

# 生物医学事件触发词识别研究\*

张仲华, 苏方方, 姬东鸿

(武汉大学 计算机学院, 武汉 430072)

**摘要:** 触发词的识别是生物医学事件抽取的一个关键步骤。传统的采用字典或规则的方法过于依赖字典或规则的建立,一般的机器学习方法则需设计复杂的特征,而且大多数系统采用串行方法会导致错误的传播。从算法和整体流程两个维度进行优化,采用了基于神经网络的事件触发词识别和事件类型判别联合结构预测模型,既简化人工干预,又减少错误传播。实验结果表明提出的方法取得了很好的性能,为生物事件抽取奠定了可靠的基础。

**关键词:** 生物事件; 触发词; 神经网络; 感知机; 联合模型

**中图分类号:** TP391.1      **文献标志码:** A      **文章编号:** 1001-3695(2017)03-0661-04

**doi:**10.3969/j.issn.1001-3695.2017.03.005

## Research on identification of biomedical event trigger

Zhang Zhonghua, Su Fangfang, Ji Donghong

(School of Computer, Wuhan University, Wuhan 430072, China)

**Abstract:** The trigger identification is a key step in the biomedical event extraction. The traditional method based on dictionary or rules are too dependent on the establishment of a dictionary or rules, while general machine learning methods need to design complex features, even most systems that adopt the serial method lead to the error propagation. From two dimensions of algorithm and the whole process to optimize, the system used a joint structure prediction model of event trigger identification and event type determination based on neural network. It simplified the manual intervention, and reduced error propagation. The evaluation shows that this proposed approach achieves good performance, which lays the reliable foundation of the biomedical event extraction.

**Key words:** biomedical event; trigger; neural network; perceptron; joint model

随着近年来生物医学研究的不断推进,生物医学文献也飞速增加。从生物文献中抽取数据也成为生物自然语言处理(BioNLP)领域的重要研究课题。在生物医学领域内,做好事件触发词的识别是事件抽取中比较关键的一步,有必要对生物医学事件触发词的识别进行深入研究。其中,在生物事件抽取方面,影响越来越大的是系列 BioNLP 共享任务(BioNLP-ST)<sup>[1-4]</sup>,该任务定义了九类生物事件,并提供了训练、开发和测试数据集。所有数据集都提供了蛋白质标注,训练和开发数据集提供了生物事件标注,任务要求对测试数据集抽取生物事件。这几年,针对该共享任务已经有一些生物事件抽取方法被提出,其中很重要的一种方法是串行分步法。该方法的基本策略就是先识别出事件的触发词,然后确定触发词的论元。生物医学事件触发词识别在生物医学事件抽取中处于关键的一步,它所识别的触发词将是事件元素识别的基础,是整个事件的核心。

在触发词识别中,还需将触发词的类别进行识别,这里触发词的类别也就是整个事件的类别。如果触发词识别有误,下面的工作也就失去了意义。所以,做好触发词识别是进行生物医学事件抽取的关键。

## 1 相关工作

到目前为止,生物医学事件抽取任务已成功举办三次,分

别为 BioNLP2009、BioNLP2011 和 BioNLP2013。在 BioNLP-ST 中,一个生物事件由一个触发词和一个或者多个要素组成。三次共享任务提出的方法与系统中,无论是分阶段系统(UTurku 系统<sup>[6]</sup>、TEES 2.1 系统<sup>[7]</sup>、EVEX 系统<sup>[8]</sup>、EventMine 系统<sup>[9]</sup>等)还是联合系统(曼彻斯特大学的 UMass 系统<sup>[10]</sup>、FAUST 系统<sup>[11]</sup>等),进行事件抽取至少需要触发词识别和要素识别。因此事件抽取的首要任务即是触发词识别或者预测,触发词识别一要检测某个词是否是触发词,二要确定它的类型,触发词识别的性能对事件抽取的最终性能有非常大的影响。

