

# 基于 SPPSO 算法的时滞 HBV 模型的系统辨识研究

唐 晓<sup>1,2</sup> 吴志健<sup>1</sup>

(武汉大学软件工程国家重点实验室 武汉 430000)<sup>1</sup> (空军预警学院预警监视系 武汉 430000)<sup>2</sup>

**摘 要** 系统辨识是现代控制理论中的一个很活跃的分支。目前的系统辨识多采用二次规划等解析算法,不足之处在于可辨识的参数少、收敛慢、对参数的初值依赖大。随着智能控制领域研究的不断发展,非线性程度也就越来越高,一些经典的方法很难满足需要。而小种群粒子群算法(SPPSO)作为一种全局优化算法,易于实现,且收敛速度快,计算效率高,在处理数据量较大的大规模种群问题时可大大降低时间和资源的开销,因此在系统辨识特别是高度非线性、时滞系统中更具有意义。而这类复杂的系统在医学系统中具有典型性。所以将该算法用于求解时滞的乙型肝炎动力学模型有很好的研究价值和实用价值。

**关键词** 时滞的 HBV 动力学模型,非线性系统辨识,小种群粒子群优化算法

**中图分类号** TP312 **文献标识码** A

## Research on System Identification by SPPSO Programming for Time-delay HBV Model

TANG Xiao<sup>1,2</sup> WU Zhi-jian<sup>1</sup>

(State Key Lab of Software Engineering, Wuhan University, Wuhan 430000, China)<sup>1</sup>

(Department of Early Warning Surveillance Intelligence, Air Early Warning Academy, Wuhan 430000, China)<sup>2</sup>

**Abstract** Systems identification is an active research area of intelligent control theory. Existing algorithms like quadratic programming method can identify very limited parameter's number, has the limitations of stagnation and heavily dependent on initial values of the parameters. With the continuous development of the area of intelligent control, the degree of nonlinearity becomes higher and higher. But the method of nonlinear system identification has not formed a complete scientific theory system. Small population-based particle swarm optimization (SPPSO) is an optimization technique for locating the global optimum. SPPSO is easy to realize, quick convergence and effective. It can greatly reduce the time and resource costs in the processing of large data quantity of large-scale population problem. So, in system identification, especially in highly nonlinear and time-delay system it is more meaningful, and this kind of complex system is typical in medical system. SPPSO is used in solving time-delay hepatitis B virus dynamics (HBV) model. It has good research and practical value.

**Keywords** Time-delay Hepatitis B Virus dynamics model, Nonlinear systems identification, SPPSO

## 1 HBV 的数学模型

乙型病毒性肝炎(乙肝)是由乙肝病毒(HBV)感染所引起的病毒性疾病,是对世界人民健康危害最严重的传染病之一。

随着医疗技术的发展以及人类对各种传染病研究的深入,人们尝试构建一些数学模型来解释 HBV 感染的动力学机制。不同于传统的分析手段,在充分分析乙肝病毒、肝细胞和人体免疫系统相互作用机理的基础上,建立 HBV 动力学模型,模拟仿真 HBV 的感染和治疗过程,突破传统实验手段的单一性研究,将 HBV 和人体作为一个复杂系统来研究,以反映乙肝的感染和致病机理。以乙肝患者的临床检测数据和 HBV 动力学模型为基础,采用参数辨识技术,确定乙肝病毒和免疫系统的关键动力学参数,重现患者体内 HBV 感染及

免疫反应的过程,全面评估患者的肝脏损伤,辅助临床诊断及患者个性化治疗方案的制定。

### 1.1 HBV 动力学模型国内外发展动态

数学模型是近些年发展起来的新学科,是数学理论与实际问题相结合的一门科学。随着医疗技术的发展以及人类对各种传染病研究的深入,人们尝试构建一些数学模型来解释 HBV 感染的动力学机制。1980 年, Marchuk 将 Lotka-Volterra 方程引入体液免疫反应中,研究并建立了体液免疫模型<sup>[1]</sup>。1996 年, Nowak 建立了病毒动力学基本方程<sup>[2,3]</sup>,这也是病毒动力学模型获得的一个突破性进展。1997 年, Zeuzem 在 Nowak 的研究基础上对模型进行改进,将其简化为单指数模型<sup>[4]</sup>。1999 年, Tsiang 作出了进一步的修改<sup>[5]</sup>。2007 年, Perelson 将人体免疫系统的反应方程加入到 HBV 数学模型中,用于对急性乙型肝炎的感染和治疗过程进行解释<sup>[6,7]</sup>。

