

控制与决策

Control and Decision

逻辑动态系统拓扑结构的多角度分析

冯俊娥, 赵荣, 孙菁涵, 孙凤莉, 王菲

引用本文:

冯俊娥, 赵荣, 孙菁涵, 等. 逻辑动态系统拓扑结构的多角度分析[J]. 控制与决策, 2025, 40(9): 2625-2638.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.13195/j.kzyjc.2024.1364>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

面向复杂网络的异常检测研究进展

Research progress of anomaly detection for complex networks

控制与决策. 2021, 36(6): 1293-1310 <https://doi.org/10.13195/j.kzyjc.2020.0055>

利用浓缩布尔矩阵重排技术求所有约简

Finding all reductions through the technique of rearranging concentration Boolean matrix

控制与决策. 2021, 36(5): 1157-1164 <https://doi.org/10.13195/j.kzyjc.2019.1307>

区间粗糙数信息系统的覆盖分类冗余度与属性约简

[Coverage classification redundancy and attribute reduction of interval rough number information system](#)

控制与决策. 2021, 36(3): 677-685 <https://doi.org/10.13195/j.kzyjc.2019.0744>

基于高斯混合模型聚类的非均匀采样系统的多模型切换辨识

[Multi-model switching identification for non-uniformly sampled systems based on Gaussian mixture model clustering](#)

控制与决策. 2021, 36(12): 2946-2954 <https://doi.org/10.13195/j.kzyjc.2020.0671>

带输入饱和的不确定非线性系统自适应模糊触发式补偿控制

Adaptive fuzzy trigger compensation control for uncertain nonlinear system with input saturation

控制与决策. 2021, 36(12): 3007-3014 <https://doi.org/10.13195/j.kzyjc.2020.0907>

逻辑动态系统拓扑结构的多角度分析

冯俊娥[†], 赵荣, 孙菁涵, 孙凤莉, 王菲

(山东大学 数学学院, 济南 250000)

摘要: 逻辑动态系统指自变量只取有限个值的动态系统, 包括 2 值的经典逻辑 (或布尔逻辑)、 k 值逻辑、(一般) 混合值逻辑, 网络拓扑结构是影响网络性能和可靠性的关键因素之一. 鉴于此, 从多个角度对逻辑动态系统拓扑结构的相关研究做一简要分析与总结. 首先, 从动态演化的角度概述同步布尔网络、异步布尔网络、随机布尔网络中关于吸引子的研究方法, 主要包括模拟方法、BDD 技术、分解方法、反馈顶点集方法等; 其次, 从结构矩阵的角度, 总结在代数状态空间表示的框架下, 求解吸引子与吸引域的具体算法, 体现了矩阵半张量积在求解拓扑结构中的优越性; 最后, 从图的角度简要总结基于接线图、状态转移图、网络删节、网络划分等求解吸引子的方法.

关键词: 逻辑动态系统; 矩阵半张量积; 拓扑结构; 不动点; 极限环; 吸引域

中图分类号: TP273 **文献标志码:** A

DOI: 10.13195/j.kzyjc.2024.1364

引用格式: 冯俊娥, 赵荣, 孙菁涵, 等. 逻辑动态系统拓扑结构的多角度分析 [J]. 控制与决策, 2025, 40(9): 2625-2638.

Multi-perspective analysis of topological structure of logical dynamical systems

FENG Jun-e[†], ZHAO Rong, SUN Jing-han, SUN Feng-li, WANG Fei

(School of Mathematics, Shandong University, Jinan 250000, China)

Abstract: Logical dynamical systems refer to dynamical systems in which the independent variables take only finite values, including 2-valued classical logic (or Boolean logic), k -valued logic, and (generally) mixed-valued logic, and the network topological structure is one of the key factors affecting the performance and reliability of the network. The purpose of this paper is to briefly analyze and summarize the research on the topological structure of logical dynamical systems from several perspectives. First, from the perspective of dynamic evolution, this paper outlines the research methods on attractors in synchronous Boolean networks, asynchronous Boolean networks, and stochastic Boolean networks, which mainly include the simulation method, the BDD technique, the decomposition method, and the feedback vertex set method, etc. Then, from the perspective of structure matrix, this paper summarizes the specific algorithms for solving attractors and basins of attraction in the framework of algebraic state space representation, which demonstrates the superiority of semi-tensor product of matrices in solving topological structure. Finally, from the viewpoint of graphs, this paper briefly summarizes the methods for solving attractors based on wiring diagrams, state transition diagrams, network abridgment, and network partitioning.

Keywords: logical dynamical system; semi-tensor product of matrices; topological structure; fixed point; limit cycle; basin of attraction

0 引言

Kauffman^[1]于 1969 年首次提出用布尔网络来描述基因调控网络. 布尔网络模型是一种以有向图为基础的离散系统, 其中节点代表系统的元素, 边代表元素之间的调控关系. 每个节点被刻画为“开 (on)”和“关 (off)”两种状态. 每个节点下一时刻的状态通

过转移函数和与它相连且指向它的节点决定. 在最简单的情况下, 转移函数可由输入通过含有逻辑操作“与”“或”“非”的逻辑函数表示. 这些表达式返回一个真值, 被调控节点根据返回值确定新的状态, 该节点状态的变化也将影响受其调控节点的状态. k 值逻辑网络与混合值逻辑网络是布尔网络的自然

收稿日期: 2024-11-21; 录用日期: 2025-03-12.

基金项目: 国家自然科学基金项目 (62350037, 62273201); 山东省泰山学者项目 (TSTP20221103).

[†]通信作者. E-mail: fengjune@sdu.edu.cn.

推广,被统称为逻辑动态系统^[2].

逻辑运算是一种非线性运算,已有的微分代数几何等数学工具都不能直接用于处理逻辑运算这种特殊的非线性运算.程代展研究员及其团队提出了一种基于矩阵半张量积的代数状态空间表示方法,将逻辑系统(包括布尔网络)转化为一个标准线性离散代数系统^[3],这极大地促进了逻辑动态系统分析与控制的研究.在代数状态空间表示的架构下,状态变量和输入变量被转换为相应的逻辑变量形式,进而一个逻辑动态系统可以用一个离散时间线性(或双线性)系统来表示.在此框架下,已经涌现出许多有意义且具有挑战性的结果,包括但不限于稳定性和镇定性^[4-9]、能控性与能观性^[10-19]、函数摄动^[20-24]、牵制控制^[25-30]、最优控制^[31-34]等.

拓扑结构是研究网络动力学的-一个基本问题,在安全验证和治疗干预中都起着重要的应用.布尔网络的拓扑结构被描述为状态转移图的不动点和极限环(二者统称为吸引子).Huang等^[35-36]通过生物学实验验证了吸引子代表细胞的状态,如增殖、凋亡、分化等,这为理解细胞稳态和肿瘤发生提供了一个新的视角.肿瘤通常被认为是这些细胞状态之间的失衡,而系统生物学^[37-38]的目标是设计并实施有效的系统干预策略实现药物研发、疾病诊断和干预治疗.外部干预方法为任一状态设计特定的控制策略,使其演化到所需的吸引子,结构干预方法通过反转布尔函数特定输入的输出或删除单个基因之间的调控关系来改变吸引域^[39-41].因此,计算系统的吸引子及其吸引域已成为布尔网络研究与系统干预的重要组成部分.

一般而言,遍历布尔网络的所有可能状态便能找到所有的吸引子.但是,对于任何一个具有 n 个基因的布尔网络,系统都会有 2^n 种可能的状态,如果网络稍大一些,寻找吸引子的计算量就会超过普通计算机的计算能力.事实上,Akutsu等^[42]已经证明,寻找单个吸引子是一个NP-hard问题.尽管如此,研究者们还是在吸引子的寻找与计算方面做出了诸多研究.具体而言,可以分为3个角度进行概括:一是基于逻辑表达式的方法,二是基于矩阵半张量积的方法,三是基于图的方法.本文将围绕这3个角度展开对逻辑动态系统拓扑结构的分析与综述.

本文内容结构如下:第1节介绍基于逻辑表达式的对吸引子的研究;第2节介绍基于代数形式的吸引子的研究;第3节介绍图方法在逻辑动态系统及拓扑结构方面的应用;第4节为文章的总结与展望.

1 基于逻辑表达式研究吸引子

1.1 布尔网络分类

布尔网络是一个有向图,任意节点 i 都有一个与之对应的状态变量 $a_i \in \{0, 1\}$ 表示节点 i 的当前值,以及一个相关的布尔函数 $f_i: \{0, 1\}_{k_i} \rightarrow \{0, 1\}$ 决定节点 i 的更新值,其中 k_i 表示节点 i 的入度^[43-45].对于一个具有 n 个节点的网络,网络的状态是它的节点状态变量值构成的向量 (a_1, a_2, \dots, a_n) .本节将根据网络更新模式对布尔网络进行分类.

1) 同步布尔网络:在每一时刻 t ,布尔网络的下一状态 $(a_1(t+1), a_2(t+1), \dots, a_n(t+1))$ 是由当前状态 $(a_1(t), a_2(t), \dots, a_n(t))$ 通过布尔函数 f_i 同时更新所有节点的状态变量得到的^[46-48],即

$$a_i(t+1) = f_i(a_{i_1}(t), a_{i_2}(t), \dots, a_{i_{k_i}}(t)),$$

其中 $a_{i_1}, a_{i_2}, \dots, a_{i_{k_i}}$ 为与节点 $i \in \{1, 2, \dots, n\}$ 相连接的前置节点.

