致漏检的情况,iDTW 使用序列的最大值和最小值作为区间上下限表示序列整体特征,体现序列数据的幅度范围。序列交并比表达式为

$$\text{IOU}(\mathbf{S}, \mathbf{Q}) = \frac{[\min(\mathbf{S}), \max(\mathbf{S})] \cap [\min(\mathbf{Q}), \max(\mathbf{Q})]}{[\min(\mathbf{S}), \max(\mathbf{S})] \cup [\min(\mathbf{Q}), \max(\mathbf{Q})]} \quad (5)$$

序列区间的 IOU 越大,说明相似度越高,序列间距应越小。因此使用单调递减函数 $f(x)$ 表示序列区间的差距,即

$$f(x) = e^{-(x-0.5)} \quad (6)$$

序列区间的 IOU 大于 0.5 时, $f(x) < 1$,序列间距偏小,可认为相似度较高;IOU 小于 0.5 时, $f(x) > 1$,序列间距偏大,可认为相似度较低。

式(1)使用了乘积而不是求和,是由于不同特征的数值大小不同。与点间欧氏距离相比,一阶导数差距和序列区间差距可能较小,如果使用加法,新增特征可能无法发挥作用。

1.2 基于滑动窗口和序列等分的不等长序列异常检测方法

基于相似性度量的异常检测方法,根据序列间相似度进行异常判断。若待测样本与正常样本相似度低,则认为是异常。由此,本文算法将异常检测过程分为训练和检测 2 部分。训练过程使用正常样本,通过相似性度量算法发现正常样本间的共同特征,并根据具备共同特征的正常样本序列间最大间距作为异常判断阈值。若待测样本与正常样本间距超出阈值,则认为是异常。

针对不等长序列间的相似性度量问题,本文采用一种滑动窗口思想,以长度相对较短的序列作为滑动窗口,沿长度较长的序列滑动。窗口每次滑动一个序列点的距离,直到窗口末端到达较长序列的末尾,如图 1 所示。

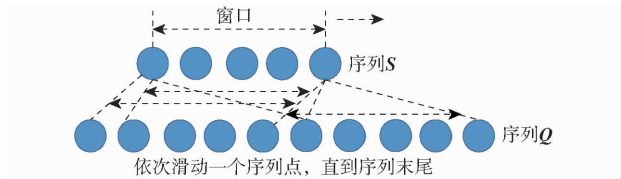


图 1 滑动窗口

Fig. 1 Sliding window

在滑动过程中,使用相似性度量算法依次计算窗口间距离,得到一个距离集合。根据训练和检测的不同阶段,分别选出其中的最小距离和最大距离即为两个不等长序列间距离。

本文以正常序列作为训练集。因此,训练阶段中的最小距离表示训练集中存在相近序列,是正常样本的共同特征。这些相近序列间的最大距离可作为异常判断阈值,高于阈值就认为是异常。检测阶段的最大距离是待测序列中与正常样本相似度最小的部分,最可能包含异常。若其高于异常判断阈值,可认为待测序列包含异常。

数据较长时,一方面,不同正常样本间体温规律有所不同。随着时间累积,样本体温序列间距离增加,导致异常判断阈值偏大,容易误判。另一方面,在待测数据中,异常存在时间可能较短。而由于大部分区域都是正常,最后计算出到训练集的距离较小,也可能导致误判。因此,本文采用序列等分方法,设置参数 n ,将较长的体温时序数据均分为长度为 n 的子序列。以累加的子序列间距代表样本间距,保障阈值和异常判断指标的准确。

具体做法是首先将其中一个样本体温序列等分为相同长度的子序列,每段子序列长度为 n ,共 w 个,如图 2 所示。

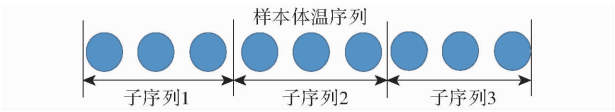


图 2 序列等分
Fig. 2 Sequence equal slice

另一个样本序列用长度为 n 的滑动窗口沿序列滑动,每次滑动一个序列点的距离,直到序列末尾,得到一个子序列集合。该集合内子序列长度均为 n 。

计算样本间距离时,先计算每一个序列等分的子序列到子序列集合同间的距离。本文以 iDTW 为相似性度量,一个序列等分的子序列到子序列集合同间距的表达式为

$$sset_{dis}(s, Set) = \min(iDTW(s, s'_1), iDTW(s, s'_2), \cdots, iDTW(s, s'_k)) \quad (7)$$

式中 s ——序列等分得到的单个子序列

Set ——另一样本得到的子序列集合

$Set = (s'_1, s'_2, \cdots, s'_k)$, 子序列长度均为 n 。分别计算 s 到 $s'_1, s'_2, \cdots, s'_k$ 的 iDTW 距离,取其中最小值作为序列等分子序列到子序列集合的间距。若待计算的两个样本序列来自同一个体,则需舍去其中距离为 0 的子序列间距,再从剩下的距离中取最小值。这是为了避免样本序列间的重合部分导致序列间距偏小。

w 个子序列的距离累加得到样本间距离。表达式为

$$ssdist(X, Set) = \sum_{i=1}^w sset_{dis}(s_i, Set) \quad (8)$$

式中 X ——目标样本序列

X 序列等分可得到子序列 $(s_1, s_2, \cdots, s_w)$, s_i 长度为 n 。

综上所述,对于不等长序列的异常检测,本文算法可分为训练和预测 2 部分。

在训练阶段,以正常样本为训练集,计算正常样本间距,取其中的最大值作为异常判断阈值。具体

计算不等长的正常样本间距时,选取较短的序列作为滑动窗口,沿长度较长的序列滑动。每次滑动一个序列点的距离,直到长度较长的序列末尾。在滑动过程中,依次计算窗口间距离,得到一个距离集合。取其中最小值作为不等长的正常样本间距。若序列较长,则将其中一个窗口中的序列等分为多个长度为 n 的子序列,另一个窗口对应的序列以长度为 n 的滑动窗口得到所有长度为 n 的子序列集合。然后依次计算各个等分子序列到子序列集合的距离后求和。其中,等分子序列到子序列集合的距离是等分子序列到子序列集合中各个子序列间距的最小值。

