

基于鱼群优化算法和 Cholesky 分解的 RELM 的 基因表达数据分类

陆慧娟¹ 魏莎莎¹ 关 伟¹ 缪燕子²

(中国计量学院信息工程学院 杭州 310018)¹ (中国矿业大学信电学院 徐州 221116)²

摘 要 提出一种基于鱼群优化算法和 Cholesky 分解的改进的正则极限学习机算法(FSC-RELM)来对基因表达数据进行分类。FSC-RELM 算法中,首先用鱼群优化算法对 RELM 输入层权值进行优化,其中目标函数定义为误差函数的倒数;再对 RELM 输出层权值矩阵进行分解,采用 Cholesky 分解法进行优化,以提高算法速度,减少训练时间。为了评价算法性能,对若干标准基因数据集进行了实验,结果表明,FSC-RELM 算法在较短的时间内可以获得较高的分类精度,性能优异。

关键词 鱼群优化,正则极限学习机,Cholesky 分解,基因表达数据

中图分类号 TP181 文献标识码 A DOI 10.11896/j.issn.1002-137X.2014.12.049

Improved RELM Based on Fish Swarm Optimization Algorithm and Cholesky Decomposition for Gene Expression Data Classification

LU Hui-juan¹ WEI Sha-sha¹ GUAN Wei¹ MIAO Yan-zi²

(Department of Information Engineering, China Jiliang University, Hangzhou 310018, China)¹

(Department of Information and Electrical Engineering, China Mining University, Xuzhou 221116, China)²

Abstract The paper proposed an improved algorithm of regular extreme learning machine(FSC-RELM) based on fish swarm optimization algorithm and Cholesky decomposition to apply in classification of gene expression data. Firstly, fish swarm optimization algorithm is used to optimize the weights of input layer and the value of objective function is defined as the reciprocal of error function. For improving the speed of the algorithm and reducing the training time, Cholesky decomposition is used on RELM output layer weights matrix. The experiments on the standard genetic data sets show that the FSC-RELM algorithm in a relatively short period of time can obtain higher classification accuracy and good performance.

Keywords Fish swarm optimization, Regularized extreme learning machine, Cholesky decomposition, Gene expression data

1 引言

随着 DNA 微阵列技术的广泛应用,越来越多的基因表达数据被用于基因功能、基因表达的规律、特殊基因同疾病相关的信息等方面^[1]的研究。基因表达数据^[2]是通过 DNA 微阵列杂交试验获得的经过预处理之后的数据,通常是矩阵形式。

基因表达数据分类就是按照基因表达数据的相似性或者基因表达的模式将基因划分为若干类别^[3]。Alon 等^[4]在 1999 年以结肠癌(Colon Cancer)数据集作为实验对象,用层次聚类等分类算法对结肠癌数据集进行了归类。2000 年, Raye 等^[5]利用主分量分析法对酵母孢子发芽的数据集进行了实验,获取该数据集在孢子发芽过程中的分类信息。Khan 等^[6]和 Narayanan 等^[7]将人工神经网络应用于已知样本得到分类模型。Ramaswam 等采用 SVM 研究了 14 种不同组织类

型的肿瘤的分类问题,取得了较好的分类性能^[8]。陆等^[9]利用压缩感知技术分别实现了基因表达数据的分类。除此之外,常用的有监督基因分类算法还包括 KNN、人工神经网络、决策树等。

2006 年,黄广斌^[10]等根据摩尔-彭罗斯广义逆矩阵理论提出了一种新的监督型单隐层前馈神经网络学习算法,即 ELM。同神经网络和支持向量机相比,ELM 学习速度快,泛化能力强,在分类应用中优势显著。然而,ELM 由于随机给定左侧权值,回归模型容易不稳定,对分类精度会产生很大影响^[11]。此后,黄等^[12]对 ELM 隐层的节点进行研究,通过逐一增加节点的方式提出了 I-ELM 和 EI-ELM^[13]。由于上述 ELM 没有考虑到结构化风险可能导致过度拟合问题,2010 年,邓^[14]把结构风险最小化理论以及加权最小二乘法引入到 ELM 中,提出一种正则极限学习机(RELM),RELM 对离群

到稿日期:2013-06-25 返修日期:2013-08-16 本文受国家自然科学基金(61272315,61303183,60842009),浙江省自然科学基金(Y1110342)和浙江省科技厅国际合作项目(2012C24030)资助。