从相关的文献来看,触发词的识别方法主要分为三种:基于统计/词典的方法<sup>[12,13]</sup>、基于规则的方法<sup>[14,15]</sup>和基于机器学习方法<sup>[16-18]</sup>。Buyko 等人<sup>[12]</sup>在触发词识别阶段采用基于字典的方法,首先从原始的生物事件语料中构建字典,人工统计出句子或文本中的所有触发词,再与给定语料进行相关的匹配,通过过滤等建立一个较完整的触发词字典。该方法召回率最高可达到 50.4%,但它是一种典型的经验性方法,受限于字典的建立,此方法并不能保证统计结果和测试结果的正确性,因而准确率较低只有 47.5%,在 BioNLP2009 上的  $F$  值仅有 46.66%。Cohen 等人<sup>[14]</sup>在触发词识别阶段采用本体驱动的语义解析并人工添加规则,该方法准确率可以高达 71.8%,但是召回率仅有 13.5%, $F$  值只有 22.7%;而且该本体的构建属于

收稿日期: 2016-01-27; 修回日期: 2016-03-10      基金项目: 国家自然科学基金资助项目(61202304)

作者简介: 张仲华(1989-),男,湖北大冶人,硕士,主要研究方向为自然语言处理、事件抽取(zhonghuacheung@163.com); 苏方方(1986-),女,博士研究生,主要研究方向为自然语言处理、生物信息处理; 姬东鸿(1967-),男,博导,博士,主要研究方向为自然语言处理、信息检索。

领域知识体系,比较耗时耗力,方法的性能也比较依赖于规则的覆盖率,因而可移植性极差。WSD 系统<sup>[18]</sup>采取的一系列词义消歧方案在一定程度上解决了触发词识别过程中的歧义问题,但简单的逐个歧义词语列举仍然难以保证覆盖所有的触发词;另外 WSD 系统将所有特征等同作用在触发词分类模型上,最终分类性能提高不够明显。共享任务中,生物医学事件抽取主要是机器学习方法。基于机器学习的触发词识别能够基于训练集进行自动学习,它主要利用特征集训练触发词识别分类器,从而把触发词的识别问题转换为分类问题。机器学习方法引进了自动化模式,大大节省了人力物力的投入。一般的基于机器学习方法如采用支持向量机、条件随机场或是最大熵模型都需要设计比较复杂的特征。随着近年来机器学习的广泛应用,深度神经网络模型在一些自然语言处理任务中也取得了很好的效果。Li 等人<sup>[19]</sup>采用神经网络模型训练词向量作为基本特征用于生物事件抽取为人们简化特征设计提供了新方向。

从事件抽取流程的整体框架来看,主要分为基于串行的事件识别框架和基于协同的事件识别框架<sup>[20]</sup>,而大多数系统都是采用串行方法,即先识别出触发词,再识别相关论元,该方法在一定程度上会造成错误的传播。Poon 等人<sup>[20]</sup>首次提出基于马尔可夫链的触发词和论元联合识别的协同模型,该方法一定程度上避免了触发词识别有误,继而导致论元识别有误的错误传播现象,在开发集上的  $F$  值可以达到 55.5%。

目前将触发词识别作为一个独立问题研究的还比较少见,因此正式公布的触发词识别阶段的实验数据很少。但从事件抽取的方法可见基于字典或规则的方法比较耗时耗力,机器学习方法是主流方法。文献<sup>[21,22]</sup>使用神经网络模型用于句子的依存句法分析,仅设计一些基本特征就取得了很好的效果。鉴于句子的依存分析和触发词识别都可以看做一个句子序列标注问题,因而考虑使用基于神经网络的机器学习方法来识别触发词;而从结构上来看,为了减少错误的传播,应当采用触发词识别及其类型判别的联合预测模型。本文将采用基于神经网络的触发词识别和事件类型判别联合结构预测模型对生物医学事件抽取中的触发词识别进行研究,并在公共评测语料 BioNLP-ST 2009 上对本文提出的触发词识别方法进行评价,同时与其他方法进行比较。

## 2 模型及算法描述

### 2.1 触发词识别描述

在生物事件抽取中需要先识别出触发词;在识别触发词之后,基于找到的这些触发词可以进行事件抽取。触发词识别一要识别某个词是否是触发词,二要判别它的类型。

根据 BioNLP-ST 2011<sup>[2,3]</sup>,触发词是一些能够表征事件的单词,共有九种事件类型,分别是简单事件(基因表达(gene expression)、转录(transcription)、蛋白质分解代谢(protein catabolism)、磷酸化(phosphorylation)、定位(localization));绑定事件(binding)和复杂事件(调控(regulation)、正向调控(positive regulation)和负向调控(negative regulation))这九种事件类型。每个事件都会对应一个事件触发词,并依据事件类型的不同具有不同的事件元素。这些事件类型是依据蛋白质不同作用进行划分的,例如,一个 gene expression 事件主要是描述一个蛋白质基因表达的活动,其事件元素只有主题(theme)。只有一个事件元素的前五种事件类型被定义为简单事件;而后面四种