在检测阶段,以训练集为基准,计算待测样本到训练集间距作为异常分数。具体计算不等长的待测样本到训练集间距时,同训练阶段一样。与训练阶段不同的是,检测阶段取滑动窗口得到的距离集合中的最大值作为异常分数。

基于滑动窗口和序列等分的不等长序列异常检测方法的具体算法如下:

输入:训练数据 $X_1 = (x_1, x_2, \cdots, x_a)$, $X_2 = (x'_1, x'_2, \cdots, x'_b)$; 待测数据 $T_1 = (y_1, y_2, \cdots, y_c)$, 子序列长度 n 。

输出: T_1 的异常判断结果。

(1)按子序列长度为 n 对 X_1, X_2, T_1 进行分段,分段数目分别为: $w_{X_1} = a/n, w_{X_2} = b/n, w_{T_1} = c/n$ 。取 $w = \min(w_{X_1}, w_{X_2}, w_{T_1})$ 为分段数目。

(2)取出数据 X_1 中长度为 $w \times n$ 的所有序列: $X'_1 = (x_1, x_2, \cdots, x_{w \times n})$, $X'_2 = (x_2, x_3, \cdots, x_{w \times n + 1})$, $\cdots$, $X'_d = (x_{a - w \times n + 1}, x_{a - w \times n + 2}, \cdots, x_a)$ 。

(3)将时间序列 $X'_1, X'_2, \cdots, X'_d$ 分别等分为 w 个长度为 n 的子序列,得到对应的子序列集合: $Set_{X_1}, Set_{X_2}, \cdots, Set_{X_d}$ 。

(4)取出数据 X_1, X_2 中长度为 n 的所有序列,方法同步骤(2),得到子序列集合 Set_{X_1}, Set_{X_2} 。

(5)利用式(7)、(8)计算步骤(2)中得到的序列到 Set_{X_2} 的 iDTW 距离,计算得到异常判断阈值: $t = \min(ssdist(X'_1, Set_{X_2}), ssdist(X'_2, Set_{X_2}), \cdots, ssdist(X'_d, Set_{X_2}))$ 。

(6)取出数据 T_1 中长度 $w \times n$ 的所有序列,方法同步骤(2),得到 $T'_1, T'_2, \cdots, T'_e$ 。

(7)将步骤(6)中每个序列等分为 w 个长度为 n 的子序列。

(8)利用式(7)、(8)计算 T_1 到训练数据的 iDTW 距离 $T_{1dist} = \max(ssdist(T'_1, \{Set_{X_1}, Set_{X_2}\}), ssdist(T'_2, \{Set_{X_1}, Set_{X_2}\}), \cdots, ssdist(T'_e, \{Set_{X_1}, Set_{X_2}\}))$ 。

(9) if $T_{1dist} > t$; 返回 1; else 返回 0。

为保证所有个体都能分为相同数目、相同长度的子序列以方便距离比较,步骤(1)根据训练数据和待测数据长度,确定分段数目 w 。步骤(2)使用较短序列作为滑动窗口,窗口长度为 $w \times n$ 。取出较长序列中所有长度为 $w \times n$ 的序列,加入后续训练。步骤(3)中对步骤(2)得到的序列,等分为长度为 n 的子序列。步骤(4)取出训练集中长度为 n 的所有子序列,以方便样本间距离的计算。步骤(5)计算步骤(2)中两个窗口间距。即得到的所有长度为 $w \times n$ 的序列到另一条正常样本的间距,取其中的最小值表示两个正常样本间距,最后以该间距作为异常判断阈值。步骤(6)同步骤(2),以较短序列为滑动窗口,取出待测数据中所有长度为 $w \times n$ 的序列。步骤(7)将步骤(6)中得到的序列等分。步骤(8)计算待测样本到训练集的 iDTW 距离,取其中的最大值作为待测数据异常判断指标。步骤(9)根据异常判断阈值完成异常判断,最后返回判断结果。

2 实验

2.1 数据集

2.1.1 UCR 数据集

UCR 公开数据集来源于各个领域,如医学、气象学、计算机视觉等^[24]。不同数据集集中的时间序列长度各不相同。每个数据集由两部分组成,一部分作为训练集,另一部分作为测试集。本文选取其中 10 个时间序列数据集用于实验,其中时间序列长度分布于 80 ~ 343 之间。数据集信息如表 1 所示。

2.1.2 非规范化动物体温数据集

非规范化动物体温数据集包括奶牛数据集、白兔数据集和生猪数据集,共 3 种动物非规范化体温时序数据。

奶牛体温数据来自 6 头奶牛。对每头奶牛,每隔 1 h 测量一次直肠温度,持续 72 h。共采集到 6 条

表 1 UCR 数据集描述
Tab.1 Description of UCR datasets

序号	数据集名称	类别 数目	训练 集数	测试 集数	序列 长度
1	Coffee	2	28	28	286
2	ECG200	2	100	100	96
3	DistalPhalanxOutlineCorrect	2	600	276	80
4	GunPoint	2	50	150	150
5	Plane	7	105	105	144
6	SonyAIBORobotSurface1	2	20	601	70
7	SmoothSubspace	3	150	150	15
8	Trace	4	100	100	275
9	ToeSegmentation1	2	40	228	277
10	ToeSegmentation2	2	36	130	343