陆慧娟(1962—),女,博士,教授,CCF 杰出会员,主要研究方向为模式识别、生物信息学和物联网等,E-mail: hjlu@cjl. edu. cn;魏莎莎(1989—),女,硕士生,CCF 会员,主要研究方向为机器学习、数据挖掘等;关 伟(1976—),男,硕士,讲师,主要研究方向为机器学习、模式识别等;缪燕子(1981—),女,博士,副教授,主要研究方向为模式识别、智能控制等。

点具有一定的抗干扰能力,不仅可以获得尽可能小的训练误差,而且能使边缘距离最大化,从而具有更好的泛化性能。

与 ELM 一样,RELM 的输入权重和隐藏层是随机分配的,其隐层输出的变化矩阵可能会非常大,反过来将导致大的输出权重矩阵,这将大大增加经验风险和结构风险,从而降低了 RELM 鲁棒性^[15]。因此,有必要对输入权重进行优化,使其能够发挥重要作用,提高 RELM 的鲁棒性,降低结构和经验风险^[16]。

本文利用鱼群优化算法对 RELM 输入层权值进行优化,其中目标函数定义为误差函数的倒数。当样本数量比较大时,输入层权值优化后的 RELM 在输出权值的求解过程中会影响训练速度,故用 Cholesky 分解法对输出权值矩阵进行分解优化,提高训练速度,减少训练时间。在此基础上,本文提出了一种基于权重优化和 Cholesky 分解的改进的 RELM 的基因表达数据分类方法(FSC-RELM)。算法已被运用到 Breast, Leukemia, Colon, Hearth 等基因表达数据上,实验结果显示分类效果明显改善。

2 RELM

由统计学理论可得,实际风险包括经验风险和结构风险两种成分^[16]。RELM 同时考虑这两种风险因素,通过参数 γ 调节两种风险的比例,其数学模型表示为:

$$\min(\frac{1}{2} \|\beta\|^2 + \frac{\gamma}{2} \|\epsilon\|^2) \quad (1)$$

$$\text{s. t. } \sum_{j=1}^N \beta_j g(a_i \cdot x_j + b_i) - t_j = \epsilon_j, j=1, 2, \dots, N$$

其中, ϵ 是 RELM 隐藏层参考特征向量矩阵和实际产生的特征向量矩阵之间的误差; $\|\beta\|^2$ 用来平滑特征向量的相关矩阵的奇点的代价函数,以提高在噪声环境下 RELM 的鲁棒性; γ 是两种风险的比例参数,通过交叉验证方式确定 γ 来获得两种风险的最佳折中点^[17]。

$g(\cdot)$ 为隐层神经元函数, $a_i = [a_{i1}, a_{i2}, \dots, a_{in}]^T$ 为连接第 i 个隐层神经元的输入权值;相应地,输出权值向量由 $\beta_i = [\beta_1, \beta_2, \dots, \beta_L]^T$ 表示^[20]; $\epsilon = [\epsilon_1, \epsilon_2, \dots, \epsilon_N]^T$, ϵ_i 为回归误差。

建立拉格朗日函数为:

$$\begin{aligned} (\beta, \epsilon, \alpha) &= \frac{\gamma}{2} \|\epsilon\|^2 + \frac{1}{2} \|\beta\|^2 - \sum_{j=1}^N \alpha_j (g(a_i x_j + b_i) - t_j - \epsilon_j) \\ &= \frac{\gamma}{2} \|\epsilon\|^2 + \frac{1}{2} \|\beta\|^2 - \alpha(H\beta - T - \epsilon) \end{aligned} \quad (2)$$

其中, $\alpha = [\alpha_1, \alpha_2, \dots, \alpha_N]$, $\alpha_j \in R^n$ ($j=1, 2, \dots, N$) 代表拉格朗日权值,对拉格朗日函数各变量求偏导并令偏导为零可得:

$$\begin{cases} \frac{\partial}{\partial \beta} \rightarrow \beta^T = \alpha H & (3a) \end{cases}$$

$$\begin{cases} \frac{\partial}{\partial \epsilon} \rightarrow \gamma \epsilon^T + \alpha = 0 & (3b) \end{cases}$$

$$\begin{cases} \frac{\partial}{\partial \alpha} \rightarrow H\beta - T - \epsilon = 0 & (3c) \end{cases}$$