事件类型比较复杂,binding 类型的事件可以有多个主题,而后三种事件不仅有多个事件元素,还可能嵌套其他事件。如句子“Leukotriene B4 stimulates c-fos and c-jun gene transcription.”生物事件触发词识别的结果是(trigger: stimulates; type: Positive\_regulation 和 trigger: transcription; type: Transcription)。

### 2.2 神经网络模型

本方法涉及两个神经网络模型,一方面 Li 等人<sup>[19]</sup>采用神经网络模型训练词向量作为基本特征用于生物事件抽取为简化特征设计提供了新方向,该方法比较了词袋模型和词向量模型,展现了词向量的优势,但因用于训练词向量的语料较小, $F$  值也只有 47.3%。通过分析已有语料发现,这些语料均来源于 PubMed 数据库,故从该数据库下载大量相关的生物医学文献和已有语料一起作为训练语料,采用 word2vec<sup>[23]</sup> 工具利用 skip-gram 神经网络模型训练得到词向量表。词向量很好地表现了语义特征。

另一方面文献<sup>[21,22]</sup>使用神经网络模型用于句子的依存句法分析,仅设计一些基本特征就取得了很好的效果。鉴于句子的依存分析和触发词识别都可以看做一个句子序列标注问题,因而考虑使用神经网络模型来识别触发词。采用反馈神经网络,包括输入层、隐层和 Softmax 层。输入层是相应特征向量的合并。设计原子特征词向量特征  $\mathbf{x}^w$ 、词性特征  $\mathbf{x}^l$ 、依存特征  $\mathbf{x}^d$  等,其中

$$\mathbf{x}^w = [\mathbf{e}_{w1}^w, \mathbf{e}_{w2}^w, \dots, \mathbf{e}_{wn_w}^w] \quad (1)$$

其中: $n_w$  是每句话的单词总数, $\mathbf{e}_{wi}^w$  是句中第  $i$  个单词的词向量表示, $\mathbf{x}^l$ 、 $\mathbf{x}^d$  的表示类似。则输入层表示为 $[\mathbf{x}^w; \mathbf{x}^l; \mathbf{x}^d]$ 。这里词向量特征  $\mathbf{x}^w$  通过预处理事先得得到,而词性特征  $\mathbf{x}^l$ 、依存特征  $\mathbf{x}^d$  则先随机初始化,再根据反馈神经网络得到。

隐层通过立方激励函数组合向量特征,其输入为

$$h = (W_1 \mathbf{x} + b_1)^3 \quad (2)$$

也就是

$$h = (W_1^w \mathbf{x}^w + W_1^l \mathbf{x}^l + W_1^d \mathbf{x}^d + b_1)^3 \quad (3)$$

其中: $b_1$  是偏置量。之所以设计立方激励函数是为了能够自动组合原子特征,而且单独的词向量特征不能表现特定语境中上下文信息,通过立方激励函数,既能丰富特征组合,也添加了特定语境中的上下文特征,使其更加合理。

把事件类型判别当做一个多分类问题,Softmax 层用于计算属于各事件类型的概率大小。

$$p = \text{softmax}(\sigma) \quad (4)$$

其中

$$\sigma = W_2 h \quad (5)$$

鉴于当前还没有将神经网络模型作为事件触发词识别的整体框架的成熟算法,但触发词识别和依存分析既然都能看做句子序列标注问题,使用反馈神经网络模型用于触发词识别亦是一种尝试,性能也值得期待。后续将考虑使用更为复杂的卷积神经网络、递归神经网络等模型。

### 2.3 结构预测模型

对于给定的句子  $x$ ,结构预测的目标是通过训练好的模型参数  $w$  找到该句最可能的各单词所属事件类型的序列  $z$ :

$$z = \underset{y' \in Y(x)}{\operatorname{argmax}} w \cdot f(x, y') \quad (6)$$

其中: $y'$  是可能的序列; $f(x, y')$  是对应的特征函数; $w$  是通过在线学习算法得到。

训练算法每次迭代找到最好的  $z$ ,如果  $z$  不是正确的序列  $y$ ,则更新参数:

$$w = w + f(x, y) - f(x, z) \quad (7)$$

预测算法先要确定事件类型的候选集即九种触发词的事件类型以及非触发词类型共10种。预测的时候,依次考虑句中单词,如果当前词的事件类型不在候选集中则及时更新参数,否则根据打分函数保留 beamsize 个最可能的事件类型。该结构预测模型是通过集束搜索和提前更新策略来实现的不精确预测。