2) 异步布尔网络:在每一时刻,只有一部分节点被选择进行更新,其他节点状态保持不变^[49].由于现实中需要表示各种时间尺度,异步布尔网络被认为是更能反映现实情境的^[50].传统的异步布尔网络每一时刻只更新一个节点,而广义异步布尔网络每一时刻允许多个节点进行更新,即^[51]

$$\begin{cases} a_i(t+1) = f_i(a_{i_1}(t), a_{i_2}(t), \dots, a_{i_{k_i}}(t)), & i \in H_t; \\ a_j(t+1) = a_j(t), & j \in \{1, 2, \dots, n\} \setminus H_t. \end{cases}$$

其中 H_t 为时刻 t 被选中的更新节点集.

3) 随机布尔网络:随机布尔网络由Kauffman^[1]首次提出,用于建模细胞的基因调控过程.作为布尔网络的一种特殊类型,随机布尔网络的每一个节点 i 有 K 个前置节点与它相连,这 K 个前置节点与节点 i 的布尔函数是随机选择的^[52-53].根据节点更新规则,可进一步细分为经典随机布尔网络、确定型异步随机布尔网络、广义异步随机布尔网等.具体介绍以下几种:

① 经典/异步随机布尔网络:若节点的更新是同步的,则称为经典随机布尔网络,当前置节点和布尔函数随机选择后,网络变为确定型的^[1].当节点更新不同步时,称为异步随机布尔网络^[54].进一步,若每次允许多个节点进行更新,则称为广义异步随机布尔网络.

② 确定型(广义)异步随机布尔网络:更新机制类似于异步随机布尔网络,但更新节点不是随机选择的.该网络存在 n 个数对 $\{(p_1, q_1), (p_2, q_2), \dots, (p_n, q_n)\}$ 对应于 n 个节点,其中 $p_i, q_i \in \mathbb{N}$ 且 $0 \leq q_i < p_i$, $i = 1, 2, \dots, n$.当 $t \bmod p_i = q_i$ 时,节点 i 进行更新.

对于确定型异步随机布尔网络,如果两个或多个节点将在特定时间被更新,则首先更新第1个节点,然后考虑网络的新状态来更新第2个节点^[55].对于确定型广义异步随机布尔网络,所有节点同时更新^[56].

1.2 各类布尔网络吸引子的研究

吸引子是系统演化过程中的一个重要概念,它指系统从任一初始状态开始,最终都可以到达并停留于此处的状态集合^[57-58].根据吸引子中状态的个数,可以分为不动点和极限环^[59].

布尔网络的逻辑表达式^[60]可表示为向量形式

$$A(t+1) = F(A(t)).$$

其中: $A(t) = (a_1(t), a_2(t), \dots, a_n(t))^T$, $F = (f_1, f_2, \dots, f_n)^T$.因此,吸引子^[61]定义如下:

1) 不动点:若状态 A 满足 $A = F(A)$,则称 A 是一个单吸引子.

2) 极限环:若状态序列 (A_1, A_2, \dots, A_p) , $p > 1$ 满足 $A_{i+1} = F(A_i)$, $i = 1, 2, \dots, p-1$ 且 $A_p = A_1$, $A_i \neq A_j$, $1 \leq i \neq j \leq p-1$,则称 (A_1, A_2, \dots, A_p) 是一个周期为 $p-1$ 的极限环.

由于吸引子可以表征细胞表型^[62],对应增殖、凋亡、分化等功能性细胞状态^[36],识别吸引子成为研究以布尔网络为模型的生物系统的重要课题,并引发了众多学者的深入研究^[63-68].

1) 同步布尔网络:由于同步布尔网络是确定且有限的,任何状态最终都会收敛到吸引子.虽然布尔网络的节点只有0和1两种状态,但由于运行时间随着布尔网络中节点数量的增加而呈指数增长,求解吸引子问题被证实为 NP 难问题^[42, 69-70].因此,众多学者致力于降低该问题的算法复杂度.文献^[71-73]将逻辑方程转化为标量方程,随后通过简化标量方程来计算吸引子. Irons^[74]提出了一种检测具有特殊拓扑结构的布尔网络的方法,该方法能够处理包含80个节点的布尔网络.常用的寻找吸引子的方法包括基于模拟的方法、二叉决策图(BDD)技术、将问题转化为可满足性(SAT)问题以及分解方法等.

① 基于模拟的方法:凭借经验选择几个初始状态来寻找吸引子,并对每个初始条件进行激活和抑制的模拟^[75-77].然而,由于初始状态是随机的,很难找出所有的吸引子.

② BDD 技术:使用 BDD 对布尔函数进行编码,并用 BDD 结构表示网络对应的转移系统,进而将检测吸引子的问题转化为在对应的转移系统中寻找状态的不动点集的问题^[60, 78-81].通过 BDD 操作,可以高效地计算前向和后向可达状态.

③ SAT 问题:基于 SAT 的算法,通过求解一组可满足的约束来避免在整个状态空间中进行搜索.算法将布尔网络的传递关系在有限步数内展开,以形成一个命题公式,再使用 SAT 求解器求解该公式,以在布尔网络的状态转移系统中识别出有效路径^[67, 82-85].

④ 分解方法:主要思想为根据布尔网络的结构将其分解为较小的组件,检测这些较小组件的吸引子,然后恢复原始布尔网络的吸引子^[86-90].

上述技术、方法也被广泛应用于异步布尔网络与随机布尔网络的吸引子检测中.例如,文献^[91]使用 BDD 技术设计了一种检测大型随机布尔网络中吸引子的有效算法.文献^[56]和文献^[92]分别针对广义异步随机布尔网络提出了基于 SAT 的有界模型和基于 BDD 技术检验吸引子的算法.文献^[93]提出一种基于 SCC 的分解方法来解决大型异步布尔网络.此外,由于异步与随机的复杂性,又诞生了一些新的针对吸引子的研究方法.

2) 异步布尔网络:文献^[94]基于系统消除状态转移,以使状态转移图无环.在该简化的状态转移图中,所有吸引子都是不动点,在大多数情况下可以毫不费力地枚举出来.最后,将吸引子集合扩展到原始动力学的吸引子集合.文献^[95]提出了一种名为 mtsNFVS 的新方法,该方法基于异步布尔网络的最小陷阱空间精确计算其所有吸引子,其中陷阱空间是状态空间的一个子空间,没有任何路径可以离开该子空间.文献^[96]描述了一种寻找布尔网络异步循环吸引子的方法,该方法以一种新颖的方式利用了既定的组件消除技术.通过简化网络的吸引子计算出有限数量的候选吸引子状态,然后通过可达性分析技术与陷阱空间计算相结合的技术对候选吸引子进行筛选.同时也有很多其他方法用来估计异步布尔网络的吸引子^[97-99].

3) 随机布尔网络:随机布尔网络的动态可分为3种类型:有序状态、混沌状态以及临界状态^[100].文献^[101]调查了几种适应度函数,以根据吸引子数量和其他网络参数来调整随机布尔网络,文献表明,通过在演化模型上施加特定约束可以生成更稳定的网络集合.文献^[102]利用反馈顶点集(FVS)与布尔网络动力学的关系,提出了一种基于 FVS 来检测随机布尔网络吸引子的方法.随后,文献^[103]对这一方法进行改进,利用负反馈顶点集(NFVS)与网络动力学的关系提出一新的检测方法.

此外,很多学者对于有限值网络的拓扑结构也展现出很大的兴趣.文献^[104]提出一种基于答案集编程(ASP)的计算逻辑方法,用于识别同步和异步

多值网络中的所有吸引子. 文献 [105] 提出一种基于 SAT 的方法来寻找异步自动机网络中有限大小的吸引子. 文献 [106] 将布尔网络的概念在模糊和多值域中进行扩展, 提出了一种基于模糊答案集编程 (FASP) 来计算吸引子的方法.

例 1 考虑如下布尔网络:

$$\begin{cases} x_1(t+1) = x_2(t), \\ x_2(t+1) = x_1(t) \wedge \overline{x_3(t)}, \\ x_3(t+1) = x_1(t) \wedge \overline{x_2(t)}. \end{cases}$$

根据吸引子的定义, 结合上述动态方程计算可知, 该网络有 2 个不动点 (1, 1, 0) 和 (0, 0, 0), 以及 1 个长度为 2 的极限环 (1, 0, 0) \rightarrow (0, 1, 1).

2 基于代数形式研究吸引子

从逻辑表达式的角度寻找吸引子已有诸多成果, 然而, 由于计算方法的复杂性, 该角度很难找出所有的吸引子. 2011 年, 程代展等^[3] 从结构矩阵的角度出发, 给出了求布尔网络吸引子存在性和个数的方法, 以及如何寻找每个吸引子的吸引域. 在此基础上, 学者们以矩阵半张量积理论为基础展开了对于布尔网络拓扑结构的研究. 本节主要介绍寻找布尔网络吸引子及对应吸引域的方法.

2.1 矩阵半张量积理论基础

矩阵半张量积理论是程代展等^[3,107] 提出的一种新的矩阵乘法, 在保持普通矩阵乘法性质的基础上, 突破了矩阵乘法的维数限制. 矩阵半张量积理论为布尔网络的研究提供了有效支撑, 使得逻辑动态系统可以被表示为矩阵的形式, 从而应用线性系统理论中的方法来分析和设计布尔控制网络. 矩阵半张量积理论的提出为布尔网络吸引子的研究带来了许多突破性的成果.

定义 1^[3] 两个矩阵 $A \in \mathbb{R}^{m \times n}$ 和 $B \in \mathbb{R}^{p \times q}$ 的半张量积为

$$A \times B = (A \otimes I_{\frac{\alpha}{n}})(B \otimes I_{\frac{\alpha}{p}}).$$

其中: α 为 n 和 p 的最小公倍数, \otimes 为 Kronecker 积, I_n 为 $n \times n$ 的单位矩阵, 右边的拼接为传统的矩阵乘积.