把方程(3c)代入方程(3b)得 $\alpha = -\gamma(H\beta - T)^T$ 。则:

$$\beta = (\gamma^{-1} I + H^T H)^{-1} H^T T \quad (4)$$

I 为单位矩阵。上式只含有一个 $N \times N$ ($N \ll N$) 矩阵的逆操作,计算 β 速度很快。

3 基于鱼群优化算法的 RELM 输入权值改进

由于 RELM 的输入权重和隐藏层是随机分配的,在对数

据进行分类时,其隐层输出的变化矩阵可能会非常大,这将导致大的输出权重矩阵,会大大增加经验风险和结构风险,从而降低 RELM 鲁棒性。本文通过将目标函数定义为误差函数的倒数,用鱼群优化算法对 RELM 输入层的权值进行了优化,使得:(1)由 RELM 隐藏层得出的参考特征向量和所产生的特征矢量之间的误差最小化;(2)RELM 中所需要的输出与实际输出之间的误差最小化。

3.1 鱼群优化算法

人工鱼群算法 AFSA(Artificial Fish Swarm Algorithm)是李晓磊等人在 2002 年提出来的,其基本思想是,在一片水域中,食物浓度最高的地方应该就是鱼的数目最多的地方,根据这个特点可以模仿鱼群的觅食等行为,从而找到全局最优。算法由解决一维静态优化问题发展到解决多维动态组合优化问题,并开始应用到各个领域。目前,鱼群优化算法已经成为交叉学科中一个非常活跃的前沿性研究问题,具有对目标函数要求不高、寻优速度快、能力强等特点。

鱼群的基本活动中,包括:1)觅食行为,即在寻优过程中,认为鱼群是向着较优的方向前进;2)群聚行为,一是尽量向邻近伙伴的中心移动,二是避免过分拥挤,这主要借鉴了 Reynolds 的思想;3)追尾行为,即在寻优过程中,向视野范围内的最优伙伴前进;4)随机行为。

3.2 基于鱼群优化算法的权值优化方法

根据以上的分析,基于 AFSA 的 RELM 输入层权值优化步骤如下:

1)确定鱼群的维度:鱼群的维度为 RELM 输入层的权值数。

2)初始化鱼群算法的参数。种群大小 $pop_size=30$;鱼群个体的感知距离 $Visual=0.7$;鱼群个体移动的最大步长 $Step=1$;拥挤度因子 $\delta=0.1$;最大迭代次数 $Max_Gen=500$ 和目标值为 $\vartheta=10.9$ 。

3)设置初始迭代次数 $Gen=0$,在可行域内随机产生 pop_size 个鱼群个体,形成初始鱼群。

4)计算初始鱼群各鱼群个体当前位置的食物浓度值 F ,并比较大小,保留最大值进入公告板。

5)判断是否达到最大迭代次数或连续若干代最大食物浓度保持不变;如果是,则跳出;否则执行 6)。

6)重复步骤 3)~5)。

上述步骤中,设目标函数为 F ,误差函数为 E ,则:

$$F = \frac{1}{E} \quad (5)$$

$$E = \frac{1}{2P} \sum_{p=1}^P \sum_{i=1}^O [Y_i^p(t) - Y_{di}^p(t)]^2 \quad (6)$$

式中, P 为训练样本数量; O 为输出层的神经元数; $Y_i^p(t)$ 为实际输出, $Y_{di}^p(t)$ 为期望输出。 E 越大, F 越小。

4 基于 Cholesky 分解的 RELM 输出权值求解

优化输入权值后的 RELM 训练过程实质是求解输出权值 β ,文献[14]中提出的 β 求解方式涉及矩阵求逆运算,存在计算量大的问题,会降低 RELM 训练效率。为解决这个问题,本文提出了一种基于 Cholesky 分解的 RELM 输出权值求解方法。

由式(3)得,

$$(r^{-1} I + H^T H) \beta = H^T T \quad (7)$$

令 $A=r^{-1}I+H^TH, b=H^TT$, 则式(7)转变为:

$$A\beta=b \quad (8)$$

对式(8)进行线性方程组求解之前, 先要证明系数 A 为对称正定矩阵, 则:

证明:

$$A^T=(r^{-1}I+H^TH)^T=r^{-1}I+H^TH=A, \text{故 } A \text{ 对称.}$$

$x^TAx=x^T(r^{-1}I+H^TH)x=r^{-1}x^Tx+(Hx)^THx$, 当 $x \neq 0$ 时, $r^{-1}x^Tx > 0, (Hx)^THx > 0$, 故 $x^TAx > 0$, 则 A 为正定矩阵. 则:

$$A=SS^T \quad (9)$$

S 是一个具有正对角线元素的下三角矩阵. 其中:

$$s_{ij}=\begin{cases} \sqrt{a_{ij}-\sum_{n=1}^{i-1}s_{in}^2}, & i=j \\ (a_{ij}-\sum_{n=1}^{i-1}s_{in}s_{jn})/s_{jj}, & i>j \end{cases} \quad (10)$$

将式(9)代入式(8)并在两边同时乘以 S^{-1} 得:

$$S^T\beta=F \quad (11)$$

其中, $F=S^{-1}b$, F 的元素 f_i 为:

$$f_i=\begin{cases} b_i/s_{ii}, & i=1 \\ (b_i-\sum_{n=1}^{i-1}s_{in}f_n)/s_{ii}, & i>1 \end{cases} \quad (12)$$

其中, b_i 为 b 相应位置上的元素. 则最终可得 β :

$$\beta_i=\begin{cases} f_i/s_{ii}, & i=N \\ (f_i-\sum_{n=1}^{N-i}s_{i+n}\beta_{i+n})/s_{ii}, & i<N \end{cases} \quad (13)$$

综上所述可以看出, 用 Cholesky 分解方法仅利用简单的四则运算就可实现 β 求解, 计算简便、快速. 另外, 当 RELM 的隐层神经元数从 N 个变为 $N+1$ 个时, 神经矩阵变为:

$$H_{N+1}=[H_N|h_{N+1}] \quad (14)$$

其中, $h_i=[g(a_i \cdot x_1+b_1) \cdots g(a_i \cdot x_j+b_i)]^T, i=1, \dots, N+1$.

此时,

$$A_{N+1}=H_{N+1}^TH_{N+1}+\gamma^{-1}I_{N+1} \quad (15)$$

由式(10)可知, A_{N+1} Cholesky 分解后的结果 S_{N+1} 中的 $\frac{N(N+1)}{2}$ 个不为零的元素与 S_N 中不为零元素相等. 因此, 只需要计算 $S_{N+1,1}$ 到 $S_{N+1,N+1}$ 这 $L+1$ 个不为零的元素即可获得 S_{N+1} , 则:

$$b_{N+1}=H_{N+1}^TT=[\frac{b_N}{h_{N+1}^TT}] \quad (16)$$

$$F_{N+1}=[\frac{F_N}{f_{N+1}}] \quad (17)$$

由式(17)可得, 要获得 F_{N+1} , 不需要重新计算 f_1 到 f_n , 只需求出 f_{N+1} 即可. 基于 Cholesky 分解的 β 求解充分利用了计算 β 时所存储的信息, β_{N+1} 的计算直接可以在 β 的基础上进行, 比式(4)更方便、快速.

5 实验分析与结果

在理论分析的基础上, 本节选取 4 组基因表达数据集对 FSC-RELM 进行性能测试, 其中 Breast、Colon、Hearth 为两类数据, Leukemia 为多类数据. 数据集信息见表 1.

分别用 BP, SVM, ELM, RELM 4 种不同算法与 FSC-RELM 进行对比, 其中 SVM 参数设置 $C=10$. 为了避免各算法不稳定的情况, 重复试验 50 次, 取平均值.

表 1 数据集

数据集	样本总数	基因数	类分布	
			类名	样本数
Breast	97	24481	Relapse	46
			Non-Relapse	51
Leukemia	72	7129	ALL	24
			MIL	20
			AML	28
Colon	62	2000	Negative	40
			Positive	22
Hearth	270	3510	Negative	150
			Positive	120

FSC-RELM 算法步骤如下:

1. 用 AFSA 算法对 RELM 输入层权重进行优化, 计算出 A_N 与 b_N ;
2. 根据式(10)计算出 A_N 的乔累斯基分解结果 S_N , 利用式(12)计算出 F_N ;
3. 利用 S_N 与 F_N 通过式(13)计算出 β_N ;
4. 对测试样本进行多次测试求平均值.