## 2.4 触发词识别模型

本文提出的基于神经网络的事件触发词识别和事件类型判别的联合结构预测模型,整个触发词识别系统流程如图1所示,该方法将触发词识别问题看做一个多分类及句子序列标注问题。Word2vec 采用大量生物文献生成词向量,实现了对生物文本中的词汇特征的泛化。选择词向量、词性等作为基本特征输入神经网络,进行自动特征组合,再通过 beam search 和 early update 感知机算法同步预测触发词及其类别,并及时更新网络参数。两部分有机结合,相互关联。

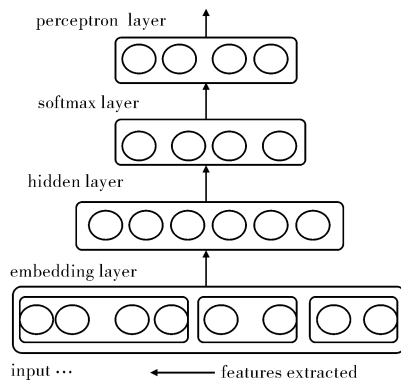


图1 系统框架

针对每个句子  $x$ , 神经网络参数为  $\theta$ , 那么对于该句子触发词类型判断的可能序列的概率可表示为

$$p(y_i | x, \theta) = \frac{e^{f(x, \theta)_i}}{\sum_{y_i \in \text{beam}(x)} e^{f(x, \theta)_i}} \quad (8)$$

其中:

$$f(x, \theta)_i = \sum_{a_k \in y_i} \sigma(x, y_i, k, a_k) \quad (9)$$

式(8)中  $\text{beam}(x)$  是指句子  $x$  在 beam 中所有预测到的可能序列和正确序列标注。式(9)中  $\sigma(x, y_i, k, a_k)$  表示针对给定的句子  $x$  和句中各单词所属事件类型的可能序列  $y_i$  而言第  $k$  个单词  $a_k$  属于某事件类型的神经网络得分。

给定训练数据  $(X, Y)$ , 训练的目标是最小化下面负的似然函数:

$$L(\theta) = - \sum_{(x_i, y_i) \in (X, Y)} \log p(y_i | x_i, \theta) = \quad (10)$$

$$- \sum_{(x_i, y_i) \in (X, Y)} \log \frac{e^{f(x_i, \theta)_i}}{Z(x_i, \theta)} = \quad (11)$$

$$- \sum_{(x_i, y_i) \in (X, Y)} \log Z(x_i, \theta) - f(x, \theta)_i \quad (12)$$

其中:

$$Z(x, \theta) = \sum_{y_j \in \text{beam}(x)} e^{f(x, \theta)_j} \quad (13)$$

整个触发词识别系统,以反馈神经网络模型为基础,在该基础上扩展了一个内嵌结构预测模型的感知机层。从算法层面来看,使用基于神经网络的机器学习方法既避免了类似基于字典或规则等方法的人力物力的投入,又不需要像一般的机器学习方法那样设计复杂的特征。从整体流程来看,触发词识别和事件类型判别的联合预测模型在一定程度上减少了基于串行结构的因触发词识别有误而导致事件类型判别有误的错误传播现象。

## 3 实验与评估

### 3.1 实验语料及预处理

本文采用 BioNLP-ST 2009 GE 的训练集作为训练数据,训练集有 800 篇摘要,合计 7 449 个句子,8 597 个生物事件触发词;在开发集上进行了触发词的识别和评估,开发集包含 150 篇摘要,合计 1 450 个句子,1 809 个生物事件触发词。

在进行触发词识别之前,需要作一些预处理工作。BioNLP 的语料以每个摘要或全文的一部分作为一组,一组中有三个文件:“.a1”“.a2”“.txt”。如文档号为“PMID-8805630”的摘要有三个文件:“PMID-8805630.a1”“PMID-8805630.a2”“PMID-8805630.txt”。其中 a1 文件表示该摘要文档中已被标志的蛋白质,a2 文件表示摘要文档中的触发词和事件,txt 文档表示摘要原文内容。