定义 2^[3] 定义 (m, n) -维换位矩阵如下:

$$W_{[m,n]} := [I_n \otimes \delta_m^1, I_n \otimes \delta_m^2, \dots, I_n \otimes \delta_m^m] = [\delta_n^1 \times \delta_m^1 \dots \delta_n^n \times \delta_m^1 \dots \delta_n^1 \times \delta_m^m \dots \delta_n^n \times \delta_m^m] = \begin{bmatrix} I_m \otimes (\delta_n^1)^T \\ \vdots \\ I_m \otimes (\delta_n^n)^T \end{bmatrix}. \quad (1)$$

引理 1^[3] 换位矩阵满足

$$W_{[m,n]}^T := W_{[n,m]}, W_{[m,n]}^{-1} := W_{[m,n]}^T.$$

引理 2^[3]

$$W_{[m,n]} X \times Y = Y \times X.$$

引理 3^[3] 给定一个逻辑变量 $x \in \Delta$, 有

$$x^2 = M_r x,$$

其中 $M_r := \delta_4[1 \ 4]$ 称为幂还原矩阵.

引理 4^[3] 给定两个逻辑变量 $x, y \in \Delta$, 有

$$M_u xy = x, M_v xy = y,$$

其中 $M_u = \delta_2[1 \ 1 \ 2 \ 2]$, $M_v = \delta_2[1 \ 2 \ 1 \ 2]$ 称为哑矩阵.

引理 5^[3] 如果 $f(X_1, X_2, \dots, X_n) : \mathcal{D}^n \rightarrow \mathcal{D}$ 是布尔函数, 则 f 存在唯一的结构矩阵 $M_f \in \mathcal{L}_{2 \times 2^n}$, 使得 $f(X_1, X_2, \dots, X_n) := M_f \times_{i=1}^n x_i$, 其中 $x_i = \delta_2^{2^{-X_i}} \in \Delta$.

引理 6^[3] 记 $x = \times_{i=1}^n x_i$, 如果 $y = L_1 x$, $z = L_2 x$, $w = yz$, 则 w 可以表示为 $w = Lx$, 并满足 $L^k = L_1^k L_2^k$, $k = 1, 2, \dots, 2^n$, 其中 L^k, L_1^k, L_2^k 分别为 L, L_1, L_2 的第 k 列.

2.2 布尔网络的代数表示

布尔网络的经典表达式为

$$\begin{cases} X_1(t+1) = f_1(X_1(t), \dots, X_n(t)), \\ X_2(t+1) = f_2(X_1(t), \dots, X_n(t)), \\ \vdots \\ X_n(t+1) = f_n(X_1(t), \dots, X_n(t)). \end{cases} \quad (2)$$

其中: $f_i(\cdot), h_j(\cdot) : \mathcal{D}^n \rightarrow \mathcal{D}$ 为布尔函数, $X_i(\cdot) \in \mathcal{D}$ 为状态变量, $i \in [1, n]$. 令 $x_i = \delta_2^{2^{-X_i}}, i \in [1, n]$, 且 $x(t) = \times_{i=1}^n x_i(t)$, 根据引理 5, 每个逻辑函数 f_i, h_j 都存在唯一的结构矩阵 M_i, N_j , 使得

$$x_i(t+1) = M_i x(t), i = 1, 2, \dots, n. \quad (3)$$

再由引理 6 可得布尔网络的代数形式为

$$x(t+1) = Lx(t). \quad (4)$$

2.3 布尔网络吸引子的存在性和数量

本节讨论布尔网络 (4) 的不动点以及极限环的存在性和个数. 由布尔网络代数形式的转换过程可知, $L \in \mathcal{L}_{2^n \times 2^n}$ 是一个逻辑矩阵. 在代数形式下吸引子的定义如下.

定义 3^[3] 1) 若 $Lx_0 = x_0$, 则称状态 $x_0 \in \Delta_{2^n}$ 为系统 (4) 的不动点.

2) 若 $L^k x_0 = x_0$, 且集合 $\{x_0, Lx_0, \dots, L^k x_0\}$ 中的元素两两互异, 则称 $\{x_0, Lx_0, \dots, L^k x_0\}$ 为系统 (4) 的一个长度为 k 的极限环.

3) 如果一个状态既不是一个固定点, 也不是一

个位于一个周期内的点, 则称这个状态为瞬态.

综上, 布尔网络的单吸引子数量有以下结论.

定义 4^[3] 考虑布尔网络 (2), $\delta_{2^n}^i$ 为其不动点当且仅当在其代数形式 (4) 中, 网络转移矩阵 L 的对角元素 $L_{ii} = 1$. 由此可知, 记 N_e 为网络 (2) 的不动点个数, 则 N_e 等于使 $L_{ii} = 1$ 的 i 的个数, 即

$$N_e = \text{tr}(L). \tag{5}$$

为了便于说明, 如果 $L_{ii} = 1$, 则称 $\text{Col}_i(L)$ 为 L 的对角非零列.

下面考虑布尔网络 (2) 的极限环. 设 $k \in Z_+$, $s \in Z_+$, 如果 $s < k$ 且 $k/s \in Z_+$, 则正整数 $s \in Z_+$ 称为 k 的真因子. k 的真因子集用 $\mathcal{P}(k)$ 表示, 如 $\mathcal{P}(8) = \{1, 2, 4\}$ 等. 下面给出计算布尔网络的不动点与极限环数量的方法.

定理 1^[3] 记 N_s 是长度为 s 的极限环的个数, 由归纳法可得

$$\begin{cases} N_1 = N_e, \\ \text{tr}(L^s) - \sum_{k \in \mathcal{P}(s)} kN_k \\ N_s = \frac{\quad}{s}, 2 \leq s \leq 2^n. \end{cases} \tag{6}$$

下面考虑如何寻找极限环, 如果

$$\text{tr}(L^s) - \sum_{k \in \mathcal{P}(s)} kN_k > 0, \tag{7}$$

则称 s 为一个平凡幂.

假设 s 是一个平凡幂, 用 L_{ii}^s 表示矩阵 L^s 的第 (i, i) 项. 定义

$$C_s = \{i | L_{ii}^s = 1\}, s = 1, 2, \dots, 2^n, \\ D_s = C_s \cap_{i \in \mathcal{P}(s)} C_i^c,$$

其中 C_i^c 为 C_i 的补集.

定理 2^[3] 令 $x_0 = \delta_{2^n}^i$, 则 $\{x_0, Lx_0, \dots, L^s x_0\}$ 是一个长度为 s 的极限环当且仅当 $i \in D_s$.

以上两个定理提供了构造极限环的简单算法. 此外, 还有一种寻找吸引子的算法.

算法 1 考虑布尔网络 (4), 可以按照以下步骤寻找布尔网络的所有吸引子.

step 1: 删除结构矩阵 L 中的所有 0 行和对应的列.

step 2: 重复 step 2, 直至矩阵中没有 0 的行, 得到逻辑矩阵 L' .

step 3: 将逻辑矩阵 L' 改写成

$$L' = \delta_{n'} [i_1 \ i_2 \ \dots \ i_{n'}].$$

step 4: 将置换

$$\begin{bmatrix} 1 & 2 & \dots & n' \\ i_1 & i_2 & \dots & i_{n'} \end{bmatrix}$$

分解为若干个轮换的乘积

$$(i_{j_1} \ i_{j_2} \ \dots \ i_{j_{n_1}})(i_{j_{n_1+1}} \ i_{j_{n_1+2}} \ \dots \ i_{j_{n_2}}) \dots \\ (i_{j_{n_s-1+1}} \ i_{j_{n_s-1+2}} \ \dots \ i_{j_{n_s}}),$$

则每一个单点都对应一个不动点, 每一个轮换都对应一个极限环.

2.4 布尔网络的吸引域

本节讨论如何求布尔网络吸引子对应的吸引域.

定义

$$\Omega := \bigcup_{i=1}^k C_i, \tag{8}$$

其中 $\{C_i | i = 1, \dots, k\}$ 是所有吸引子的集合. 给出以下定义.

定义 5^[3] 1) 对于给定的状态 x_0 , 定义 x_0 的瞬态周期 $T_t(x_0)$ 是满足 $x(0) = x_0$ 且 $x(k) \in \Omega$ 的最小的 k . 定义布尔网络的瞬态周期 T_t 满足

$$T_t = \max_{\forall x \in \Delta_{2^n}} (T_t(x)). \tag{9}$$

2) 若 S_i 是收敛于 C_i 的点的集合, 则称 S_i 为 C_i 的吸引域. 更确切地说, $p \in S_i$ 当且仅当经过 $x(0, p) = p$ 的轨迹 $x(t, p)$ 满足当 $t \geq T_t$ 时 $x(t, p) \in C_i$.

3) 如果 $p = x(1, q)$, 则称 q 为 p 的母态.

根据上述定义, 有以下两个结论:

1) 令 $L^{-1}(C) = \{q | Lq \in C\}$, 其中 $C \subset \Delta_{2^n}$, 则 p 的母态的集合为 $L^{-1}(p)$.

2) $\Delta_{2^n} = \bigcup_{i=1}^k S_i$. 此外, 由于 $\{S_i | i = 1, \dots, k\}$ 各不相交, 其为状态空间 $\mathcal{X} = \Delta_{2^n}$ 的一个划分.

经过进一步分析, 得到如下结果.