FSC-RELM 算法在 Breast、Leukemia、Colon 和 Hearth 数据集上的食物浓度值(目标函数)变化如图 1—图 4 所示.

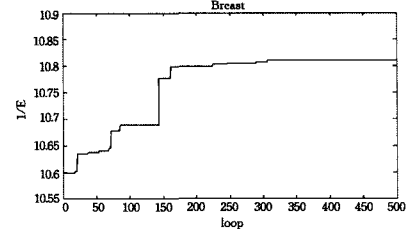


图 1 Breast 数据集上 FSC-RELM 食物浓度变化曲线

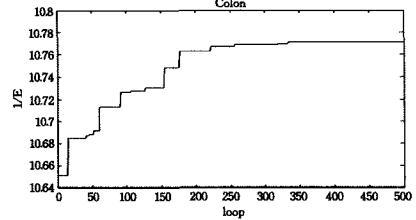


图 2 Colon 数据集上 FSC-RELM 食物浓度变化曲线

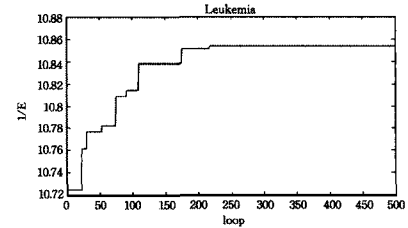


图 3 Leukemia 数据集上 FSC-RELM 食物浓度变化曲线

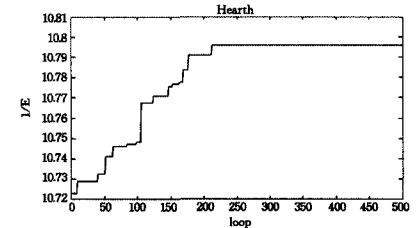


图 4 Hearth 数据集上 FSC-RELM 食物浓度变化曲线

图 5 显示 FSC-RELM 相比其他算法具有较高的分类精度, 同时, 表 2 和图 6 显示 FSC-RELM 算法所耗时间较短, 算法性能较高.

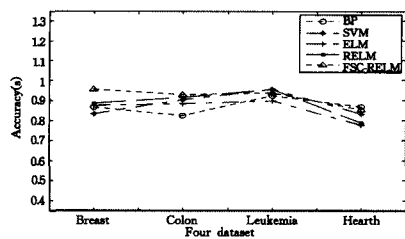


图5 BP,SVM,ELM,RELM 和 FSC-RELM 分类精度比较

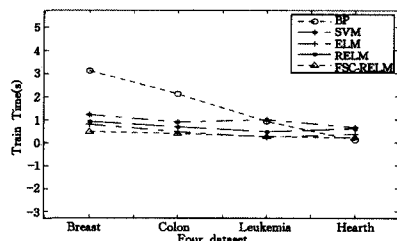


图6 BP,SVM,ELM,RELM 和 FSC-RELM 算法时间比较

表2 5种不同算法的时间比较(单位:s)

数据集	BP(s)		SVM(s)		ELM(s)		RELM(s)		FSC-RELM (s)	
	训练	测试	训练	测试	训练	测试	训练	测试	训练	测试
Breast	3.091	0.052	1.202	0.244	0.769	0.229	0.902	0.130	0.453	<10e-4
Leukemia	2.085	0.012	0.882	0.212	0.450	0.051	0.687	0.048	0.390	<10e-4
Colon	0.904	0.009	0.987	0.128	0.221	0.045	0.455	0.155	0.252	<10e-4
Hearth	0.108	<10e-4	0.652	0.337	0.371	0.041	0.590	<10e-4	0.200	<10e-4

表3 5种不同算法的均方差(RMSE)比较

数据集	BP(s)		SVM(s)		ELM(s)		RELM(s)		FSC-RELM (s)	
	训练	测试	训练	测试	训练	测试	训练	测试	训练	测试
Breast	0.0478	0.2643	0.0718	0.0728	0.0378	0.2643	0.2470	0.2679	0.2145	0.2011
Leukemia	0.0164	0.1829	0.0534	0.0540	0.0512	0.4829	0.1897	0.2002	0.1877	0.1801
Colon	0.0204	0.0337	0.0461	0.0420	0.0980	0.0937	0.0754	0.0994	0.0724	0.0753
Hearth	0.0430	0.0446	0.0117	0.0101	0.0318	0.0346	0.0624	0.0660	0.0624	0.0360