奶牛个体体温时序数据,每条数据长度为 72。其中 4 条正常数据、2 条异常数据。数据如表 2 所示。奶牛数据长度指该条体温数据中包含的数据点数量,数据数量是指有相应数据长度的个体数据数量。数据标签表示该条数据是否异常,0 代表正常,1 代表异常。部分奶牛体温数据如图 3 所示。

表 2 奶牛体温数据

Tab.2 Description of cow body temperature

序号	奶牛状态	数据长度	数据数量	数据标签
1	怀孕	72	3	0
2	配种	72	1	0
3	流产前	72	2	1

随机选出 3 条正常数据作为奶牛数据集训练集,剩下的 1 条正常数据和 2 条异常数据作为测试集。对于奶牛数据,共有 4 种不同的数据集分布。

白兔体温数据来自文献[25 - 28],共 8 组。其中 5 条正常体温数据,3 条异常体温数据,数据分布如表 3 所示。

部分白兔异常体温如图 4 所示。图 4b 中虚线部分表示开始出现明显的发热症状。本文使用发热前体温数据进行异常检测,以验证算法能否做到提前报警。

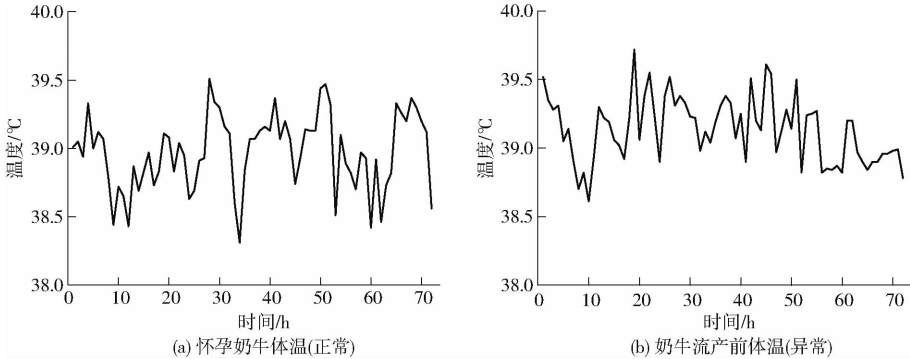


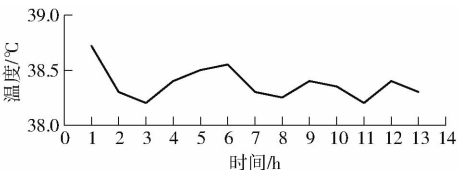
图 3 奶牛体温曲线

Fig.3 Cow body temperature curves

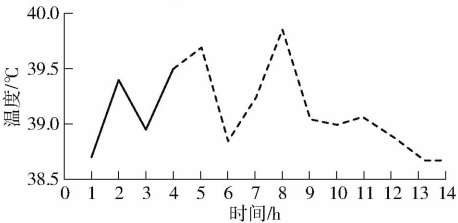
表 3 白兔体温数据

Tab.3 Description of rabbit body temperature

序号	白兔状态	数据长度	数据数量	数据标签
1	正常	6	1	0
2	正常	7	1	0
3	正常	12	1	0
4	正常	13	1	0
5	正常	15	1	0
6	虚弱	13	1	1
7	发热前期	4	2	1



(a) 白兔虚弱异常体温



(b) 白兔发热前异常体温(实线部分)

图 4 白兔异常体温曲线

Fig.4 Rabbit abnormal body temperature curves

随机选出 4 条正常数据作为白兔数据集的训练集,剩下的 1 条正常数据和 3 条异常数据作为测试集。对于白兔数据,共有 5 种不同的数据集分布。

生猪体温数据来自非洲猪瘟攻毒实验。该实验对健康生猪注射非瘟病毒后,由耳温传感器每隔 2~3 min 采集一次耳温数据,直到生猪发病死亡。

图 5 展示了生猪注射非瘟病毒前后的体温曲线,图中空白部分为设备传输故障区段,是实际使用

中常见的现象,真实反映了非规范化数据源稳定性差的特点。由图 5 可见,感染非瘟病毒后的生猪,其体温波动变大,且呈现逐渐升高的趋势,最后临近死亡时体温迅速下降。本文以实验生猪初期的平稳区体温为训练集,以体温波动区数据作为异常检测对象,以期在生猪表现出明显症状前提前报警。

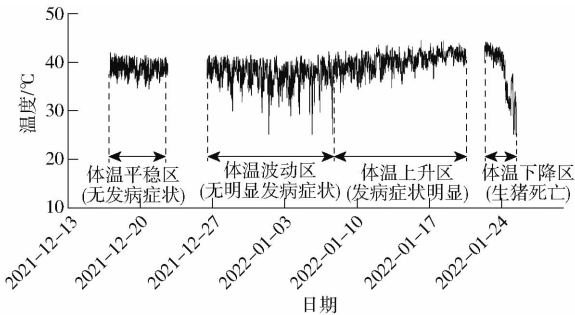


图 5 生猪注射非瘟病毒后体温曲线

Fig.5 Pig temperature curves after injection of African swine fever virus

在 4 头生猪体温下降区前的体温数据中,各随机采样 40 次,每次采样 300 个数据点,以获得不同采样间隔、不同噪声干扰的生猪体温曲线。部分 1 号生猪采样体温曲线如图 6 所示。由图 6 可见,不同的采样曲线,其形状有所区别,噪声情况也不同,能够表示不同情况下可能出现的体温曲线。