命题 1^[3]

$$S_i = C_i \cup L^{-1}(C_i) \cup \dots \cup L^{-T_t}(C_i). \tag{10}$$

命题 2^[3]

$$\begin{cases} L^{-1}(p) = \{\delta_{2^n}^j | \text{Col}_j(L) = p\}, \\ L^{-k}(p) = \{\delta_{2^n}^j | \text{Col}_j(L^k) = p\}, k = 2, \dots, T_t. \end{cases} \tag{11}$$

分析布尔网络的结构矩阵, 同样可以得到吸引子的吸引域.

记布尔网络中的状态 $Y_j = (X_1^j, X_2^j, \dots, X_n^j)$, $j = 1, 2, \dots, 2^n$. 将其转化为代数形式 $y_j = \times_{i=1}^n x_i^j$, 考虑布尔网络 (4) 的吸引子 $\{C_i | i = 1, \dots, k\}$, 将其按照 $[C_1, C_2, \dots, C_k]$ 的顺序排列, 其中 $\{C_i | i = 1, 2, \dots, m\}$ 为不动点, 则吸引子中所包含的状态被排列为

$$[Y_{11}, Y_{12}, \dots, Y_{1p_1}, \dots, Y_{k1}, Y_{k2}, \dots, Y_{kp_i}]. \quad (12)$$

将该布尔网络的全部瞬态按上述排列后, 得到 2^n 个状态的排列

$$[Y_{i_1}, Y_{i_2}, \dots, Y_{i_{2^n}}], \quad (13)$$

并有与之对应的矩阵 $[y_{i_1}, y_{i_2}, \dots, y_{i_{2^n}}] = \delta_{2^n} [d_1, d_2, \dots, d_{2^n}]$. 由此可得置换矩阵 M , 其中

$$M(i, j) = \begin{cases} 1, & j = d_i; \\ 0, & \text{otherwise.} \end{cases} \quad (14)$$

新的结构矩阵 $H = MLM' = [H_1, H_2, \dots, H_{2^n}]$.

记矩阵 D_i 为吸引子 C_i 对应的轮换生成的逻辑矩阵, 若 C_i 为不动点, 则 $D_i = 1$, 于是存在正整数 k , 使得

$$H^k = \begin{bmatrix} C_1 & & & h_{1kp_i+1} & \dots & h_{12^n} \\ & C_2 & & h_{2kp_i+1} & \ddots & h_{22^n} \\ & & \ddots & \vdots & \ddots & \vdots \\ & & & C_i & h_{ikp_i+1} & \dots & h_{i2^n} \\ & & & & 0 & & \\ & & & & & \ddots & \\ & & & & & & 0 \end{bmatrix}. \quad (15)$$

H^k 为逻辑矩阵, 对于所有 $b = kp_i + 1, \dots, 2^n$, h_{ab} ($a = 1, 2, \dots, i$) 中有且只有一个非零向量. 若 h_{ij} 为非零向量, 则状态 Y_j 收敛于吸引子 C_i , 由此可以得到每个吸引子的吸引域.

考虑文献 [73] 的例子可以看到, 对比以往的方法, 基于代数形式可以准确找出布尔网络所有的吸引子.

例 2 有如下布尔网络^[73]:

$$\begin{cases} A(t+1) = 1 + C(t) + F(t) + C(t)F(t), \\ B(t+1) = A(t), \\ C(t+1) = B(t), \\ D(t+1) = \\ 1 + C(t) + F(t) + I(t) + C(t)F(t) + \\ C(t)I(t) + F(t)I(t) + C(t)F(t)I(t), \\ E(t+1) = D(t), \\ F(t+1) = E(t), \\ G(t+1) = 1 + F(t) + I(t) + F(t)I(t), \\ H(t+1) = G(t), \\ I(t+1) = H(t). \end{cases}$$

可得结构矩阵的非零平凡幂为 $\text{tr}(L^2) = 4$, $\text{tr}(L^6) = 64$. 根据定理 1, 该布尔网络没有不动点, 有 2 个长度为 2 的极限环和 10 个长度为 6 的极限环, 同时可以计算出首次重复的 L_k 为 $L_3 = L_9$, 即 $T_i = 3^{[3]}$.

在同样的布尔网络中, 文献 [73] 关于不动点和

长度为 2 的极限环的结论与上述结果一致, 但文献 [73] 仅找到 6 个长度为 6 的极限环. 基于代数形式研究吸引子具有更强的准确性.

例 3 将例 1 布尔网络的逻辑表达式转化为代数形式, 有

$$x(t+1) = Lx(t), \quad (16)$$

其中 $x(t) = x_1(t) \times x_2(t) \times x_3(t)$. 结构矩阵

$$L = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 \end{bmatrix} = \delta_8 [4 \ 2 \ 7 \ 5 \ 4 \ 4 \ 8 \ 8]. \quad (17)$$

删除 L 中的 0 行和对应的列, 得到

$$L' = \delta_4 [1 \ 3 \ 2 \ 4], \quad (18)$$

置换

$$\begin{bmatrix} 1 & 2 & 3 & 4 \\ 1 & 3 & 2 & 4 \end{bmatrix} = (1)(4)(2 \ 3),$$

由此可得该布尔网络有 2 个不动点 $C_1 = \delta_8^2$, $C_2 = \delta_8^8$, 有 1 个长度为 2 的极限环 $C_3 = \{\delta_8^4, \delta_8^5\}$, 并得到置换矩阵

$$M = \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \end{bmatrix}. \quad (19)$$

进而有

$$H = MLM' = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \end{bmatrix}, \quad (20)$$

$$H^2 = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}. \quad (21)$$

于是得到 $S_1 = \{\delta_8^2\}$, $S_2 = \{\delta_8^8, \delta_8^3, \delta_8^7\}$, $S_3 = \{\delta_8^4, \delta_8^5, \delta_8^1, \delta_8^6\}$.

基于布尔网络的代数形式求吸引子还有许多其他方法. 文献 [108] 基于矩阵表达式, 将布尔变换不动点的存在性问题转化为代数方程组的求解问题. 文献 [109] 通过对布尔网络的特征值和特征向量做进一步研究, 仅利用结构矩阵的秩和1-特征向量得到布尔网络吸引子的结构. 文献 [110] 利用布尔矩阵的特征值和特征向量, 通过对约化行列式的列操作来分析给定的布尔网络吸引子. 文献 [111-112] 通过说明简化的和原始的布尔网络具有相同的拓扑结构, 并分别提出了减小尺寸的方法, 为分析大型布尔网络的拓扑结构提供了极大便利.

2.5 其他布尔网络的拓扑结构

随着对布尔网络吸引子研究的深入, 诸多学者对其他类型的布尔网络展开研究. 文献 [113] 讨论了奇异布尔网络

$$Ex(t+1) = Mx(t) \quad (22)$$

的不动点和极限环问题. 其中: $x(t) = \times_{i=1}^n x_i(t)$; $E, M \in \mathcal{L}_{2^n \times 2^n}$; $\text{rank}(E) = 2^r \leq 2^n$. 文献指出奇异布尔网络 (22) 的不动点数量 N_e 等于使 $\text{Col}_i(E) = \text{Col}_i(M)$ 的 i 的个数, 长度为2的极限环的数量 N_2 等于使 $\text{Col}_i(E) = \text{Col}_j(M)$ 且 $\text{Col}_i(M) = \text{Col}_j(E)$ 的对 (i, j) 的个数. 文献 [114] 进一步讨论了奇异布尔网络的拓扑结构, 通过定义包含所有状态转移信息的奇异布尔网络的转移矩阵计算了不动点和极限环.

文献 [115] 利用结构矩阵, 给出了异步随机布尔网络在不同更新策略下的代数表达式. 在此基础上, 文献 [116] 给出了在任意连通的异步随机布尔网络中寻找所有吸引子及其吸引域的方法. 文献 [116] 提出可以通过在一个缩减的可行有限元素集合中, 由小到大依次搜索吸引子, 并计算每个吸引子的吸引域, 将其从可行集中移除, 直至可行集为空的方法找到所有吸引子和对应的吸引域. 文献 [117] 提出了在特定的异步多值布尔网络中判断给定状态是否属于长度为 s 的松散吸引子的充要代数判据, 给出了其吸引子个数的计算公式和检测所有吸引子及吸引域的算法.

3 基于图的方法求吸引子

布尔网络是由网络拓扑定义的离散动力系统, 其节点之间的相互连接和影响方式可以通过接线图来表示. 对于有 n 个节点的布尔网络, 在 t 时刻的状态是指 $X(t) = (X_1(t), X_2(t), \dots, X_n(t))$, 其中 $X_i(t) \in \{0, 1\}$, $i = 1, 2, \dots, n$. 状态空间为 $\{0, 1\}^n = \{(0, 0, \dots, 0), (0, 0, \dots, 1), \dots, (1, 1, \dots, 1)\}$, 其大小等于

2^n . 给定当前状态 $X(t)$, 通过计算 n 个布尔函数来获得下一步的状态 $X(t+1)$. 如果允许 $X(t)$ 是 2^n 个可能状态中的任意一个, 则根据一步状态转移, 可以为布尔网络构建一个称为状态转移图的有向图.

定义 6^[1] 布尔网络的接线图是一个有向图, 顶点代表布尔网络中的各个节点, 有向边表示一个节点对另一个节点的影响关系. 例如, 如果节点 X_i 通过某种布尔函数影响节点 X_j , 则图中会有一条从 X_i 指向 X_j 的有向边.

接线图描述了布尔网络中节点之间的交互关系, 明确了节点间相互作用.