结束语 本文提出了一种基于鱼群优化算法和 Cholesky 分解的改进的 RELM 基因表达数据分类方法。为了获得更高的分类精度,RELM 输入层权值用鱼群优化算法进行优化;为了缩短训练时间,优化后的 RELM 输出层权值矩阵用 Cholesky 分解法进行优化,提高训练速度。FSC-RELM 算法已应用于 Breast,Leukemia,Colon,Hearth 等数据集。实验结果表明,基因表达数据分类结果得到显著改善。

参考文献

- [1] DeRisi J, Penland L, Brown P O, et al. Use of a cDNA microarray to analyse gene expression patterns in human cancer[J]. Nature Genetics, 1996, 14: 457-460
- [2] Zheng C H, Huang D S, Kong X Z, et al. Gene expression data classification using consensus independent component analysis [J]. Genomics Proteomics and Bioinformatics, 2008, 6: 74-78
- [3] 林亚平,刘云中,周顺先,等. 基于最大熵的隐马尔可夫模型文本信息抽取[J]. 电子学报, 2005, 33(2): 236-240
- [4] Alon U, Barkai N, Notterman D A, et al. Broad patterns of gene expression revealed by clustering analysis of tumor and normal colon tissues probed by oligonucleotide arrays[J]. Proc. Natl Acad. Sci., 1999, 96: 6745-6750
- [5] Raychaudhuri S, Stuart J M, Altman R B. Principal components analysis to summarize microarray experiments: application to sporulation time series[C]// Pacific Symposium on Biocompu-

图1到图6显示了数据集上 FSC-RELM 食物浓度变化曲线,可以看出 Breast 数据集上,大概在 320 左右,食物浓度趋向稳定,函数收敛。在 Colon 数据集上,一直到 350 左右食物浓度趋向稳定。Leukemia 和 Hearth 数据集上大约在 220 左右,食物浓度曲线稳定。图5显示了 FSC-RELM 相比其他算法有较高的分类精度,在各个数据集上可以看出 BP 的分类精度相对较低,而在 Leukemia 数据集分类上, SVM 的分类精度最高, FSC-RELM 算法与 SVM 精度相差不大。同时,表1和图6显示了各个算法的时间复杂度,其中 BP 需要的时间最长,并且在各数据集上时间相差较大,其余算法中, FSC-RELM 算法所耗时间较短,算法性能较其他算法高。

为了体现 FSC-RELM 的泛化能力,本文将其与其余 4 种算法进行比较,5 种算法的 RMSE 见表3,其中 FSC-RELM 在大部分数据集上的 RMSE 比 BP, SVM, ELM, RELM 小。

ting. Honolulu, Hawaii, USA, 2000: 452-463

- [6] Khan J, Bittner M, Chen Y, et al. DNA microarray technology: the anticipated impact on the study of human disease[J]. Biochimica et Biophysica Acta, 1999, 1423: 17-28
- [7] Narayanan A, Tatini S S, Gamalielsson J, et al. Reverse engineering causal networks from multiple myeloma gene expression data[OL]. http://www.dcs.ex.ac.uk/~anarayan/publications/myeloma_paper1.pdf, 2002
- [8] Ramaswamy S, Tamayo P, Rifkin R, et al. Multiclass Cancer Diagnostic Using Tumor Gene Expression Signatures[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2001, 98(26): 15149-15154
- [9] 陆慧娟,陆江江,王明怡,等. 基于压缩感知的癌症基因表达数据分类[J]. 中国计量学院学报, 2012, 23(1): 70-74
- [10] Huang Guang-bin, Zhu Qin-yu, Siew chee-kheong. Extreme learning machine: Theory and applications [J]. Neurocomputing, 2006, 70(1-3): 489-501
- [11] 高光勇,蒋国平. 采用优化极限学习机的多变量混沌时间序列预测[J]. 物理学报, 2012, 61(4): 1-9
- [12] Huang Guang-bin, Chen L, Siew C K. Universal approximation using incremental feedforward networks with arbitrary input weights[J]. Neural Networks, 2006, 17(4): 879-892
- [13] 陆慧娟,安春霖,马小平,等. 基于输出不一致测度的极限学习机集成的基因表达数据分类[J]. 计算机学报, 2013, 36(2): 341-