对于从同一生猪采样得到的体温曲线,按照在原数据上体温平稳区和体温波动区的划分位置,分出采样曲线中的对应区域,得到体温平稳区曲线和体温波动区曲线。本文从每头生猪采样得到的体温曲线中,选择其中 30 条体温平稳区数据作为训练集,剩下的 10 条体温平稳区数据和 5 条体温波动区数据作为测试集。最后,生猪数据集如表 4 所示。

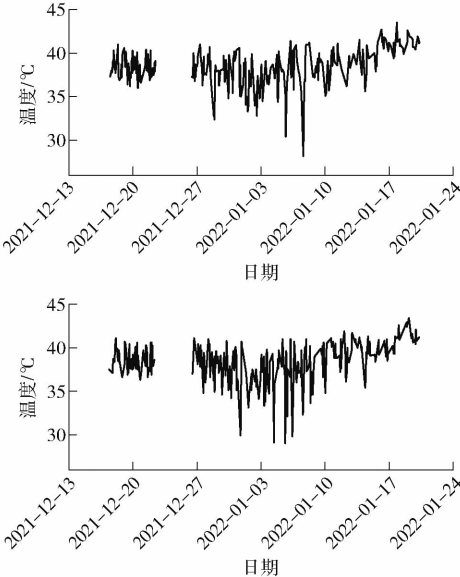
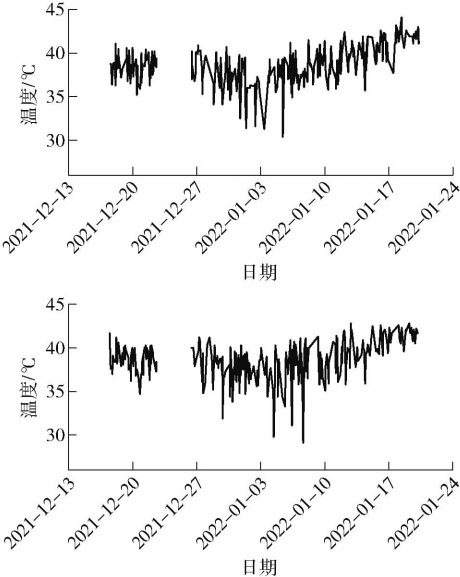


图 6 1 号生猪随机采样的体温曲线

Fig.6 Temperature curves after random sampling on pig No. 1

表 4 生猪体温数据集
Tab.4 Pig body temperature dataset

数据来源	数据集名称	训练集数 据数/条	测试集数 据数/条	数据长度
1 号生猪	生猪数据集 1	30	15	不等
2 号生猪	生猪数据集 2	30	15	不等
3 号生猪	生猪数据集 3	30	15	不等
4 号生猪	生猪数据集 4	30	15	不等

2.2 评价指标

本文提出的 iDTW 算法和 ED、DTW、DDTW、WDTW 方法都属于相似性度量算法,可以通过时序数据分类实验验证方法效果。1 - NN 分类器没有参数,分类结果仅取决于相似性度量算法。因此本文使用 1 - NN 分类器结合相似性度量方法,根据时序数据分类的准确率评价算法的相似性度量能力。

异常检测算法评价指标使用精确率、召回率和 F1 值。

准确率指算法分类正确的样本数占总样本数的比例。准确率低说明算法的判别能力较弱。

精确率指算法判别为异常的数据中真异常所占的比例,精确率过低说明算法容易误报。召回率表示在所有异常数据中算法识别出的异常所占比例,召回率低说明算法识别能力差,容易漏检。F1 值为精确率和召回率的调和平均数,体现算法整体检测效果。

2.3 模拟对齐实验

为测试算法的序列对齐效果,在 GunPoint 数据训练集中标签为 1 的时间序列中随机选择一条时间序列,并通过缩放、拉伸得到变形之后的时间序列匹配。

如图 7a 所示,第 1 条曲线表示原始时间序列,第 2 条曲线为经过缩放、伸缩之后的时间序列,中间竖线条为真实匹配路径。传统的欧氏距离是点对点匹配,得到的匹配路径如图 7b 所示,可以看出这种一对一的匹配不适用于错位的时间序列对齐。DTW 结果如图 7c 所示,出现了明显的一条时间序

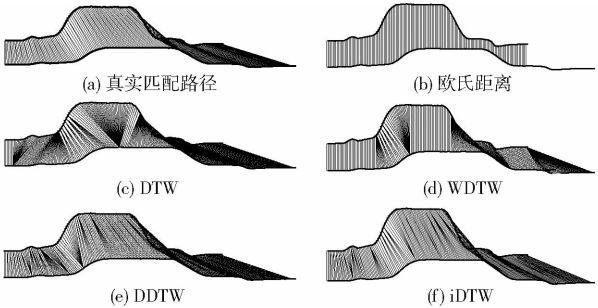


图 7 对齐效果对比

Fig. 7 Alignment effects comparison

列的其中一个点对应另一条时间序列的多个点,也就是前面提到的过度对齐。图 7d 表示 WDTW 的实验结果,对于权重因子的设置,本文在原文推荐的 0.05、0.1 和 0.25^[23] 中选择表现较好的 0.05。图 7e 为 DDTW 的实验结果,它同样有较为明显的过度对齐问题。图 7f 为 iDTW 的实验结果,相比于其他方法,iDTW 的实验结果更接近真实匹配路径,序列对齐效果更好。

2.4 时序数据分类实验

将 iDTW 算法与 ED、DTW、DDTW、WDTW 算法在相同数据集上进行分类准确率对比。根据文献[24]设置 WDTW 算法加权参数 g 为 0.25。

几种算法分类准确率见表 5。在 10 个数据集上,iDTW 算法取得的最优结果数最多,有 7 个,其次是 DDTW 算法(4 个)、DTW 算法(2 个)和 ED 距离(2 个)。