定义 7^[1] 布尔网络的状态转移图是一个有向图 $G(V, E)$. 其中: V 是由 2^n 个顶点组成的集合, 每个顶点对应一个布尔网络的状态; E 是由 2^n 条边组成的集合, 每条边从一个状态指向其下一状态.

该图展示了每个状态与其下一步状态之间的关系, 从而完整反映了网络的动态演化过程. 无论从哪个初始状态开始, 网络最终会达到一组状态, 称为极限环 (状态转移图中的一个闭合路径), 之后网络将不断在这些状态中循环. 一个布尔网络可能有多个吸引子环. 如果一个极限环中只包含一个状态, 则称之为单吸引子. 所有最终演变为同一极限环的状态构成了其吸引域. 不同的吸引域在状态转移图中表现为不相交的子图. 布尔网络的长期行为由其吸引子表征.

为了更好地理解布尔网络的接线图、状态转移图、吸引子和吸引域的概念, 下面通过一个具体例子进行说明.

例 4 考虑一个具有 3 个状态节点的布尔网络, 其动态描述为

$$\begin{cases} X_1(t+1) = X_2(t) \wedge X_3(t), \\ X_2(t+1) = X_3(t), \\ X_3(t+1) = X_1(t) \vee X_2(t). \end{cases} \quad (23)$$

布尔网络 (23) 的接线图如图 1 所示. 对于状态 $X(t) = (0, 0, 0)$, 由动态更新方程 (23) 得到其下一步状态为 $X(t+1) = (0, 0, 0)$, 即该状态保持不变. 对于状态 $(0, 0, 1)$, 其下一步则会转移至状态 $(0, 1, 0)$. 同样地, 通过动态更新方程, 可以依次计算出其他状态 $(0, 1, 0), \dots, (1, 1, 1)$ 的下一步转移情况. 由所有状态的下一步转移可得状态转移图 2. 可以看出, $(0, 0, 1) \rightarrow (0, 1, 0) \rightarrow (0, 0, 1)$ 是布尔网络 (23) 的极限环, 并且吸引域包含 4 个状态 $\{(1, 1, 0), (1, 0, 0), (0, 0, 1), (0, 1, 0)\}$; 状态 $(1, 1, 1)$ 和 $(0, 0, 0)$ 均为布尔网络 (23) 的单例吸引子, 吸引域的大小分别为 3 和

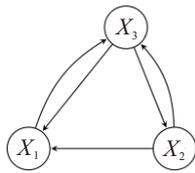


图1 布尔网络接线图

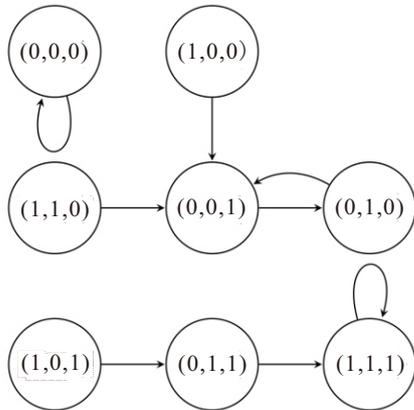


图2 布尔网络 (23) 的状态转移图

1. 这 3 个吸引子将状态转移图 2 分成了 3 个不相交的子图。

寻找布尔网络吸引子的最基本方法是构建其状态转移图, 该方法能够保证找到每一个吸引子的循环, 即通过全面分析状态空间, 确保所有可能的吸引子均被识别^[1]。然而, 这种穷尽搜索方法并不实际可行, 因为随着网络规模的增加, 状态空间的大小会呈指数级增长。具体而言, 对于一个具有 n 个节点的布尔网络, 其状态空间的大小为 2^n , 即使只有 10 个节点, 状态转移图的顶点个数也有 1 024, 这一数目随着 n 的增大会迅速变得非常庞大。因此, 穷举搜索通常只在具有 20 个或更少节点的网络上尝试^[74] (例如文献 [118-119])。然而, 现实生活中的系统网络往往包含 20 个以上节点, 要求对这些更大规模的网络进行动态分析, 这使得寻找吸引子的需求变得更加迫切。对于这些大规模网络, 一种替代方法是对 2^n 个可能状态进行抽样, 并对每个状态进行模拟, 直到达到吸引子循环或达到最大步数限制。这种基于抽样的技术已经在多项研究中得到应用^[120-122], 但它无法保证找到每一个吸引子。

单吸引子是最简单的吸引子形式, 在布尔网络中对应于稳态。稳态通常具有重要的生物学意义, 常常与不同的细胞类型或生物系统的特定状态密切相关^[123]。因此, 识别稳态对于深入理解生物系统的动态行为至关重要。针对这一需求, 许多研究已经致力于开发快速识别单点吸引子的算法和方法。文献 [124] 提出的几种算法结合了基因排序和反馈顶点集, 用于识别布尔网络中的单点吸引子和小型吸引子。文

献 [125] 提出了一种专门用于检测给定 AND/OR 布尔网络中单点吸引子的算法, 其中每个节点的布尔函数被限制为邻居节点的合取或析取。此外, 文献 [126] 针对最大入度为 2 的布尔网络, 提出了一种查找单点吸引子的算法, 该算法相较于朴素算法稍有提升。在受限于 (有符号) 网络拓扑的布尔网络中, 单吸引子数量的上限已经通过最小 (正) 反馈顶点集进行了描述^[127]。文献 [128] 则研究了在任意网络拓扑下, 满足特定条件时预期的单点吸引子数量。

上述方法在设计中利用网络图的部分特性, 揭示了单点吸引子的识别过程与网络拓扑结构之间的紧密联系。然而, 对于复杂的大规模布尔网络, 这些方法在计算效率和适用性上仍存在一定的局限性, 难以应对网络规模的迅速增长。为了处理这一问题, 针对一般大规模布尔网络的研究重点逐渐转向通过优化和简化网络结构的方法来有效地寻找单点吸引子和极限环。下面介绍这些更具普遍性且适用于大规模布尔网络的吸引子检测方法。

1) 网络划分: 将整体网络分解为若干较小的子网络, 分别计算每个子网络的吸引子, 再将其结果综合, 构建出整个网络的吸引子。文献 [85] 针对最大入度不超过 3 的网络, 采用基于强连通分量的划分方法, 将给定网络分解为较小的模块。通过独立检测每个模块的稳态, 再将其组合以构建原始布尔网络的整体稳态。文献 [88] 提出了一种改进的基于强连通分量分解的新方法, 适用于平均入度较大的网络。文献 [93] 针对异步更新的布尔网络, 提出了一种基于强连通分量分解的方法, 对块按依赖关系进行排序, 并在吸引子检测过程中综合考虑其所依赖的块, 从而逐步确定每个块的吸引子。然而, 基于强连通分量的划分策略在实际生物网络中往往不适用。文献 [129] 提出了一种基于最小必要块的最优划分算法, 确保每个子网络在规模和最大入度上都已缩小至极限, 任何节点或边的删除都会影响网络稳态的正确识别。该算法在高最大入度的大规模网络 (节点数可达 1 000) 中表现优异。文献 [86] 将每个子网络建模为布尔控制网络, 然后通过寻找各子网络的输入-状态环, 并将这些环进行组合以揭示整个网络的吸引子, 适用于中大型网络的吸引子查找。文献 [130] 通过适当的规定将多个单独的布尔模块链接在一起, 形成互连的布尔网络, 利用模块的吸引子构成的渐近图来分析布尔网络的吸引子。

2) 网络缩减: 删除部分节点来有效简化网络, 计算简化的网络中的吸引子, 推导出原网络的吸引子。文献 [131] 提出了一种通过简化有序多值决策图, 迭

代地移除多值逻辑网络中无自环节点的方法,该方法能够保留系统的单点吸引子,但可能会在简化模型中引入虚假振荡.文献[132]针对布尔网络,首先通过算法删除网络中无功能的边,随后进一步删除无自环的顶点,使得原始网络与缩减网络在拓扑特性上保持一致.文献[43]针对异步更新的布尔网络,提出了一种两步网络缩减方法,首先识别并消除已稳定的节点,然后迭代合并入度和出度均为1的简单中介节点,并用数学严格地证明了该方法不仅能保留系统的固定点,还能保留一般异步布尔模型中的复杂吸引子.同样地针对异步更新的布尔网络,文献[133]引入了一种新颖的网络缩减方法,通过在扩展网络中使用拓扑标准来识别稳定于固定状态的网络节点,有效缩减网络规模,该方法的显著优势在于能够应用于规模达到200个节点甚至更大的大型网络.文献[134]改进了基于前代的方法,结合常量节点的识别与布尔网络的简化,先计算简化网络的吸引子,再推导出原始网络的吸引子.对于平均度较低的网络,该算法能够获取包含数十甚至数百个节点的网络的所有吸引子.

4 总结与展望

本文对逻辑动态系统拓扑结构相关研究进行梳理和总结,从3个角度总结了用于计算布尔网络吸引子及其吸引域的方法.首先,从动态演化的角度总结同步、异步和随机布尔网络中对吸引子的研究方法;其次,梳理了基于矩阵半张量积研究拓扑结构的相关成果,给出吸引子和吸引域的具体计算方法,进而给出基于图论方法对拓扑结构的讨论和研究;最后,对未来的研究工作进行展望,以期对逻辑动态系统感兴趣的研究者提供思考的方向.

1) 探索新的研究工具:除前文涉及的用逻辑表达式、矩阵半张量积方法表示布尔网络外,近期有学者利用Koopman方法得到布尔网络的Koopman表示^[135],然而基于该方法对布尔网络吸引子的探究仍有很多空白.此外,利用人工智能、拓扑数据分析、形式化方法等工具来探索布尔网络的吸引子问题展现出一定的潜力,有望为相关领域的研究带来新的生机与活力.