- [14] Deng Wan-yu, Chen L. Regularized extreme learning machine [C]//Proc. IEEE Symp. Comput. Intell. Data Mining. 2009;385-389
- [15] Man Zhi-hong, Lee K, Wang Dian-hui, et al. Robust single-hidden layer feedforward network-based pattern classifier[J]. IEEE Transactions on Neural Networks and Learning Systems, 2012, 23(12)
- [16] Huang Guang-bin, Wang D H, Lan Y. Extreme learning machines; A survey[J]. Int. J. Mach. Learn. Cybern, 2011, 2(2);

(上接第 205 页)

变迁关系,有 $s_0^m \xrightarrow{d} {}_m s_1^m$, 故对 W-TPN, 有 $s_0^w \xrightarrow{d} {}_w s_1^w$ 且 $s_1^m R s_1^w$ 。在 M-TPN 的状态 s_1^m , 必有强制离散变迁关系, 即存在 $t \in Fr(s_1^m)$, 使 $s_1^m \xrightarrow{(t, \beta)} {}_s s_2^m$ 。相应地, 根据模拟关系, 对 W-TPN, 也应有 $s_1^w \xrightarrow{(t, \beta)} {}_w s_2^w$ 。这和 W-TPN 的离散变迁关系定义矛盾。证毕。

定理 5 对任何 TPN, 若存在 $s_i^s \in Reach(s_0^s)$, $s_i^m \in Reach(s_0^m)$, 使 $TB_s(s_i^s) < TB_m(s_i^m)$, 则其 S-TPN 和 M-TPN 不能时间互模拟。

证明: (1) 假设对某个 TPN, 有 $s_i^s \in Reach(s_0^s)$, $s_i^m \in Reach(s_0^m)$, 使 $TB_s(s_i^s) < TB_m(s_i^m)$, 但其 S-TPN 能够模拟 M-TPN。由初始状态定义和模拟关系可知, $s_0^m R s_0^s$ 。若 $TB_s(s_0^s) = TB_m(s_0^m)$, 则对任何 $d \leq TB_s(s_0^s)$, $s_0^m \xrightarrow{d} {}_m s_1^m$ 蕴涵着 $s_0^s \xrightarrow{d} {}_s s_1^s$ 和 $s_1^m R s_1^s$ 。用同样的方式, 若对任何 $k \leq i-1$, 有 $TB_s(s_k^s) = TB_m(s_k^m)$, 则可得到 $s_i^m R s_i^s$ 。此时在 M-TPN 的状态 s_i^m 下, 可实施 $s_i^m \xrightarrow{TB_m(s_i^m)} {}_m s_{i+1}^m$ 。根据模拟关系, 在 S-TPN, 亦有 $s_i^s \xrightarrow{TB_m(s_i^m)} {}_s s_{i+1}^s$ 。根据 S-TPN 连续变迁关系的定义, 必有 $TB_m(s_i^m) \leq TB_s(s_i^s)$, 这与前提矛盾。

(2) 假设对某个 TPN, 存在 $s_i^s \in Reach(s_0^s)$, $s_i^m \in Reach(s_0^m)$, 使 $TB_s(s_i^s) < TB_m(s_i^m)$, 但其 M-TPN 能够模拟 S-TPN。根据初始状态定义和模拟关系, 有 $s_0^s R s_0^m$ 。假设对任何 $k \leq i-1$, 有 $TB_s(s_k^s) = TB_m(s_k^m)$, 则有 $s_i^s R s_i^m$ 。此时在 S-TPN, 可实施 $s_i^s \xrightarrow{TB_s(s_i^s)} {}_s s_{i+1}^s \xrightarrow{(t, \beta)} {}_s s_{i+2}^s$ 。相应地, 根据模拟关系, 在 M-TPN, 应该实施 $s_i^m \xrightarrow{TB_s(s_i^s)} {}_m s_{i+1}^m \xrightarrow{(t, \beta)} {}_m s_{i+2}^m$ 。根据 M-TPN 强制离散变迁关系, 必有 $TB_m(s_{i+1}^m) = 0$, 再根据 M-TPN 连续变迁关系定义, 得 $TB_m(s_i^m) = TB_s(s_i^s)$, 这与前提条件矛盾。证毕。