到稿日期:2012-04-26 返修日期:2012-07-25 本文受国家自然科学基金项目(61070008)资助。

唐 晓(1983-),女,博士生,讲师,主要研究方向为智能算法,E-mail:tangxiao0130@163.com;吴志健(1963-),男,博士,教授,主要研究方向为智能算法、并行计算。

在我国,2004年,闵乐泉等学者在 Nowak 模型的基础上针对我国慢性乙型肝炎高发这一特点,通过对慢性乙肝患者实际的临床数据进行拟合,进一步探讨了 HBV 的致病机理以及抗病毒药物对其治疗的效果<sup>[8]</sup>。以 Nowak 基本模型、HBV 和人体免疫系统相互作用的医学机理为基础,我们建立了如下 HBV 动力学模型<sup>[9]</sup>,如式(1)所示:

$$\begin{cases} \frac{dX}{dt} = F(N)X - d_1X - b_1XV + k_1YZ \\ \frac{dY}{dt} = F(N)Y + b_1XV - d_1Y - (k_1 + k_2)YZ \\ \frac{dV}{dt} = k_3Y - d_3V \\ \frac{dZ}{dt} = (g_4 + k_4YZ)\left(1 - \frac{Z}{Z_{\max}}\right) - d_4Z \\ \frac{dALT}{dt} = k_5(d_1X + d_1Y + k_2YZ) - d_5ALT \\ F(N) = d_1/N^5 \\ N = X + Y \end{cases} \quad (1)$$

模型中的变量设置如下:  $X$ : 健康肝细胞的数量;  $Y$ : 感染肝细胞的数量;  $V$ : 血清中游离的 HBV 病毒数量;  $Z$ :  $T$  细胞,即 CTL 的含量; ALT: 丙氨酸转氨酶的含量;  $F(N)$ : 肝细胞增殖函数。参数设置如下:

$d_1$ : 肝细胞死亡率;  $b_1$ : 病毒感染细胞能力;  $k_1$ : 细胞毒性  $T$  细胞(CTL)非溶融效应能力;  $k_2$ : 细胞毒性  $T$  细胞(CTL)溶融效应能力;  $k_3$ : 病毒复制能力;  $d_3$ : 病毒死亡率;  $g_4$ : 无刺激时 CTL 产生量;  $k_4$ : 受刺激时 CTL 增殖率;  $d_4$ : CTL 死亡率;  $k_5$ : ALT 产生速度;  $d_5$ : ALT 分解代谢速度。

## 1.2 时滞的 HBV 动力学模型

时滞系统的辨识和控制是经常遇到的问题。由于时滞的存在,使得被控量不能及时反映系统所承受的扰动,产生明显的超调,调节时时间变长,控制难度加大。尤其是当被控对象包含不稳定环节时,更加难于控制。

在数学领域中,时滞微分方程,或延时微分方程(DDE)是一类微分方程,其中未知函数在确定时刻的导数由先前时刻的函数所决定。

对于  $x \in R^n$ , 时滞微分方程的一般形式是:

$$\frac{d}{dt}x(t) = f(t, x(t), x_\tau)$$

式中,  $x_\tau = \{x(\tau): \tau \leq t\}$  表示过去时间的解轨道。在这个方程中,  $f$  是一个从  $R \times R^n \times C^1$  到  $R^n$  的泛函算子。