2) 基于拓扑结构的鲁棒性:网络拓扑结构决定网络功能,当拓扑结构遭到攻击或破坏时,网络所能承担的功能会有所变化,功能变化越小的网络具有越高的鲁棒性.因此,研究逻辑动态系统拓扑结构的鲁棒性能够为构造稳健的网络提供理论指导.在这一框架下,如何量化鲁棒性、不同的网络拓扑结构

(如随机网络、小世界网络、无标度网络)对鲁棒性有何影响、如何通过调整网络拓扑结构来增强系统的鲁棒性等问题都具有重要的研究意义.

3) 基于拓扑结构的控制问题:一是已知拓扑结构的控制问题,在已知拓扑结构的情况下,结合牵制控制、状态翻转控制等以期在最少的控制成本下实现预期的控制目标;二是未知拓扑结构的控制问题,当系统的拓扑结构未知或部分未知的情况下,首先利用强化学习、数据驱动等方法辨识系统模型或辨识系统的拓扑结构,进一步研究系统拓扑结构的相关性质以及最优控制等问题.

3) 计算复杂度的降低:网络节点越多,系统的维数便越高,对计算机的计算性能要求也越高,如何降低系统计算的复杂度是目前研究逻辑动态系统面临的一个大的挑战.可尝试结合降维技术(如t-SNE、UMAP)处理高维状态空间,也可以考虑互模拟技术实现计算复杂度的降低.通过互模拟实现模型降阶,保证降阶后的系统与原系统有相同的拓扑结构,从而达到降低计算维数、减少计算量、节省计算时间和计算机CPU负荷的效果.同时,在寻求更低的复杂度时,要平衡好计算效率与模型精度的关系,将近似算法与精确求解相结合.

参考文献 (References)

- [1] Kauffman S A. Metabolic stability and epigenesis in randomly constructed genetic nets[J]. *Journal of Theoretical Biology*, 1969, 22(3): 437-467.
- [2] Cheng D Z, Qi H S, Zhao Y. An introduction to semi-tensor product of matrices and its applications[M]. Hackensack: World Scientific, 2012.
- [3] Cheng D Z, Qi H S, Li Z Q. Analysis and control of boolean networks: A semi-tensor product approach[M]. London: Springer, 2011.
- [4] Li F F, Sun J T. Stability and stabilization of multivalued logical networks[J]. *Nonlinear Analysis: Real World Applications*, 2011, 12(6): 3701-3712.
- [5] Li H T, Wang Y Z. Minimum-time state feedback stabilization of constrained Boolean control networks[J]. *Asian Journal of Control*, 2016, 18(5): 1688-1697.
- [6] Meng M, Liu L, Feng G. Stability and l_1 gain analysis of Boolean networks with Markovian jump parameters[J]. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 2017, 62(8): 4222-4228.
- [7] Yu Y Y, Meng M, Feng J E, et al. Stabilizability analysis and switching signals design of switched Boolean networks[J]. *Nonlinear Analysis: Hybrid Systems*, 2018, 30: 31-44.
- [8] Li H T, Xu X J, Ding X Y. Finite-time stability analysis of stochastic switched Boolean networks with

- impulsive effect[J]. *Applied Mathematics and Computation*, 2019, 347: 557-565.
- [9] Cheng D Z, Qi H S, Li Z Q, et al. Stability and stabilization of Boolean networks[J]. *International Journal of Robust and Nonlinear Control*, 2011, 21(2): 134-156.
- [10] Li H T, Wang Y Z. Controllability analysis and control design for switched Boolean networks with state and input constraints[J]. *SIAM Journal on Control and Optimization*, 2015, 53(5): 2955-2979.
- [11] Guo Y Q. Controllability of Boolean control networks with state-dependent constraints[J]. *Science China Information Sciences*, 2016, 59(3): 32202.
- [12] Lu J Q, Zhong J, Daniel W C H, et al. On controllability of delayed Boolean control networks[J]. *SIAM Journal on Control and Optimization*, 2016, 54(2): 475-494.
- [13] Liu Y, Chen H W, Lu J Q, et al. Controllability of probabilistic Boolean control networks based on transition probability matrices[J]. *Automatica*, 2015, 52: 340-345.
- [14] Meng M, Xiao G X, Zhai C, et al. Controllability of Markovian jump Boolean control networks[J]. *Automatica*, 2019, 106: 70-76.
- [15] Laschov D, Margaliot M. Controllability of Boolean control networks via the Perron–Frobenius theory[J]. *Automatica*, 2012, 48(6): 1218-1223.
- [16] Zhang K Z, Zhang L J. Observability of Boolean control networks: A unified approach based on finite automata[J]. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 2016, 61(9): 2733-2738.
- [17] Zhang K Z, Johansson K H. Efficient verification of observability and reconstructibility for large Boolean control networks with special structures[J]. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 2020, 65(12): 5144-5158.
- [18] Cheng D Z, Li C X, He F H. Observability of Boolean networks via set controllability approach[J]. *Systems & Control Letters*, 2018, 115: 22-25.
- [19] 王彪, 冯俊娥. 关于布尔控制网络的能观性和能检性的研究现状[J]. *控制与决策*, 2020, 35(9): 2049-2058. (Wang B, Feng J E. Recent development on observability and detectability of Boolean control networks[J]. *Control and Decision*, 2020, 35(9): 2049-2058.)
- [20] Li H T, Yang X R, Wang S L. Robustness for stability and stabilization of Boolean networks with stochastic function perturbations[J]. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 2021, 66(3): 1231-1237.
- [21] Li H T, Yang X R, Wang S L. Perturbation analysis for finite-time stability and stabilization of probabilistic Boolean networks[J]. *IEEE Transactions on Cybernetics*, 2021, 51(9): 4623-4633.
- [22] Li X, Li H, Zhao G. Function perturbation impact on feedback stabilization of Boolean control networks[J]. *IEEE Transactions on Neural Networks and Learning Systems*, 2019, 30(8): 2548-2554.
- [23] Li H T, Wang S L, Li X D, et al. Perturbation analysis for controllability of logical control networks[J]. *SIAM Journal on Control and Optimization*, 2020, 58(6): 3632-3657.
- [24] Wang S, Li H. Graph-based function perturbation analysis for observability of multivalued logical networks[J]. *IEEE Transactions on Neural Networks and Learning Systems*, 2021, 32(11): 4839-4848.
- [25] Lu J Q, Zhong J, Huang C, et al. On pinning controllability of Boolean control networks[J]. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 2016, 61(6): 1658-1663.
- [26] Yang Q Q, Li H T, Liu Y S. Pinning control design for feedback stabilization of constrained Boolean control networks[J]. *Advances in Difference Equations*, 2016, 2016(1): 1-16.
- [27] Li F F. Pinning control design for the stabilization of Boolean networks[J]. *IEEE Transactions on Neural Networks and Learning Systems*, 2016, 27(7): 1585-1590.
- [28] Lu J Q, Liu R, Lou J, et al. Pinning stabilization of Boolean control networks via a minimum number of controllers[J]. *IEEE Transactions on Cybernetics*, 2021, 51(1): 475-494.
- [29] Li F F, Tang Y. Pinning controllability for a Boolean network with arbitrary disturbance inputs[J]. *IEEE Transactions on Cybernetics*, 2021, 51(6): 3338-3347.
- [30] Liu Z Q, Cheng D Z, Liu J. Pinning control of Boolean networks via injection mode[J]. *IEEE Transactions on Control of Network Systems*, 2021, 8(2): 749-756.
- [31] Pal R, Datta A, Dougherty E R. Optimal infinite-horizon control for probabilistic Boolean networks[J]. *IEEE Transactions on Signal Processing*, 2006, 54(6): 2375-2387.
- [32] Liu Q, Guo X, Zhou T. Optimal control for probabilistic Boolean networks[J]. *IET Systems Biology*, 2010, 4(2): 99-107.
- [33] Li F F, Lu X W. Minimum energy control and optimal-satisfactory control of Boolean control network[J]. *Physics Letters A*, 2013, 377(43): 3112-3118.
- [34] Li F F, Lu X W, Yu Z X. Optimal control algorithms for switched Boolean network[J]. *Journal of the Franklin Institute*, 2014, 351(6): 3490-3501.
- [35] Huang S, Ingber D E. Shape-dependent control of cell growth, differentiation, and apoptosis: Switching between attractors in Cell Regulatory networks[J]. *Experimental cell research*, 2000, 261(1): 91-103.
- [36] Huang S. Genomics, complexity and drug discovery: Insights from Boolean network models of cellular regulation[J]. *Pharmacogenomics*, 2001, 2(3): 203-222.
- [37] Kitano H. Systems biology: A brief overview[J]. *Science*, 2002, 295(5560): 1662-1664.
- [38] Kitano H. Computational systems biology[J]. *Nature*, 2002, 420(6912): 206-210.
- [39] Lähdesmäki H, Shmulevich I, Yli-Harja O. On learning