由于在总体事件中,跨句事件低于 1% 比例的事实情况,同时在寻找跨句事件的过程中通常也会引起过多的噪声,鉴于这些情况,在本文中只对一个句子中的事件进行详细研究,所以需要预处理 GE 语料。用 Stanford CoreNLP 工具进行分句。Parser 工具主要用到 Enju 和 Gdep 两个分析器。Enju 是一个语义分析器,不仅能够得到单词本身一些信息,如词干化、词性等,还能够分析出单词之间的语义关系,属于深度分析;Gdep 是一个语法分析器,根据 Gdep 的结果可以得到一个句子的语法分析树,并分析出单词与单词之间在语法分析中的依赖关系。由于 GE 语料中给出 a1 文件和 a2 文件中的蛋白质、触发词都是根据位置标明的,所处的位置是从文档开头记起,在对文档进行分句后,需要重新计算这些蛋白质、触发词的位置,使其转换为分句后的句子中的位置。在句法分析前,由于分析器是按词进行分析,而有些蛋白质是由两个或两个以上的词构成,所以在分析之前需要对蛋白质进行替换,将语料中给出的所有蛋白质替换为“protein”+序号的形式。对于多个单词组成的触发词,只保留核心词(核心词可以通过 Stanford Parser 依存指向来获取)。利用 word2vec 从大量生物文本中训练得到词向量。

### 3.2 评估方法

评估方法采用了广泛使用的精度(precision)、召回率(recall)和  $F$  值( $F$ -score)等评价指标对九类事件进行总体评价。

这些评价指标的具体计算式如下:

$$p = \frac{TP}{TP + FP} \quad (14)$$

$$r = \frac{TP}{TP + FN} \quad (15)$$

$$f = \frac{2p \times r}{p + r} \quad (16)$$

其中:  $TP$  是系统识别为正的样本的数目;  $FP$  是系统识别为正的负样本的数目;  $FN$  是指被系统预测为负的正样本数。某触发词识别正确当且仅当该触发词在句中相应位置对应,事件类型判断正确当且仅当触发词识别正确而且事件类型一致。

### 3.3 结果及评估

鉴于目前将触发词识别作为一个独立问题研究的还比较少见,因而正式公布的触发词识别阶段的实验数据很少。首先利用 CRF++ 工具完成触发词的识别作为 baseline,该 baseline 只使用了词向量特征。Baseline++ 则在 baseline 基础上增加

了词干化、词性、依存特征。表1显示了CRF++触发词识别(baseline)和本文基于神经网络联合结构预测模型的比较,EVT-total表示简单事件和绑定事件,REG-total表示调控事件,All-total表示所有事件类型。从表1可以看出CRF++工具用于简单的序列标注能取得不错的结果,但其效果在处理复杂调控事件时很一般,而本文的方法在处理调控事件时效果比较好,而且添加更多特征的方法性能得到明显提升,可知丰富的特征对于事件类型的识别有一定的作用。

表1 触发词识别性能比较

方法	EVT-total			REG-total			All-total		
	P	R	F	P	R	F	P	R	F
base	83.5	52.6	64.5	60.1	32.4	42.1	71.8	42.1	53.1
base++	83.4	58.7	68.9	59.2	38.5	46.7	72.4	46.3	56.5
本文	80.9	59.3	68.4	61.8	44.2	51.5	70.9	52.6	60.4
本文++	81.5	61.6	70.2	66.5	49.3	56.6	71.2	55.4	62.3

从表2中各种系统性能对比来看,相较于基于机器学习的方法<sup>[16,18]</sup>,基于字典的方法,文献[12]中的召回率达到45.8%,而基于规则的方法,文献[14]中的准确率可以高达71.8%,但整体F值都偏低。文献[20]提出的联合结构预测模型相较于传统的串行抽取方法,F值也有一定的提高。本文所提基于神经网络和结构预测的联合预测模型准确率、召回率都比较可观,而且F值可以达到62.3%,既避免了大量人力物力的投入,也不需要设计特别复杂的特征,算法的移植性良好,而且使用联合预测模型使结构更为合理,减弱了错误传播的副作用,相比于单独的结构预测模型性能也有所提高。总之,所提系统从算法和整体流程两个维度综合考虑提高了系统的可移植性和合理性,展现了良好的性能。