时滞微分方程通常用分步的方法求解。例如考虑具有单一时滞的时滞微分方程  $\frac{d}{dt}x_i = f(x(t), x(t-\tau))$  及初始条件  $\phi: [-\tau, 0] \rightarrow R^n$ , 那么该微分方程在区间  $[0, \tau]$  上的解  $\phi(t)$  就是非齐次初值问题  $\frac{d}{dt}\phi(t) = f(\phi(t), \phi(t-\tau))$  且  $\phi(0) = \phi(0)$  的解。这样就可以利用前面区间的解作为非齐次项一步步求得整个区间上的解。在实际的计算中,初值问题通常采用数值计算。

通过该模型(1)可以模拟仿真出患者 HBV 的各个指标的走向。但是为了更好地符合实际情况,人体内的免疫反应并不是实时的,在一些地方种存在一定的时滞,考虑到  $T$  细胞在受到 HBV 抗原刺激时,并不是马上受到影响,而是有一个时滞  $\Gamma$ <sup>[10]</sup>, 所以得到的时滞模型如式(2)所示:

$$\begin{cases} \frac{dX}{dt} = F(N)X - d_1X - b_1XV + k_1YZ \\ \frac{dY}{dt} = F(N)Y + b_1XV - d_1Y - (k_1 + k_2)YZ \\ \frac{dV}{dt} = k_3Y - d_3V \\ \frac{dZ}{dt} = (g_4 + k_4Y(t-\tau)Z(t-\tau))\left(1 - \frac{Z}{Z_{\max}}\right) - d_4Z \\ \frac{dALT}{dt} = k_5(d_1X + d_1Y + k_2YZ) - d_5ALT \\ F(N) = d_1/N^5 \\ N = X + Y \end{cases} \quad (2)$$

本文将时滞的 HBV 系统进行辨识。而如何确定乙肝病毒和免疫系统的关键动力学参数则要采用系统辨识技术。传统的系统辨识方法以脉冲响应、极大似然法以及最小二乘法为基础。但是传统的辨识方法主要是建立在线性系统辨识的基础上,对于非线性系统的辨识,这些方法可辨识的参数少,收敛慢,且对参数的初值依赖大。而小种群粒子群优化算法在求解不可微的高度非线性优化问题上效果很好,所以在这里采用小种群粒子群优化算法来求解这样的一个非线性问题。

## 1.3 国内外医学辨识的研究动态

系统辨识是现代控制理论中一个很活跃的分支。系统辨识是建模的一种方法,对于不同的学科领域有着不同的数学模型。而不同的学科的发展过程就是建立它的数学模型的过程。

经典的系统辨识的发展已经比较成熟和完整,包括:阶跃响应法、脉冲响应法、频率响应法、相关分析法、谱分析法、最小二乘法和极大似然法等。随着科学技术的进步与发展,系统逐步由线性系统转向非线性系统。从而经典的系统辨识方法对于那些有着很多不确定性的复杂系统已经无法得到令人满意的结果。所以,随着智能控制领域研究的不断发展,非线性程度也就越来越高,但是非线性系统辨识还没有构成完整的科学体系。尤其是在医学系统中,非线性系统尤为典型。在这里采用智能算法小种群粒子群算法实现这一非线性系统辨识问题。

目前医学系统辨识也得到了越来越多的重视。Lennart Ljung 和 Oliver Nelles, Audoly, S 和 Cobelli, C. 研究了线性房室模型的全局辨识<sup>[11]</sup>。Audoly, S. 和 Cobelli, C. 研究了生物系统的非线性模型的全局辨识问题<sup>[12]</sup>。Bonhoeffer, S. 和 De Boer, R. J. 利用病毒的时间序列数据进行模型参数的估计<sup>[13]</sup>。Xia, X. 和 Moog, C. H. 对 HIV/AIDS 模型进行了辨识<sup>[14]</sup>。Huang, Y. 和 Wu, H. 用贝叶斯方法估计感染过程的模型参数<sup>[15]</sup>。Brandon F. Keele 和 Alan S. Perelson 等对早期发现的 HIV-1 病毒提取了特征并进行系统辨识<sup>[16]</sup>。Miao, H., Alan S. Perelson 和 Hulin Wu 对用流式细胞仪测量的 HIV-1 进行了建模并估算了动力学参数<sup>[17]</sup>。Ha YounLee 和 Alan S. Perelson 对急性 HIV-1 建模序列演化的感染过程建立了模型。Miao, H. Perelson, A. S. 和 Wu, H. 研究了应用于病毒动力学的非线性常微分方程组的辨识问题<sup>[18]</sup>。Avi-dan U. Neumann 和 Nancy P. Lam 等研究了应用于对动态的丙型肝炎病毒和抗病毒对干扰素的影响及病毒下降的分析疗法的数学模型<sup>[19]</sup>。