表 5 10 个时间序列数据集上的分类准确率
Tab.5 Classification accuracy on ten time series

datasets							%
序号	数据集名称	ED	DTW	DDTW	WDTW	iDTW	
1	Coffee	100	96.4	85.7	92.9	96.4	
2	ECC200	88.0	80.0	83.0	81.3	85.0	
3	DistalPhalanxOutlineCorrect	71.7	72.5	73.2	70.3	75.7	
4	GunPoint	91.3	88.0	98.7	98.0	98.7	
5	Plane	96.2	100	100	99.1	100	
6	SonyAIBORobotSurface1	69.6	71.2	74.5	72.5	71.7	
7	SmoothSubspace	90.7	90.7	76.7	88.7	92.0	
8	Trace	76.0	99.0	99.0	98.0	99.0	
9	ToeSegmentation1	68.0	79.8	80.3	79.4	85.1	
10	ToeSegmentation2	80.8	84.6	68.5	86.2	88.5	
平均值/%		83.2	86.2	84.0	86.7	89.2	
最优结果数		2	2	4	0	7	

由表 5 可知,iDTW 算法平均分类准确率(在 10 个数据集上准确率平均值)最高(89.2%)。相比于欧氏距离(83.2%)、动态时间规整(86.2%)、一阶导数动态时间规整(84.0%)和权重动态时间规整算法(86.7%),iDTW 算法在 10 个 UCR 数据集上的平均准确率分别提高 6.0、3.0、5.2、2.5 个百分点。

为直观对比分类结果,图 8 将 iDTW 算法与其他 4 种算法分类准确率两两对比,每个图中有 10 个圆点,表示着 10 个数据集,当圆点落在对角线上,代表两种算法分类准确率相同,当圆点在对角线上方,代表 iDTW 算法在该数据集上的分类准确率高于被对比算法,否则低于被对比算法。图 8 显示,与其他几种算法相比,iDTW 算法在大部分数据集上表现更好,少部分数据集上表现持平,更少部分数据集上

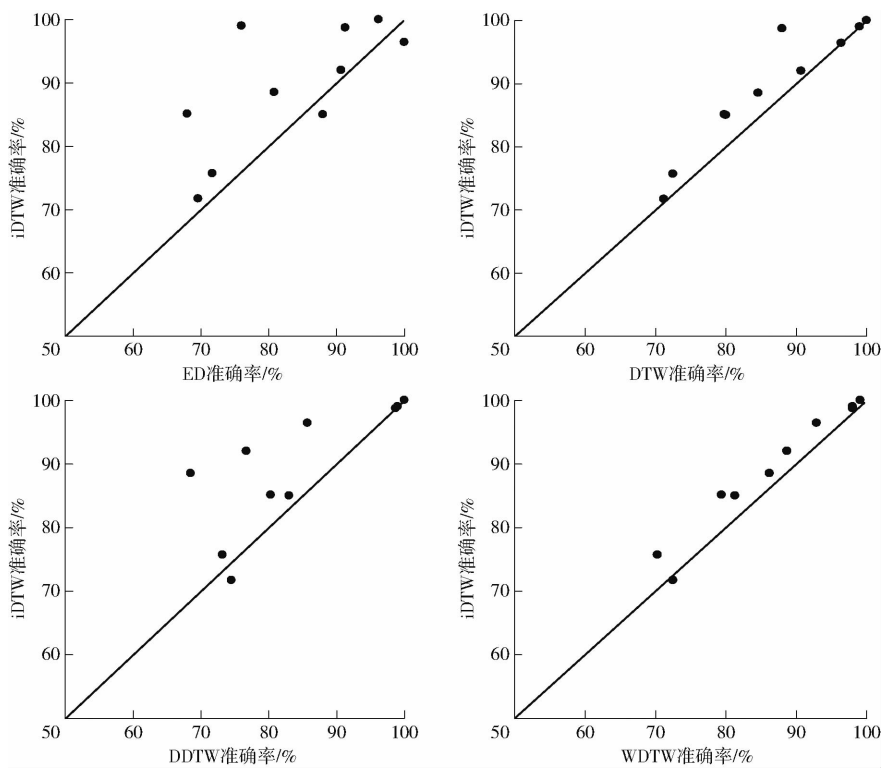


图 8 iDTW 算法和其它 4 种算法的分类准确率对比

Fig. 8 Comparisons of classification accuracy between iDTW algorithm and other four algorithms

表现较差(ED 2 个、DTW 0 个、DDTW 1 个、WDTW 1 个)。分类结果表明,iDTW 算法相比于其他几种算法提高了分类精度,其平均分类准确率优于其他几种对比算法。

2.5 非规范化动物体温异常检测

选取常用的异常检测模型与本文算法在非规范

化动物体温数据集上进行异常检测实验对比。选取的模型包括深度学习异常检测模型 LSTM,机器学习异常检测模型 ARIMA、KNN、iForest、LOF、OCSVM、PCA,以及使用 DTW 作相似性度量的基于滑动窗口与序列等分异常检测算法。不同模型的性能对比如表 6~8 所示。

表 6 各方法在奶牛数据集上的异常检测结果
Tab.6 Anomaly detection results on cow body temperature datasets

模型	最佳结果			最差结果			平均结果		
	召回率	精确率	F1 值	召回率	精确率	F1 值	召回率	精确率	F1 值
LSTM	100	66.7	80.0	100	66.7	80.0	100	66.7	80.0
ARIMA	100	66.7	80.0	100	66.7	80.0	100	66.7	80.0
KNN	100	66.7	80.0	100	66.7	80.0	100	66.7	80.0
iForest	100	66.7	80.0	100	66.7	80.0	100	66.7	80.0
LOF	100	66.7	80.0	100	66.7	80.0	100	66.7	80.0
OCSVM	100	66.7	80.0	100	66.7	80.0	100	66.7	80.0
PCA	100	66.7	80.0	100	66.7	80.0	100	66.7	80.0
DTW + SWS	100	100	100	50.0	100	66.7	87.5	83.4	85.4
iDTW + SWS	100	100	100	100	66.7	80.0	100	83.4	90.9