表2 系统性能比较

方法	P	R	F
CRF++	72.4	46.3	56.5
文献[12]	47.5	45.8	46.7
文献[14]	71.8	13.5	22.7
文献[16]	59.6	49.2	53.9
WSD <sup>[18]</sup>	70.2	52.6	60.1
文献[20]	58.6	43.7	50.0
本文++	71.2	55.4	62.3

#### 4 结束语

本文采用了基于神经网络的生物事件触发词识别和事件类型判别的联合结构预测模型,实现了对生物事件触发词的识别和事件类型的判别。与传统的基于字典或规则的方法或是单独的结构预测方法相比,所提识别系统显示了一定的优势,无论是算法的可移植性还是流程的合理性都更为友好。生物事件的触发词的识别是生物医学事件抽取的第一步,其性能的提高必将对生物事件的抽取产生积极的影响。未来可以进行基于生物事件驱动的触发词识别,即同步识别触发词和论元,互相校正,通过事件抽取的联合模型来识别触发词,另外可以构建同义词词表丰富特征等,也可以选择更为复杂的神经网络结构。

#### 参考文献:

- [1] Kim J D, Ohta T, Pyysalo S, *et al.* Overview of BioNLP'09 shared task on event extraction[C]//Proc of Workshop on Current Trends in Biomedical Natural Language Processing: Shared Task. Stroudsburg: Association for Computational Linguistics, 2009: 1-9.
- [2] Kim J D, Pyysalo S, Ohta T, *et al.* Overview of BioNLP shared task 2011[C]//Proc of BioNLP Shared Task 2011 Workshop. Strouds-

burg: Association for Computational Linguistics, 2011: 1-6.

- [3] Kim J D, Wang Yue, Takagi T, *et al.* Overview of genia event task in bionlp shared task[C]//Proc of BioNLP Shared Task 2011 Workshop. Stroudsburg: Association for Computational Linguistics, 2011: 7-15.
- [4] Björne J, Salakoski T. Generalizing biomedical event extraction[C]//Proc of BioNLP Shared Task 2011 Workshop. Stroudsburg: Association for Computational Linguistics, 2011: 183-191.
- [5] Nédellec C, Bossy R, Kim J D, *et al.* Overview of BioNLP shared task 2013[C]//Proc of BioNLP Shared Task 2013 Workshop. Stroudsburg: Association for Computational Linguistics, 2013: 1-7.
- [6] Björne J, Heimonen J, Ginter F, *et al.* Extracting complex biological events with rich graph-based feature sets[C]//Proc of Workshop on Current Trends in Biomedical Natural Language Processing: Shared Task. Stroudsburg: Association for Computational Linguistics, 2009: 10-18.
- [7] Björne J, Salakoski T. TEES 2.1: automated annotation scheme learning in the BioNLP 2013 shared task[C]//Proc of BioNLP Shared Task 2013 Workshop. Stroudsburg: Association for Computational Linguistics, 2013: 16-25.
- [8] Hakala K, Van Landeghem S, Salakoski T, *et al.* EVEX in ST'13: application of a large-scale text mining resource to event extraction and network construction[C]//Proc of BioNLP Shared Task 2013 Workshop. Stroudsburg: Association for Computational Linguistics, 2013: 26-34.
- [9] Miwa M, Thompson P, Ananiadou S. Boosting automatic event extraction from the literature using domain adaptation and coreference resolution[J]. *Bioinformatics*, 2012, 28(13): 1759-1765.
- [10] Riedel S, McCallum A. Robust biomedical event extraction with dual decomposition and minimal domain adaptation[C]//Proc of BioNLP Shared Task 2011 Workshop. Stroudsburg: Association for Computational Linguistics, 2011: 46-50.
- [11] Riedel S, McClosky D, Surdeanu M, *et al.* Model combination for event extraction in BioNLP[C]//Proc of BioNLP Shared Task 2011 Workshop. Stroudsburg: Association for Computational Linguistics, 2011: 51-55.
- [12] Buyko E, Faessler E, Wermter J, *et al.* Event extraction from trimmed dependency graphs[C]//Proc of Workshop on Current Trends in Biomedical Natural Language Processing: Shared Task. Stroudsburg: Association for Computational Linguistics, 2009: 19-27.
- [13] Vlachos A, Buttery P, Séaghdha D O, *et al.* Biomedical event extraction without training data[C]//Proc of Workshop on Current Trends in Biomedical Natural Language Processing: Shared Task. Stroudsburg: Association for Computational Linguistics, 2009: 37-40.
- [14] Cohen K B, Verspoor K, Johnson H L, *et al.* High-precision biological event extraction with a concept recognizer[C]//Proc of Workshop on Current Trends in Biomedical Natural Language Processing: Shared Task. Stroudsburg: Association for Computational Linguistics, 2009: 50-58.
- [15] Le Minh Q, Truong S N, Bao Q H. A pattern approach for biomedical event annotation[C]//Proc of BioNLP Shared Task 2011 Workshop. Stroudsburg: Association for Computational Linguistics, 2011: 149-150.
- [16] Vlachos A, Craven M. Biomedical event extraction from abstracts and full papers using search-based structured prediction[J]. *BMC Bioinformatics*, 2012, 13(11): S5.
- [17] Kilicoglu H, Bergler S. Effective Bio-event extraction using trigger words and syntactic dependencies[J]. *Computational Intelligence*, 2011, 27(4): 583-609.
- [18] Martinez D, Baldwin T. Word sense disambiguation for event trigger word detection in biomedicine[J]. *BMC Bioinformatics*, 2011, 12(S2): 1-8.