## 2 小种群粒子群优化算法

小种群粒子群算法 (Small Population-based Particle

Swarm Optimization, SPPSO)易于实现,且收敛速度快,计算效率高。而 HBV 动力学模型系统辨识需处理的数据量较大,而较大规模的种群规模会增加时间和资源的开销,采用小种群粒子群算法会大大降低时间和资源的开销,更适合实际应用问题的应用。

SPPSO 最初来源于微遗传算法<sup>[20]</sup>,后来很快地被引入到粒子群(PSO)算法中。不同于 PSO 算法,SPPSO 不需要大规模的种群个数,该算法只需要几个粒子即可求解复杂系统辨识问题。SPPSO 算法从增强种群多样性和提高算法收敛性两个方面对传统的 PSO 算法进行改造,具体包括引入了变异操作、DE 加速操作和迁徙操作。其中,变异操作的作用是用于增强小种群的多样性,其具体方式是改变粒子飞行向导的选择;DE 加速操作的作用是加速收敛速度,其具体方式是提升搜索过程;迁徙操作则用来减少因小种群而带来的种群多样性的受损。

#### 变异操作

SPPSO 的变异操作作用于粒子飞行向导的选择上,引入变异操作后。粒子速度更新的公式如式(3)所示:

$$v_{id}^{k+1} = wv_{id}^k + c_1 r_1 (plead(i)_j^k - x_{ij}^k) + c_2 r_2 (glead(i)_j^k - x_{ij}^k) \quad (3)$$

$$i=1,2,\dots,n_p; j=1,2,\dots,N$$

式中,  $glead(i)_j^k$  和  $plead(i)_j^k$  分别表示在第  $k$  次迭代中粒子  $i$  的种群最优和个体最优向导的第  $j$  维位置。

#### DE 加速操作

当种群的最好的适应度值在连续多次迭代没有明显提高时,执行该加速操作,将其作用于种群最优个体上。

#### 迁徙操作

SPPSO 算法收敛速度快,且采用的是小种群,因此可以大大降低时间和资源的开销,但该算法容易陷入局部最优。所以在解决这样一个问题时,应在迭代中保证种群的多样性。SPPSO 算法采用迁徙操作从本质上来讲是一种重新初始化的操作,但与一般的操作不同,它不按照固定的频率执行,而是当种群多样性降低到某一个程度时才开始执行。

### 3 基于 SPPSO 的时滞的 HBV 系统辨识的求解算法

以时滞的 HBV 动力学模型所需辨识的参数为决策标量,SPPSO 算法所涉及的种群的第  $i$  个个体  $X_i = [k_{1i}, k_{2i}, k_{3i}, k_{4i}, k_{5i}, b_{1i}, g_{4i}]$ ,而该算法的目标就是,找到一个解  $X^*$  使之满足:仿真时滞的 HBV 动力学模型后所得的数据与实际所测数据最接近。

Step1 设置参数,初始化种群。

Step2 求初始种群的适应值,并求得该初始值中最好的适应值。适应度值函数如式(4)所示。

$$fitness = \sum_{i=1}^{n=N} \left( \frac{V'_i - V_i}{V_i} \right)^2 \quad (4)$$

式中,  $V'_i$  表示将种群的个体值代入时滞的 HBV 动力学模型中,所仿真出的个体  $i$  在  $t$  时刻的血清中游离的时滞的 HBV 病毒的数量,  $V_i$  表示实际测量的在  $t$  时刻的血清中游离的时滞的 HBV 病毒的数量。该适应度值越小,就证明通过该算法辨识出的参数越符合实际数据。