- gene regulatory networks under the Boolean network model[J]. *Machine Learning*, 2003, 52(1/2): 147-167.
- [40] Dougherty J, Tabus I, Astola J. Inference of gene regulatory networks based on a universal minimum description length[J]. *EURASIP Journal on Bioinformatics and Systems Biology*, 2008: 482090.
- [41] Liu W, Lähdesmäki H, Dougherty E R, et al. Inference of Boolean networks using sensitivity regularization[J]. *EURASIP Journal on Bioinformatics and Systems Biology*, 2008(1): 780541.
- [42] Akutsu T, Kuhara S, Maruyama O, et al. A system for identifying genetic networks from gene expression patterns produced by gene disruptions and overexpressions[J]. *Genome Inform Ser Workshop Genome Inform*, 1998, 9: 151-160.
- [43] Saadatpour A, Albert R, Reluga T C. A reduction method for Boolean network models proven to conserve attractors[J]. *SIAM Journal on Applied Dynamical Systems*, 2013, 12(4): 1997-2011.
- [44] 赵千川. 具有少量基本回路布尔网络的不动点[J]. *控制理论与应用*, 2014, 31(7): 915-920.
(Zhao Q C. Fixed points of Boolean networks with small number of elementary circuits[J]. *Control Theory & Applications*, 2014, 31(7): 915-920.)
- [45] Kauffman S A. At home in the universe: The search for laws of self-organization and complexity[M]. New York: Oxford University Press, 1995.
- [46] Aracena J, Cabrera-Crot L, Salinas L. Finding the fixed points of a Boolean network from a positive feedback vertex set[J]. *Bioinformatics*, 2021, 37(8): 1148-1155.
- [47] Zheng D, Yang G, Li X, et al. An efficient algorithm for finding attractors in synchronous Boolean networks with biochemical applications[J]. *Genetics and Molecular Research*, 2013, 12(4): 4656-4666.
- [48] Muskhofa M, Torres G, van de Peer Y, et al. ASP-G: An ASP-based method for finding attractors in genetic regulatory networks[J]. *Bioinformatics*, 2014, 30(21): 3086-3092.
- [49] Saadatpour A, Albert I, Albert R. Attractor analysis of asynchronous Boolean models of signal transduction networks[J]. *Journal of Theoretical Biology*, 2010, 266(4): 641-656.
- [50] Thomas R. Regulatory networks seen as asynchronous automata: A logical description[J]. *Journal of Theoretical Biology*, 1991, 153(1): 1-23.
- [51] 骆超. 混沌和异步布尔网络中若干问题的研究[D]. 大连: 大连理工大学, 2013.
(Luo C. Research on some problems in chaotic and asynchronous Boolean networks[D]. Dalian: Dalian University of Technology, 2013.)
- [52] Dubrova E, Teslenko M, Tenhunen H. A computational model based on random Boolean networks[C]. 2007 2nd Bio-Inspired Models of Network, Information and Computing Systems. Budapest, 2007: 24-31.
- [53] Moisset de Espanés P, Osses A, Rapaport I. Fixed-points in random Boolean networks: The impact of parallelism in the barabási — Albert scale-free topology case[J]. *Biosystems*, 2016, 150: 167-176.
- [54] Harvey I, Bossomaier T. Time out of joint: Attractors in asynchronous random Boolean networks[C]. Proceedings of the Fourth European Conference on Artificial Life. Cambridge: MIT Press, 1997: 67-75.
- [55] Gershenson C. Classification of random Boolean networks[C]. Proceedings of the Eighth International Conference on Artificial Life. Cambridge: MIT Press, 2003: 1-8.
- [56] Van Giang T, Hiraishi K. Algorithms for finding attractors of generalized asynchronous random Boolean networks[C]. 2019 12th Asian Control Conference. Kitakyushu, 2019: 67-72.
- [57] Akutsu T, Zhao Y, Hayashida M, et al. Integer programming-based approach to attractor detection and control of Boolean networks[J]. *IEICE Transactions on Information and Systems*, 2012, 95(12): 2960-2970.
- [58] Berntsen N, Ebeling M. Detection of attractors of large Boolean networks via exhaustive enumeration of appropriate subspaces of the state space[J]. *BMC Bioinformatics*, 2013, 14: 1-10.
- [59] Hopfensitz M, Müssel C, Maucher M, et al. Attractors in Boolean networks: A tutorial[J]. *Computational Statistics*, 2013, 28(1): 19-36.
- [60] Zheng D S, Yang G W, Li X Y, et al. An efficient algorithm for computing attractors of synchronous and asynchronous Boolean networks[J]. *PLoS One*, 2013, 8(4): e60593.
- [61] Cao Y, Pi W Y, Lin C Y, et al. Common attractors in multiple Boolean networks[J]. *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics*, 2023, 20(5): 2862-2873.
- [62] Kauffman S. Homeostasis and differentiation in random genetic control networks[J]. *Nature*, 1969, 224(5215): 177-178.
- [63] Chang C J, Tamura T, Chao K M, et al. A fixed-parameter algorithm for detecting a singleton attractor in an AND/OR Boolean network with bounded treewidth[J]. *IEICE Transactions on Fundamentals of Electronics, Communications and Computer Sciences*, 2015, 98(1): 384-390.
- [64] He Q B, Xia Z L, Lin B. P_UNSAT approach of attractor calculation for Boolean gene regulatory networks[J]. *Journal of Theoretical Biology*, 2018, 447: 171-177.
- [65] Ruz G A, Timmermann T, Barrera J, et al. Neutral space analysis for a Boolean network model of the fission yeast cell cycle network[J]. *Biological Research*, 2014, 47(1): 64.
- [66] Münzner U, Mori T, Krantz M, et al. Identification of periodic attractors in Boolean networks using a priori information[J]. *PLoS Computational Biology*, 2022, 18(1): e1009702.
- [67] Mori T, Akutsu T. Attractor detection and enumeration algorithms for Boolean networks[J]. *Computational and*

- [Structural Biotechnology Journal](#), 2022, 20: 2512-2520.
- [68] Davidich M I, Bornholdt S. Boolean network model predicts cell cycle sequence of fission yeast[J]. [PLoS One](#), 2008, 3(2): e1672.
- [69] Zhao Q. A remark on “ scalar equations for synchronous Boolean networks with biological applications” by C. Farrow, J. Heidel, J. Maloney, and J. Rogers[J]. [IEEE Transactions on Neural Networks](#), 2005, 16(6): 1715-1716.
- [70] Akutsu T, Kosub S, Melkman A A, et al. Finding a periodic attractor of a Boolean network[J]. [IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics](#), 2012, 9(5): 1410-1421.
- [71] Farrow C, Heidel J, Maloney J, et al. Scalar equations for synchronous Boolean networks with biological applications[J]. [IEEE Transactions on Neural Networks](#), 2004, 15(2): 348-354.
- [72] Farrow C. Reduction of Boolean networks to scalar form[D]. Omaha: University of Nebraska, 2002.
- [73] Heidel J, Maloney J, Farrow C, et al. Finding cycles in synchronous Boolean networks with applications to biochemical systems[J]. [International Journal of Bifurcation and Chaos](#), 2003, 13(3): 535-552.
- [74] Irons D J. Improving the efficiency of attractor cycle identification in Boolean networks[J]. [Physica D: Nonlinear Phenomena](#), 2006, 217(1): 7-21.
- [75] Albert R, Othmer H G. The topology of the regulatory interactions predicts the expression pattern of the segment polarity genes in *Drosophila melanogaster*[J]. [Journal of Theoretical Biology](#), 2003, 223(1): 1-18.
- [76] Krumsiek J, Pölsterl S, Wittmann D M, et al. Odefy — From discrete to continuous models[J]. [BMC Bioinformatics](#), 2010, 11: 233.
- [77] Karl S, Dandekar T. Jimena: Efficient computing and system state identification for genetic regulatory networks[J]. [BMC Bioinformatics](#), 2013, 14: 306.
- [78] Garg A, Xenarios L, Mendoza L, et al. Research in computational molecular biology[M]. Berlin: Springer, 2007.
- [79] Qu H, Yuan Q, Pang J, et al. Improving BDD-based attractor detection for synchronous Boolean networks[C]. Proceedings of the 7th Asia-Pacific Symposium on Internetwork. Wuhan, 2015: 212-220.
- [80] di Cara A, Garg A, de Micheli G, et al. Dynamic simulation of regulatory networks using SQUAD[J]. [BMC Bioinformatics](#), 2007, 8: 462.
- [81] Bryant R E. Graph-based algorithms for Boolean function manipulation[J]. [IEEE Transactions on Computers](#), 1986, 100(8): 677-691.
- [82] Biere A, Cimatti A, Clarke E M, et al. Symbolic model checking using SAT procedures instead of BDDs[C]. Proceedings of the 36th annual ACM/IEEE Design Automation Conference. New Orleans, 1999: 317-320.
- [83] Dubrova E, Teslenko M. A SAT-based algorithm for finding attractors in synchronous Boolean networks[J]. [Transactions on Computational Biology and Bioinformatics](#), 2011, 8(5): 1393-1399.
- [84] Clarke E, Biere A, Raimi R, et al. Bounded model checking using satisfiability solving[J]. [Formal Methods in System Design](#), 2001, 19(1): 7-34.
- [85] Guo W, Yang G, Wu W, et al. A parallel attractor-finding algorithm based on Boolean satisfiability for genetic regulatory networks[J]. [PLoS One](#), 2014, 9(4): e94258.
- [86] Zhao Y, Kim J, Filippone M. Aggregation algorithm towards large-scale Boolean network analysis[J]. [IEEE Transactions on Automatic Control](#), 2013, 58(8): 1976-1985.
- [87] Le Coënt A, Fribourg L, Soulat R. Compositional analysis of Boolean networks using local fixed-point iterations[C]. Reachability Problems. Cham: Springer International Publishing, 2016: 134-147.
- [88] Yuan Q X, Mizera A, Pang J, et al. A new decomposition-based method for detecting attractors in synchronous Boolean networks[J]. [Science of Computer Programming](#), 2019, 180: 18-35.
- [89] Filippone M, Camastra F, Masulli F, et al. A survey of kernel and spectral methods for clustering[J]. [Pattern Recognition](#), 2008, 41(1): 176-190.
- [90] Leicht E A, Newman M E J. Community structure in directed networks[J]. [Physical Review Letters](#), 2008, 100(11): 118703.
- [91] Dubrova E, Teslenko M, Martinelli A. Kauffman networks: Analysis and applications[C]. IEEE/ACM International Conference on Computer-Aided Design. San Jose, 2005: 479-484.
- [92] Trinh V G, Hiraishi K. A study on attractors of generalized asynchronous random Boolean networks[J]. [IEICE Transactions on Fundamentals of Electronics, Communications and Computer Sciences](#), 2020, 103(8): 987-994.
- [93] Mizera A, Pang J, Qu H Y, et al. Taming asynchrony for attractor detection in large Boolean networks[J]. [IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics](#), 2019, 16(1): 31-42.
- [94] Skodawessely T, Klemm K. Finding attractors in asynchronous Boolean dynamics[J]. [Advances in Complex Systems](#), 2011, 14(3): 439-449.
- [95] Trinh V G, Hiraishi K, Benhamou B. Computing attractors of large-scale asynchronous Boolean networks using minimal trap spaces[C]. Proceedings of the 13th ACM International Conference on Bioinformatics, Computational Biology and Health Informatics. Chicago, New York: ACM, 2022: 1-10.
- [96] Tonello E, Paulevé L. Attractor identification in asynchronous Boolean dynamics with network reduction[C]. International Conference on Computational Methods in Systems Biology. Luxembourg, 2023: 202-219.
- [97] Giang T V, Hiraishi K. An efficient method for approximating attractors in large-scale asynchronous