在 3 个动物数据集中,奶牛和生猪的体温数据较长。奶牛数据集中设置参数 n 为 16,生猪数据集中设置参数 n 为 50。白兔数据集较短,不必使用序列等分,以数据集中个体数据长度最小值为参数 n 。

由于奶牛数据集和白兔数据集的数量较少,随机选出的数据集分布差异较大。为了更好地比较方

法性能,本文分别总结了各方法在所有可能的数据分布上的结果,即在 4 种不同分布的奶牛数据集和 5 种不同分布的白兔数据集上的异常检测结果。

表 6 和表 7 分别展示了各方法在所有可能的奶牛数据集和白兔数据集数据分布上的最佳检测结果、最差检测结果和平均检测结果。本文根据 F1 值分别选出最佳结果和最差结果。平均结果中的召回

表 7 各方法在白兔数据集上的异常检测结果

Tab.7 Anomaly detection results on rabbit body temperature datasets									%
模型	最佳结果			最差结果			平均结果		
	召回率	精确率	F1 值	召回率	精确率	F1 值	召回率	精确率	F1 值
LSTM	100	75.0	85.7	100	75.0	85.7	100	75.0	85.7
ARIMA	100	75.0	85.7	33.3	50.0	40.0	60.0	60.0	60.0
KNN	100	75.0	85.7	100	75.0	85.7	100	75.0	85.7
iForest	100	75.0	85.7	100	75.0	85.7	100	75.0	85.7
LOF	100	100	100	66.7	66.7	66.7	93.3	83.3	88.1
OCSVM	100	75.0	85.7	100	75.0	85.7	100	75.0	85.7
PCA	100	75.0	85.7	100	75.0	85.7	100	75.0	85.7
DTW + SWSed	100	100	100	100	75.0	85.7	100	85.0	91.9
iDTW + SWSed	100	100	100	100	75.0	85.7	100	85.0	91.9

表 8 生猪体温异常检测结果

Tab.8 Anomaly detection results on pig animal body temperature datasets												%
模型	生猪数据集 1			生猪数据集 2			生猪数据集 3			生猪数据集 4		
	召回率	精确率	F1 值	召回率	精确率	F1 值	召回率	精确率	F1 值	召回率	精确率	F1 值
LSTM	100	33.3	50.0	100	33.3	50.0	100	33.3	50.0	100	33.3	50.0
ARIMA	100	33.3	50.0	100	33.3	50.0	100	33.3	50.0	100	33.3	50.0
KNN	100	83.3	90.9	100	50.0	66.7	100	50.0	66.7	100	71.4	83.3
iForest	100	33.3	50.0	100	33.3	50.0	100	33.3	50.0	100	33.3	50.0
LOF	100	83.3	90.9	100	83.3	90.9	100	62.5	76.9	100	71.4	83.3
OCSVM	100	55.6	71.4	100	38.5	55.6	100	35.7	52.6	100	45.5	62.5
PCA	100	33.3	50.0	100	33.3	50.0	100	33.3	50.0	100	33.3	50.0
DTW	100	100	100	100	38.5	55.6	100	83.3	90.9	100	33.3	50.0
iDTW	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	83.3	90.9

率和精确率,分别是该方法在所有可能的数据分布上的召回率的平均值和精确率的平均值。即在 4 种奶牛数据集或 5 种白兔数据集上的召回率平均值和精确率平均值。平均结果中的 F1 值由平均结果的召回率和精确率计算得到。

由表 6 和表 7 可知,本文方法和经典异常检测方法的最差表现均有待提升。而在其他数据集分布上,相较经典异常检测方法,本文方法能够取得较好结果,方法效果有所提升。LOF 方法在白兔数据集上的最佳结果表现较好,然而方法鲁棒性较差,在白兔数据集上的最差表现不如其他方法。算法在不同分布的数据集上的表现存在差异,这也许是由于奶牛和白兔的体温数据较少,不同数据集中,训练集分布差异较大,模型未能完全学习到正常体温数据的特征。

由表 6 ~8 可知,在 3 种不同类型的动物体温数据集上,本文算法能够取得较好结果,F1 值有明显提升。在奶牛体温数据集上,本文算法的 F1 值比其他方法均明显提高。这是由于奶牛体温数据没有明显的“出界点”(outlier),使得 iForest 效果不佳。LSTM 由于训练集数据较少,参数不足以收敛,使得模型预测效果不佳。ARIMA 方法只能发现线性关系,对于非线性关系效果不佳。由于奶牛正常数据

与异常数据间并无明显密度差异,KNN、LOF 方法未能发挥效用。OCSVM 和 PCA 方法分别对输入数据进行升维和降维,过程中损失了部分原数据信息,未能捕捉到数据关键特征。本文算法能够直接挖掘序列间的关联,并通过序列等分提升模型辨别能力。相较于 DTW 算法,iDTW 算法在序列间相似性度量上表现更好,使得结果有所提升。

在白兔体温数据集上,本文算法的 F1 值比其他方法有所提高。其他方法中,ARIMA 方法常使用训练集数据的均值建模^[29]。在计算均值时,需将不同个体的体温数据按时间步对齐,再对对应同一位置上的体温数据求均值。由于采样时间未知,在时间步对齐上难以判断。这使得求得的均值体温可能与实际情况相差较大,模型难以发现体温规律。OCSVM 和 PCA 方法面对不等长序列,需将其处理为统一长度后计算,势必会损失部分数据信息。本文方法能够通过滑动窗口找到不等长序列间的较好对应,提取训练集有效特征,充分利用有限数据。