Step3 根据变异操作来为每个个体提供飞行向导,并按式(3)对每个粒子的飞行速度进行更新。

Step4 按式(4)评价种群中所有个体的适应度值。

Step5 将所得到的所有个体适应度值与该个体历史最好适应度值相比较,如果该个体适应度值优于历史最好适应度值,则更新历史最好适应度值;将所有个体历史最好适应度值中最优的那个值与群体当前最好值相比较,如果优于群体当前最好值,则更新群体当前最好值。

Step6 如果连续多代适应度值都没有明显提高,则执行 DE 加速操作,直至种群最好、有明显的改善或者达到一定的加速次数。

Step7 计算种群聚集程度,若达到不能容忍的值则执行迁徙操作。

Step8 判断是否达到最大迭代次数,若达到了则转到 Step9,若没达到则转向 Step3。

Step9 打印输出种群最优解,并以图像形式显示出。算法结束。

### 4 仿真实验

在这里我们引入时滞的 HBV 动力学模型的辨识仿真技术,以乙肝患者的临床生化检测数据为辨识的依据,利用辨识技术得到与患者对应的时滞的 HBV 动力学模型中反映各项能力的关键参数,即  $k_1, k_2, k_3, k_4, k_5, b_1, g_4$ 。通过 SPPSO 优化算法对该模型进行仿真,可重现当前患者体内 HBV 感染情况和肝脏细胞的损伤情况。这样就可以通过该技术预测当前趋势下,未来患者病情的发展情况,以帮助医生对患者当前情况做出准确而全面的评估。

我们在武汉市地区乙型肝炎患者临床检测数据的基础上,对这些样本加以筛选和处理,下面将通过具体乙型肝炎患者的辨识仿真结果加以说明。

该数据是采集的一位乙肝病人的实际数据,时间间隔为 1 周,连续观察 2 年,辨识结果如图 1 所示。

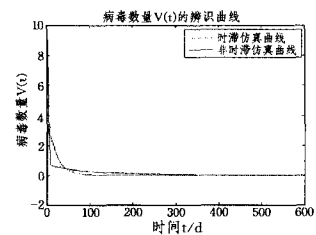


图 1 病毒数量辨识结果与测试结果对照图

辨识的结果为:  $k_1 = 3.1724e+005; k_2 = 1.6639e+004; k_3 = 811.9738; b_1 = 9.9122e-005; k_4 = 20; k_5 = 1.6288e+003; g_4 = 1.0100e-007$ 。

图 1 中的两条曲线分别代表通过 SPPSO 算法辨识出的乙肝病毒数量的曲线图以及实际测得的病人每个时刻的乙肝病毒含量。从图中可以看出两个曲线因为时滞的原因在刚开始的时候存在误差,但在后面趋于吻合,其原因是人体内的免疫反应并不是实时的,有时会有一个延时,所以在病毒感染初期,人体的免疫并没有完全反应,所以在前期会比非时滞的病毒含量高,而当免疫系统完全反应后,两条曲线就趋于吻合了。这就很好地反映出有时滞时系统的变化趋势。将辨识出的参数代入该模型中可以仿真出健康肝细胞的数量函数  $X(t)$ ; 感染肝细胞的数量函数  $Y(t)$ ; T 细胞,即 CTL 的含量函

数  $Z(t)$ ; 丙氨酸转氨酶的含量函数  $ALT(t)$  这几个关键指标的发展趋势, 从而有效地反映出病人的病情发展情况, 并且对比时滞和非时滞各个函数的变化趋势。时滞系统的各重要指标的仿真图如图 2 所示。