(下转第670页)

## 5 结束语

本文研究了分布式事件触发机制下多智能体网络的平均一致性。基于智能体自身及邻居节点信息,提出了分布式事件触发机制,并基于智能体自身及邻居节点触发信息提出了基于分布式事件触发机制的多智能体平均一致性控制协议。不同于已有文献中连续更新或周期更新一致性协议,基于事件触发机制的平均一致性协议仅在满足事件触发条件时更新一致性协议,因此可以有效降低一致性协议的更新次数。

理论上推导了固定和切换拓扑结构下多智能体网络平均一致收敛的充分条件。仿真表明,在固定和切换拓扑结构下,基于分布式事件触发机制的平均一致性控制协议保证了多智能体网络的平均一致性,并且与周期控制策略相比,分布式事件触发控制策略有效降低了一致性协议的更新次数。

### 参考文献:

- [1] Ding Lei, Han Qinglong, Guo Ge. Network-based leader-following consensus for distributed multi-agent systems [J]. *Automatica*, 2013, 49(7): 2281-2286.
- [2] Rezaee H, Abdollahi F. Average consensus over high-order multiagent systems[J]. *IEEE Trans on Automatic Control*, 2015, 60(11): 3047-3052.
- [3] 吴国锋, 康怀祺. 一种改进的少数引导智能体蜂拥算法[J]. *计算机应用研究*, 2015, 32(12): 3634-3637.
- [4] 邢关生, 杜春燕, 宗群, 等. 基于一致性的小型四旋翼机群自主编队分布式运动规划[J]. *控制与决策*, 2014, 29(11): 2081-2084.
- [5] 李淑琴, 唐振民, 赵春霞, 等. 一种基于多智能体系统的机器人群组组织形式[J]. *计算机应用研究*, 2004, 21(1): 61-63.
- [6] Peng Zhouhua, Wang Dan, Zhang Hongwei, *et al.* Distributed neural network control for adaptive synchronization of uncertain dynamical multiagent systems [J]. *IEEE Trans on Neural Networks and Learning Systems*, 2014, 25(8): 1508-1519.
- [7] 李芳, 单大亚, 马婷. 基于多智能体的虚拟企业群协同生产调度模式研究[J]. *计算机应用研究*, 2013, 30(6): 1624-1629.
- [8] Degroot M. Reaching a consensus [J]. *Journal of the American Statistical Association*, 1974, 69(345): 118-121.
- [9] Vicsek T, Czirook A, Benjacob E, *et al.* Novel type of phase transition in a system of self-driven particles [J]. *Physical Review Letters*, 1995, 75(6): 1226-1229.
- [10] Jadbabaie A, Lin J, Morse A S. Coordination of groups of mobile autonomous agents using nearest neighbor rules [J]. *IEEE Trans on Automatic Control*, 2003, 48(6): 988-1001.
- [11] Olfatisaber R, Murray R M. Consensus problems in networks of agents with switching topology and time-delays [J]. *IEEE Trans on Automatic Control*, 2004, 49(9): 1520-1533.
- [12] Ren Wei, Beard R W. Consensus seeking in multiagent systems under dynamically changing interaction topologies [J]. *IEEE Trans on Automatic Control*, 2005, 50(5): 655-661.
- [13] 王朝霞, 杜大军, 费敏锐. 带有不确定时变延时的有向网络多智能体平均一致性研究[J]. *自动化学报*, 2014, 40(11): 2602-2608.
- [14] 杜继永, 张凤鸣, 杨骥, 等. 随机拓扑结构下多智能体系统的平均一致性[J]. *计算机应用研究*, 2012, 29(3): 1011-1013.
- [15] 宋莉, 伍清河. 具有时延和不确定拓扑的二阶多智能体系统的平均一致性[J]. *控制理论与应用*, 2013, 30(8): 1047-1052.
- [16] 宋莉, 伍清河. 具有多时变时滞的多智能体系统在切换拓扑下的平均一致性[J]. *控制与决策*, 2013, 28(12): 1811-1816.
- [17] 孙一杰, 张国良, 张胜修. 一类异构多智能体系统有向图下的广义平均一致性分析[J]. *动力学与控制学报*, 2015, 13(2): 154-160.
- [18] Donkers M, Heemels W. Output-based event-triggered control with guaranteed  $\mathcal{L}_\infty$  gain and improved and decentralized event-triggering [J]. *IEEE Trans on Automatic Control*, 2012, 57(6): 1362-1376.
- [19] Dimarogonas D, Frazzoli E, Johansson K. Distributed event-triggered control for multi-agent systems [J]. *IEEE Trans on Automatic Control*, 2012, 57(5): 1291-1297.