在生猪体温数据集上,本文算法的 F1 值比其他方法显著提高。由于基于预测的 LSTM 模型和 ARIMA 方法,需使用有相同时间间隔的时间序列数据完成模型训练及检测^[15-16]。而生猪体温数据来

自随机采样,数据的时间间隔不定。因此这类方法表现不佳。此外,生猪数据是用温度传感器测得的原始数据,存在噪声。如因传感器与待测部位接触不佳导致的相对温度较低的数据点。而 iForest 算法多针对点异常的检测,容易因此误判。相较而言,本文提出的方法根据数据间的相对差异进行异常检测,对存在噪声的数据鲁棒性较好。

综上所述,本文算法能够通过 iDTW 算法、滑动窗口和序列等分方法,增强模型辨别能力。在采样时间不一、数据长短不一的非规范化数据集上,能够通过滑动窗口找到不等长序列间的较好对应,提取训练集有效特征,充分利用有限数据。在存在噪声的数据上,根据数据的相对差异完成异常判断,更加鲁棒。结果表明,本文算法能够适应非规范化数据源的动物体温异常检测。不过,在数据数量较少时,方法效果可能受到影响。实际使用中,为保障方法的可靠性,应尽可能收集更多体温数据。

3 结 论

(1)针对我国中小规模养殖和调运检疫场景,提出了面向非规范化数据源的动物体温异常检测方法。该方法使用动物体温的相对变化进行异常判断,降低测温方式带来的系统误差的影响。通过相似性度量算法衡量不同序列间相似度,根据相似性

度量结果判断异常与否。发现阈值法无法检测出的异常,并提前报警。实验表明,本文算法能够检测出大部分异常,符合实际应用需求。

(2)针对 DTW 算法序列过度对齐、相似性度量效果不佳的问题,提出了 iDTW 算法。iDTW 算法在点间度量上结合了欧氏距离和一阶导数,体现数据的形态特点,更容易找到正确的对应路径。增加序列的区间交并比,得到更有效的相似性度量结果,提升了算法效果。在公开数据集 UCR 上,iDTW 算法相比于欧氏距离、动态时间规整、一阶导数动态时间规整和权重动态时间规整算法,结合 K-近邻分类器在 10 个 UCR 数据集上的分类准确率平均提高 6.0、3.0、5.2、2.5 个百分点。

(3)针对基于相似度的不等长序列异常检测问题,提出了基于滑动窗口和序列等分的异常检测算法。通过滑动窗口,动态寻找序列间的最佳对应区段,提取训练集的统一特征。由序列等分,提升了模型的辨识能力。在非规范化动物体温数据集上的异常检测实验表明,基于滑动窗口和序列等分的异常检测算法相比于经典异常检测算法,在 3 种动物体温数据集上的 F1 值均获得了明显提升。不过,数据较少时可能导致方法无法完全学习到正常数据特征。为保障方法的可靠性,应尽可能多的收集动物体温数据。

参 考 文 献

[1] 姜焱,宋志刚,龙云凤,等. 几种主要动物检疫疫病名录的比较研究[J]. 畜牧与兽医, 2021, 53(12): 110 – 115.
JIANG Yan, SONG Zhigang, LONG Yunfeng, et al. Comparative study of several major lists of animal quarantine diseases[J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2021, 53(12): 110 – 115. (in Chinese)

[2] 赵怡楠,李亚青,宋亚刚,等. 基于数据挖掘的中药防治动物疫病用药特点分析[J]. 畜牧与兽医, 2022, 54(11): 115 – 122.
ZHAO Yi'nan, LI Yaqing, SONG Yagang, et al. Characteristics of traditional Chinese medicine in prevention of epidemic animal diseases based on data mining[J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2022, 54(11): 115 – 122. (in Chinese)

[3] 杨军香,焦洪超,孙明发,等. 我国奶牛养殖设施设备利用现状调查与分析[J]. 中国畜牧杂志, 2021, 57(11): 260 – 264.
YANG Junxiang, JIAO Hongchao, SUN Mingfa, et al. Investigation and analysis on the current situation of utilization of dairy cattle breeding facilities and equipment in China[J]. Chinese Journal of Animal Science, 2021, 57(11): 260 – 264. (in Chinese)

[4] 农业农村部. 中国畜牧兽医年鉴[M]. 北京: 中国农业出版社, 2022.

[5] 王刚毅,李春雷,申玉琢,等. 非洲猪瘟后我国生猪疫病防控及产业发展的几点思考——基于欧洲经验视角的分析[J]. 中国畜牧杂志, 2020, 56(11): 179 – 183.
WANG Gangyi, LI Chunlei, SHEN Yuzhuo, et al. Reflections on the prevention and control of swine disease and industrial development in China after african swine fever: analysis from the perspective of European experience[J]. Chinese Journal of Animal Science, 2020, 56(11): 179 – 183. (in Chinese)

[6] 韩振,胡向东,石自忠. 中国非洲猪瘟疫情防控政策及优化策略分析[J]. 中国农业资源与区划, 2023, 44(3): 11 – 17.
HAN Zhen, HU Xiangdong, SHI Zizhong. Analysis of African swine fever control policies and optimization strategies in China [J]. Chinese Journal of Agricultural Resources and Regional Planning, 2023, 44(3): 11 – 17. (in Chinese)

[7] STUKELJ M, HAJDINJAK M, PUSNIK I. Stress-free measurement of body temperature of pigs by using thermal imaging-useful fact or wishful thinking[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2022, 193: 106656.