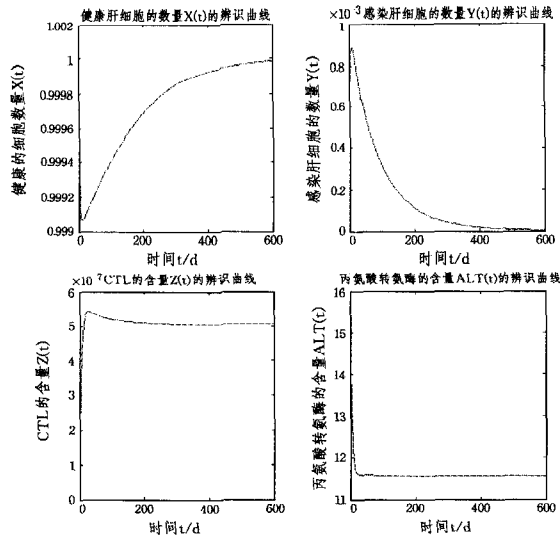


图 2 时滞系统的各重要指标的仿真图

该病人的仿真结果如图 2 所示。4 张图片分别展示了病人体内健康肝细胞、感染肝细胞、T 细胞(CTL)含量和丙氨酸转氨酶(ALT)含量的变化发展曲线。健康肝细胞从发病初的 99.9991% 持续缓慢增长, 到 600 天左右达到了稳定状态的 100%。感染肝细胞从发病初的占到肝细胞总量的 0.08%, 到 600 天左右达到了稳定状态的 0% 左右。HBV DNA 含量从发病初的  $0.7644 \times 10^{11}$  copies/ml, 到第 595 天时达到了稳定状态的  $0.0045 \times 10^{11}$  即  $0.45 \times 10^8$  copies/ml 左右。T 细胞数量在发病初, 由于体内免疫反应有一定的延迟, 因此有一个上升趋势, 随后免疫系统反应剧烈, T 系统数量有所下降。此时随着免疫反应的缓和, 丙氨酸转氨酶(ALT)含量由于发病初肝细胞损伤最为剧烈, 达到了峰值为 16, 此后下降到了 11.5。

在全面分析了病人的病情之后, 我们发现, 该病人是急性肝炎患者, 在发病后及时治疗, 服用抗 HBV 药物后, 病人体内的 HBV DNA 含量得到了有效的控制。通过仿真结果可以看出, 到发病时 600 天左右, 病人甲体内的健康肝细胞、感染肝细胞、HBV 含量、CTL 含量已经降到了一个正常范围。证明此次治疗对该病人病情控制很有效果。

该算法的收敛速度很快, 如图 3 所示, 该算法在迭代到 10 代的时候适应度值就开始逐渐下降, 到第 80 代后就收敛了。

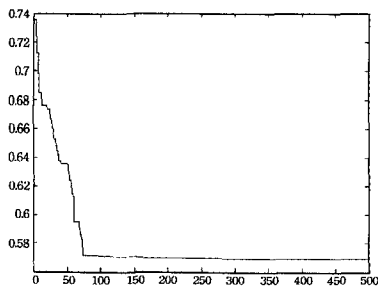


图 3 适应度曲线图

该算法对非时滞的 HBV 系统辨识很有效, 更符合实际情况, 有很强的临床应用价值。

**结束语** 本文首次尝试利用 SPPSO 优化算法去解决时滞的 HBV 动力学模型系统辨识问题, 并取得了良好的效果, 该方法适用于实际情况, 收敛快, 效果好, 对参数的初值依赖不大, 对时滞的 HBV 动力学模型的辨识有很强的实用价值。SPPSO 算法同样也适合求解其他非线性系统辨识问题, 具有广泛的应用价值。