结束语 本文的主要贡献有: 1) 分析时间 Petri 网现有语义模型存在的调度分析问题, 提出了调度一致性条件和时限性条件; 2) 证明了混合语义模型满足调度一致性条件和时限性条件; 3) 通过比较混合语义模型与强、弱语义模型的时间互模拟关系, 证明了混合语义模型在时间行为上是不可相互替代的。

进一步工作中, 我们将研制混合语义模型的分析工具, 并运用工具建模和分析典型系统的调度问题, 例如柔性制造系统、 workflow 系统等。

参考文献

- [1] Merlin P, Farber D J. Recoverability of communication proto-

- [17] Haykin S. Neural Networks: A Comprehensive Foundation[D]. New Jersey: Prentice Hall, 1999
- [18] Man Zhi-hong, Lee K, Wang Dian-hui, et al. An optimal weight learning machine for handwritten digit image recognition[J]. Signal Processing, 2013, 93: 1624-1638
- [19] Holland J H. The psychology of vocational choice: A theory of personality types and model environments[M]. 1965
- [20] 刘金勇, 郑恩辉, 陆慧娟. 基于聚类和微粒群优化的基因选择方法[J]. 数据采集与处理, 2014, 1(29): 83-89
- cols; Implication of a theoretical study[J]. IEEE Trans. Commun., 1976, 24(9): 1036-1043
- [2] Berthomieu B, Diaz M. Modeling and Verification of Time Dependent Systems Using Time Petri Nets[J]. IEEE Trans. Softw. Eng., 1991, 17(3): 259-273
- [3] Vicario E. Static Analysis and Dynamic Steering of Time Dependent Systems Using Time Petri Nets[J]. IEEE Trans. Software Eng., 2001, 27(8): 728-748
- [4] Wang J, Xu G, Deng Y. Reachability analysis of real-time systems using time Petri nets[J]. IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, Part B: Cybernetics, 2000, 30(5): 725-736
- [5] Ghezzi C, Mandrioli D, Morasca A. Unified High-Level Petri Net Formalism for Time-Critical Systems[J]. IEEE Trans. Softw. Eng., 1991, 17(2): 160-172
- [6] Felder M, Mandrioli D, Morzenti A. Proving properties of real-time systems through logical specifications and Petri net models[J]. IEEE Trans. Softw. Eng., 1994, 20(2): 127-141
- [7] Bérarda B, Cassez F, Haddad S, et al. The expressive power of time Petri nets[J]. Theor. Comput. Sci., 2013, 474: 1-20
- [8] Xu D, He X, Deng Y. Compositional schedulability analysis of real-time systems using time Petri nets[J]. IEEE Trans. Softw. Eng., 2002, 28(10): 984-996
- [9] Wu N, Chu F, Chu C, et al. Schedulability Analysis of Short-Term Scheduling for Crude Oil Operations in Refinery with Oil Residency Time and Charging-Tank-Switch-Overlap Constraints[J]. IEEE Trans. Autom. Sci. Eng., 2011, 8(1): 190-204
- [10] Qiao Y, Wu N Q, Zhou M C. Real-time scheduling of single-arm cluster tools subject to residency time constraints and bounded activity time variation[J]. IEEE Trans. Autom. Sci. Eng., 2012, 9(3): 564-577
- [11] 潘理, 丁志军, 郭观七. 混合语义时间 Petri 网模型[J]. 软件学报, 2011, 22(6): 1199-1209
- [12] Bornot S, Sifakis J, Tripakis S. Modeling urgency in timed systems[C]//Proceedings of International Symposium: Compositionality, LNCS 1536, 1997. Berlin: Springer, 1997: 103-129
- [13] Barbuti R, Tesi L. Timed automata with urgent transitions[J]. Acta Informatica, 2004, 40(5): 317-347
- [14] Bornot S, Sifakis J. An algebraic framework for urgency[J]. Information and Computation, 2000, 163(1): 172-202
- [15] Boyer M, Roux O H. On the Compared Expressiveness of Arc, Place and Transition Time Petri Nets[J]. Fundamenta Informaticae, 2008, 88: 225-249