[8] SOERENSEN D D, PEDERSEN L J. Infrared skin temperature measurements for monitoring health in pigs: a review[J]. Acta Veterinaria Scandinavica, 2015, 57: 1 – 11.

[9] JORQUERA-CHAVEZ M, FUENTES S, DUNSHEA F R, et al. Using imagery and computer vision as remote monitoring methods for early detection of respiratory disease in pigs[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2021, 187: 106283.

[10] NARAYAN E, PERAKIS A, MEIKLE W. Using thermal imaging to monitor body temperature of koalas (*Phascolarctos*

- cinereus*) in a zoo setting[J]. *Animals*, 2019, 9: 1094.
- [11] CHUNG H, LI J, KIM Y, et al. Using implantable biosensors and wearable scanners to monitor dairy cattle's core body temperature in real-time[J]. *Computers and Electronics in Agriculture*, 2020, 174: 105453.
- [12] ZHANG Y X, CHEN Y Q, WANG J D, et al. Unsupervised deep anomaly detection for multi-sensor time-series signals[J]. *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, 2023, 35(2): 2118–2132.
- [13] LIU F, ZHOU X S, CAO J L, et al. Anomaly detection in quasi-periodic time series based on automatic data segmentation and attentional LSTM–CNN[J]. *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, 2022, 34(6): 2626–2640.
- [14] GONG Y, YIN M, HUANG L Y, et al. Algorithm and hardware co-design of energy-efficient LSTM networks for video recognition with hierarchical tucker tensor decomposition[J]. *IEEE Transactions on Computers*, 2022, 71(12): 3101–3114.
- [15] HIGAKI S, DARHAN H, SUZUKI C, et al. An attempt at estrus detection in cattle by continuous measurements of ventral tail base surface temperature with supervised machine learning[J]. *Journal of Reproduction and Development*, 2021, 67(1): 67–71.
- [16] SABRY F, ELTARAS T, LABDA W, et al. Towards on-device dehydration monitoring using machine learning from wearable device's data[J]. *Sensors*, 2022, 22(5): 1887.
- [17] LUO L, SHE X, CAO J, et al. Detection and prediction of ovulation from body temperature measured by an in-ear wearable thermometer[J]. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 2020, 67(2): 512–522.
- [18] SAPKOTA H, YU Q, IEEE C S. Bayesian nonparametric submodular video partition for robust anomaly detection[C]//IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2022: 3202–3211.
- [19] YI X W, YANG X D, HUANG Y Y, et al. Gas-theft suspect detection among boiler room users: a data-driven approach[J]. *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, 2022, 34(12): 5796–5808.
- [20] JIANG J J, LAI S X, JIN L W, et al. Dsdwt: local representation learning with deep soft-dtw for dynamic signature verification[J]. *IEEE Transactions on Information Forensics and Security*, 2022, 17: 2198–2212.
- [21] GAO X F, XU W Y, ZHANG Z X, et al. Cross-platform event popularity analysis via dynamic time warping and neural prediction[J]. *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, 2023, 35(2): 1337–1350.
- [22] KEOGH E J, PAZZANI M J. Derivative dynamic time warping[C]//First SIAM International Conference on Data Mining, 2001.
- [23] JEONG Y S, JEONG M K, OMITAOMU O A. Weighted dynamic time warping for time series classification[J]. *Pattern Recognition*, 2011, 44(9): 2231–2240.
- [24] DAU H A, BAGNALL A, KAMGAR K, et al. The UCR time series archive[J]. *IEEE/CAA Journal of Automatica Sinica*, 2019, 6(6): 1293–1305.
- [25] 张丹俊. 自制兔痘疫苗效力试验前后体温变化的初步观察[J]. *毛皮动物饲养*, 1989(2): 9–10.
ZHANG Danjun. Preliminary observation on changes in body temperature before and after efficacy test of self-made rabbit distemper vaccine[J]. *Fur Animal Breeding*, 1989(2): 9–10. (in Chinese)
- [26] 冯润东, 曹蕾, 刘蕊, 等. 活犀角与犀角解热作用的比较研究[J]. *中国药物警戒*, 2015, 12(3): 144–146.
FENG Rundong, CAO Lei, LIU Rui, et al. Comparative study on the antipyretic effects of live rhinoceros horn and rhinoceros horn[J]. *Chinese Journal of Pharmacovigilance*, 2015, 12(3): 144–146. (in Chinese)
- [27] 周天禄, 何进祥, 邓萍, 等. 树鼩(*Tupaia belangeri chinensis*)及几种常用实验动物体温昼夜节律的比较观察[J]. *云南师范大学学报(自然科学版)*, 1991, 11(3): 66–73.
ZHOU Tianlu, HE Jinxiang, DENG Ping, et al. Comparative observation on the circadian rhythm of body temperature in tree shrews (*Tupaia belangeri chinensis*) and several commonly used experimental animals[J]. *Journal of Yunnan Normal University(Natural Sciences Edition)*, 1991, 11(3): 66–73. (in Chinese)
- [28] 李海邦, 丁香莲. 补中益气汤对气虚邪侵发热动物体温的影响[J]. *甘肃畜牧兽医*, 2008(1): 21–23.
LI Haibang, DING Xianglian. The effect of Buzhong Yiqi Tang on the body temperature of fever animals infected by Qi Deficiency Pathogens[J]. *Gansu Animal Husbandry and Veterinary Medicine*, 2008(1): 21–23. (in Chinese)
- [29] RASEL H M, AL MAMUN M A, HASNAT A, et al. Sustainable futures in agricultural heritage: geospatial exploration and predicting groundwater-level variations in barind tract of bangladesh[J]. *Science of the Total Environment*, 2023, 865: 161297.