## 参考文献

- [1] Marchuk G I. Mathematical models in immunology [M]. Moscow: Nauka Press, 1980
- [2] Bonhoeffer S, May R M, Nowak M A, et al. Virus dynamics and drug therapy [C] // Proc. Natl. Acad. Sci. vol. 94, USA, 1997: 6971-6976
- [3] Nowak M A, Bonhoeffer S, Hill A M, et al. Viral dynamics in hepatitis B virus infection [C] // Proc. Natl. Acad. Sci. Vol. 93, USA, 1996: 4398-4402
- [4] Zeuzem S D, Roth R A, Schalm W K. Dynamics of hepatitis B virus infection in vivo [J]. Hepatology, 1997, 42: 431-436
- [5] Tsiang M, Rooney J F, Gibbs C S. Biphasic clearance kinetics of hepatitis B virus from patients during adefovir dipivoxil therapy [J]. Hepatology, 1999, 29: 1863-1869
- [6] Ciupea S M, Ribeiro R M, Perelson A S, et al. Modeling the mechanisms of acute hepatitis B virus infection [J]. J Theo Biol, 2007, 247(1): 23-35
- [7] Perelson A S, Ribeiro R M. Hepatitis B virus kinetics and mathematical modeling [J]. Semin Liver Dis. , 2004, 24: 11-16
- [8] 苏勇美, 闵乐泉, 卓新建, 阿德福韦抗乙型肝炎病毒感染治疗动力学模型 [J]. 北京科技大学学报, 2007, 29: 647-650
- [9] Long Chang-jiang, Qi Huan, Huang Sheng-hu. Mathematical Modeling of Cytotoxic Lymphocyte-Mediated Immune Response to Hepatitis B Virus Infection [J]. Journal of Biomedicine and Biotechnology, 2008, 2008: 23
- [10] Ciupea M, Ribeiro R M, Nelson P W, et al. Perelson Modeling the mechanisms of acute hepatitis B virus infection Stanca [J]. Journal of Theoretical Biology, 2007, 247: 23-35
- [11] Audoly S, D'Angio L, Saccomani M P, et al. Global identifiability of linear compartmental models [J]. IEEE Trans. Biomed. Eng. , 1998, 45: 36-47
- [12] Audoly S, Bellu G, D'Angio L, et al. Global identifiability of nonlinear models of biological systems [J]. IEEE Trans. Biomed. Eng. , 2001, 48: 55-65
- [13] Bonhoeffer S, Barbour A D, De Boer R J. Procedures for reliable estimation of viral fitness from time-series data [J]. Proc. R. Soc. Lond. , 2002, B 269: 1887-1893
- [14] Xia X, Moog C H. Identifiability of nonlinear systems with applications to HIV/AIDS models [J]. IEEE Trans. Autom. Contr. , 2003, 48(2): 330-336
- [15] Huang Y, Liu D, Wu H. Hierarchical Bayesian methods for estimation of parameters in a longitudinal HIV dynamics [J]. Biometrics, 2006, 62: 413-423

表3 两种算法的结果比较

BLEU得分	参考集	测试集	平均值
立方剪枝算法	26.92	26.52	26.72
两轮解码算法	26.89	26.51	26.70

**结束语** 本文把串-树模型和层次短语模型的优点相结合实现了一个比较完整的统计机器翻译系统。首先词语对齐结果和句法约束冲突影响了翻译规则的质量和翻译系统的性能。本文提出基于短语结构树距离的 HMM 模型用于词语对齐,这种模型可以有效地减少词语对齐结果和句法约束现象,提高基于句法的翻译系统的性能。其次提出基于短语结构树的层次短语模型,这是利用串-树模型的思想对 Chiang 的层次短语模型的扩展。本文在双语对齐短语的基础之上结合英语短语结构树抽取翻译规则,并提出启发式规则用以获得翻译规则的扩展句法标记。这种扩展模型相比于层次短语模型在不同规模数据集上的性能更稳定,评测结果较高。此外在解码过程已给出可以处理非乔姆斯基范式翻译规则的 CYK<sup>+</sup> 算法,并给出了两轮解码算法来整合语言模型,这种算法与立方剪枝算法具有相近的解码质量,但是解码速度更快。

### 参考文献

- [1] Brown P F, Della Pietra S A, Della Pietra V J. The mathematics of statistical machine translation parameter estimation[J]. Computational Linguistics, 1993, 19(2): 263-311
- [2] Vogel S, Ney H, Tillmann C. HMM-based word alignment in statistical translation[C]//the 16th International Conference on Computational Linguistics Proceedings. 1996: 836-841
- [3] Och F J, Ney H. A systematic comparison of various statistical alignment models[J]. Computational Linguistics, 2003, 29(1): 19-51
- [4] Fox H J. Phrasal cohesion and statistical machine translation[C]// Proceedings of the 2002 conference on Empirical Methods in Natural Language Processing 2002. Philadelphia, USA, 2002: 304-311
- [5] Och F J. The Alignment Template Approach to Statistical Machine Translation[J]. Computational Linguistics, 2004, 30(4): 417-449
- [6] Och F J, Ney H. Discriminative training and maximum entropy models for statistical machine translation[C]// 40th Annual Meeting of the Association for Computational Linguistics. Philadelphia, 2002: 295-302
- [7] Wu De-kai. Stochastic inversion transduction grammars and bi-

lingual parsing of parallel corpora[J]. Computational Linguistics, 1997, 23: 377-404