- [20] Borgers D, Heemels W. Event-separation properties of event-triggered control systems [J]. *IEEE Trans on Automatic Control*, 2014, 59(10): 2644-2656.
- [19] Li Chen, Song Ruiqing, Liakata M, *et al.* Using word embedding for bio-event extraction [C]//Proc of Workshop on Biomedical Natural Language Processing. Stroudsburg: Association for Computational Linguistics, 2015: 121-126.
- [20] Poon H, Vanderwende L. Joint inference for knowledge extraction from biomedical literature [C]//Human Language Technologies: Proc of Annual Conference of the North American Chapter of the Association for Computational Linguistics. Stroudsburg: Association for Computational Linguistics, 2010: 813-821.
- [21] Chen Danqi, Manning C D. A fast and accurate dependency parser using neural networks [C]//Proc of Conference on Empirical Methods in Natural Language Processing. Stroudsburg: Association for Computational Linguistics, 2014: 740-750.
- [22] Zhou Hao, Zhang Yue, Huang Shujian, *et al.* A neural probabilistic structured-prediction model for transition-based dependency parsing [C]//Proc of the 53rd Annual Meeting of the Association for Computational Linguistics. Stroudsburg: Association for Computational Linguistics, 2015: 1213-1222.
- [23] Mikolov T, Sutskever I, Chen K, *et al.* Distributed representations of words and phrases and their compositionality [C]//Advances in Neural Information Processing Systems. 2013: 3111-3119.
- [24] Li Qi, Ji Heng, Huang Liang. Joint event extraction via structured prediction with global features [C]//Proc of the 51st Annual Meeting of the Association for Computational Linguistics. Stroudsburg: Association for Computational Linguistics, 2013: 73-82.
- [25] Devlin J, Zbib R, Huang Z, *et al.* Fast and robust neural network joint models for statistical machine translation [C]//Proc of the 52nd Annual Meeting of the Association for Computational Linguistics. Stroudsburg: Association for Computational Linguistics, 2014: 1370-1380.
- [26] Chen Yubo, Xu Liheng, Liu Kang, *et al.* Event extraction via dynamic multi-pooling convolutional neural networks [C]//Proc of the 53rd Annual Meeting of the Association for Computational Linguistics. Stroudsburg: Association for Computational Linguistics, 2015: 167-176.
- [27] Huang Liang, Fayong S, Guo Y. Structured perceptron with inexact search [C]//Human Language Technologies: Proc of Conference of the North American Chapter of the Association for Computational Linguistics. Stroudsburg: Association for Computational Linguistics, 2012: 142-151.
- [28] Daumé Iii H, Langford J, Marcu D. Search-based structured prediction [J]. *Machine Learning*, 2009, 75(3): 297-325.
- [29] Vlachos A. Two strong baselines for the BioNLP 2009 event extraction task [C]//Proc of Workshop on Biomedical Natural Language Processing. Stroudsburg: Association for Computational Linguistics, 2010: 1-9.

(上接第664页)