- [8] Chiang D. Hierarchical phrase-based translation [J]. Computational Linguistics, 2007, 33(2): 201-228
- [9] Chiang D. Learning to translate with source and target syntax [C]//Proceedings of ACL 2010. 2010: 1443-1452
- [10] Yamada K, Knight K. A syntax-based statistical translation model[C]//39th Annual meeting of the Association for Computational Linguistics and 10th Conference of the European Chapter of ACL 2001. Toulouse, France, 2001: 523-530
- [11] Galley M, Hopkins M, Knight K, et al. What's in a translation rule[C]// Human Language Technology Conference and North American Chapter of the Association for Computational Linguistics annual meeting 2004. Boston, USA, 2004: 273-280
- [12] Galley M, Graehl J, Knight K, et al. Scalable inference and training of context-rich syntactic translation models[C]// Proceedings of the 21st International Conference on Computational Linguistics and 44th Annual Meeting of the Association for Computational Linguistics 2006. Sydney, 2006: 961-968
- [13] Liu Yang, Liu Qun, Lin Shou-xun. Tree-to-string alignment template for statistical machine translation[C]// Proceedings of the 21st International Conference on Computational Linguistics and 44th Annual Meeting of the Association for Computational Linguistics 2006. Sydney, 2006: 609-616
- [14] Zhang J, Zhai F, Zong C. Augmenting string-to-tree translation models with fuzzy use of source-side syntax[C]// Proceedings of EMNLP 2011. 2011: 204-215
- [15] Melamed I D. Multitext grammars and synchronous parser [C]// International Conference Combining Human Language Technology Conference Series and the North American Chapter of the Association for Computational Linguistics Conference series 2003. Edmonton, Canada, 2003
- [16] Koehn P, Hoang H, Birch A, et al. Moses: Open source toolkit for statistical machine translation [C] // Proceedings of ACL2007. 2007: 177-180
- [17] Och F J. Minimum error rate training in statistical machine translation[C]// 41st Annual Meeting of the Association for Computational Linguistics 2003. Sapporo, Japan, 2003
- [18] Stolcke A. SRILM-An Extensible Language Modeling Toolkit [C]// Proceedings of International Conference of Spoken Language Processing 2002. Denver, Colorado, 2002
- [19] 姜巍. 短语结构树在汉英统计机器翻译中的应用研究[D]. 北京:清华大学, 2009

(上接第 213 页)

- [16] Keele B F, Giorgi E E, Salazar-Gonzalez J F, et al. Identification and characterization of transmitted and early founder virus envelopes in primary HIV-1 infection[J]. Proc. Nat. Acad. Sci. USA, 2008, 105(21): 7552-7557
- [17] Miao Hong-yu, Xia Xiao-hua, Perelson A S, et al. On Identifiability of Nonlinear ODE Models and Applications in Viral Dynamics[J]. Society for Industrial and Applied Mathematics, 2011, 53(1): 3-39
- [18] Miao Hong-yu, Xia Xiao-hua, Perelson A S, et al. On Identifi-

ability of Nonlinear ODE Models and Applications in Viral Dynamics [J]. Society for Industrial and Applied Mathematics, 2011, 53(1): 3-39

- [19] Neumann A V, Lam N P, Dahari H, et al. Hepatitis C Viral Dynamics in Vivo and the Antiviral Efficacy of Interferon- $\alpha$  Therapy[J]. Science, 1998, 282: 103-107
- [20] Bakare G A, Venayagamoorthy G K, Aliyu U O. Reactive power and voltage control of the Nigerian grid system using micro-genetic algorithm[C]// IEEE Power Engineering Society General Meeting. 2005: 1916-1922