- Boolean models[C]. 2020 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine. Seoul, 2020: 1820-1826.
- [98] Klamer H, Siebert H. Approximating attractors of Boolean networks by iterative CTL model checking[J]. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 2015, 3: 130.
- [99] Rozum J C, Gómez T Z J, Gan X, et al. Parity and time reversal elucidate both decision-making in empirical models and attractor scaling in critical Boolean networks[J]. *Science Advances*, 2021, 7(29): eabf8124.
- [100] Kauffman S A. The origins of order: self organization and selection in evolution[M]. New York: Oxford University Press, 1993.
- [101] Esmaeili A, Jacob C. Evolutionary exploration of Boolean networks[C]. 2008 IEEE Congress on Evolutionary Computation. Hong Kong, 2008: 3396-3403.
- [102] Van Giang T, Akutsu T, Hiraishi K. An FVS-based approach to attractor detection in asynchronous random Boolean networks[J]. *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics*, 2022, 19(2): 806-818.
- [103] Van Giang T, Hiraishi K. An improved method for finding attractors of large-scale asynchronous Boolean networks[C]. 2021 IEEE Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology. Melbourne, 2021: 1-9.
- [104] Ben A E, Folschette M, Roux O, et al. ASP-based method for the enumeration of attractors in non-deterministic synchronous and asynchronous multi-valued networks[J]. *Algorithms for Molecular Biology*, 2017, 12: 1-23.
- [105] Soh T, Magnin M, Le B D, et al. SAT-based method for finding attractors in asynchronous multi-valued networks[C]. The 14th International Conference on Bioinformatics Models, Methods and Algorithms. Lisbon, 2023: 1-13.
- [106] Muskhofa M, Schockaert S, de Cock M. Computing attractors of multi-valued gene regulatory networks using fuzzy answer set programming[C]. 2016 IEEE International Conference on Fuzzy Systems. Vancouver, 2016: 1955-1962.
- [107] 程代展, 赵荣, 冯俊娥. 公理化的矩阵半张量积[J]. *控制理论与应用*, 2024, 41(7): 1172-1180. (Cheng D Z, Zhao R, Feng J E. Axiomatized semi-tensor product of matrices[J]. *Control Theory & Applications*, 2024, 41(7): 1172-1180.)
- [108] Li H T, Wang Y Z, Liu Z B. Existence and number of fixed points of Boolean transformations via the semi-tensor product method[J]. *Applied Mathematics Letters*, 2012, 25(8): 1142-1147.
- [109] Li Z Q, Song J L, Xiao H M. On the cycles of Boolean networks[C]. 2012 24th Chinese Control and Decision Conference. Taiyuan, 2012: 770-774.
- [110] Li W R, Li H T, Wu L L. Eigenvalues and eigenvectors of Boolean matrices with application to attractor analysis of Boolean networks[C]. 2023 42nd Chinese Control Conference. Tianjin, 2023: 140-145.
- [111] Yan Y Y, Yue J M, Chen Z Q. Algebraic method of simplifying Boolean networks using semi-tensor product of Matrices[J]. *Asian Journal of Control*, 2019, 21(6): 2569-2577.
- [112] Li H T, Wang Y Z. Logical matrix factorization with application to topological structure analysis of Boolean network[J]. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 2015, 60(5): 1380-1385.
- [113] Feng J E, Yao J, Cui P. Singular Boolean networks: Semi-tensor product approach[J]. *Science China Information Sciences*, 2013, 56(11): 1-14.
- [114] Meng M, Feng J E. Topological structure and the disturbance decoupling problem of singular Boolean networks[J]. *IET Control Theory & Applications*, 2014, 8(13): 1247-1255.
- [115] Li Z Q, Xiao H M, Song J L. Algebraic approach to asynchronous Boolean networks[C]. 2011 Chinese Control and Decision Conference. Mianyang, 2011: 769-773.
- [116] Yang M, Chu T. Evaluation of attractors and basins of asynchronous random Boolean networks[J]. *Physical Review E: Statistical, Nonlinear, and Soft Matter Physics*, 2012, 85(5): 056105.
- [117] Luo C, Wang X. Algebraic representation of asynchronous multiple-valued networks and its dynamics[J]. *IEEE/ACM Transactions Comput Biol Bioinform*, 2013, 10(4): 927-938.
- [118] Aldana M. Boolean dynamics of networks with scale-free topology[J]. *Physica D: Nonlinear Phenomena*, 2003, 185(1): 45-66.
- [119] Somogyi R, Greller L D. The dynamics of molecular networks: Applications to therapeutic discovery[J]. *Drug Discovery Today*, 2001, 6(24): 1267-1277.
- [120] Oosawa C, Savageau M A. Effects of alternative connectivity on behavior of randomly constructed Boolean networks[J]. *Physica D: Nonlinear Phenomena*, 2002, 170(2): 143-161.
- [121] Raeymaekers L. Dynamics of Boolean networks controlled by biologically meaningful functions[J]. *Journal of Theoretical Biology*, 2002, 218(3): 331-341.
- [122] Socolar J E S, Kauffman S A. Scaling in ordered and critical random Boolean networks[J]. *Physical Review Letters*, 2003, 90(6): 068702.
- [123] Huang S. Gene expression profiling, genetic networks, and cellular states: an integrating concept for tumorigenesis and drug discovery[J]. *Journal of molecular medicine*, 1999, 77(6): 469-480.
- [124] Zhang S Q, Hayashida M, Akutsu T, et al. Algorithms for finding small attractors in Boolean networks[J]. *EURASIP Journal on Bioinformatics and Systems Biology*, 2007, 2007: 1-13.
- [125] Tamura T, Akutsu T. An improved algorithm for detecting a singleton attractor in a Boolean network

- consisting of AND/OR nodes[C]. Algebraic Biology. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 2008: 216-229.
- [126] Akutsu T, Tamura T. On finding a fixed point in a Boolean network with maximum indegree 2[J]. IEICE Transactions on Fundamentals of Electronics Communications and Computer Sciences, 2009, 92(8): 1771-1778.
- [127] Aracena J. Maximum number of fixed points in regulatory Boolean networks[J]. *Bulletin of Mathematical Biology*, 2008, 70(5): 1398-1409.
- [128] Mori F, Mochizuki A. Expected number of fixed points in Boolean networks with arbitrary topology[J]. *Physical Review Letters*, 2017, 119(2): 028301.
- [129] Hong C, Hwang J, Cho K H, et al. An efficient steady-state analysis method for large Boolean networks with high maximum node connectivity[J]. *PLoS One*, 2015, 10(12): e0145734.
- [130] Chaves M, Tournier L. Analysis tools for interconnected Boolean networks with biological applications[J]. *Frontiers in physiology*, 2018, 9: 586.
- [131] Naldi A, Remy E, Thieffry D, et al. Dynamically consistent reduction of logical regulatory graphs[J]. *Theoretical Computer Science*, 2011, 412(21): 2207-2218.
- [132] Veliz-Cuba A. Reduction of Boolean network models[J]. *Journal of Theoretical Biology*, 2011, 289: 167-172.
- [133] Zañudo J G, Albert R. An effective network reduction approach to find the dynamical repertoire of discrete dynamic networks[J]. *Chaos*, 2013, 23(2): 025111.
- [134] He Q B, Xia Z L, Lin B. An efficient approach of attractor calculation for large-scale Boolean gene regulatory networks[J]. *Journal of Theoretical Biology*, 2016, 408: 137-144.
- [135] Qi H S, Valcher M E, Shi G D. Koopman

representation for Boolean networks[J]. *IFAC-PapersOnLine*, 2023, 56(2): 6678-6683.

作者简介

冯俊娥 (1971-), 女, 教授, 博士生导师, 主要研究方向为逻辑动态系统分析与控制, E-mail: fengjune@sdu.edu.cn;

赵荣 (1997-), 女, 博士生, 主要研究方向为逻辑网络的分析与控制, E-mail: zhaorongjy1126@163.com;

孙菁涵 (2001-), 女, 硕士生, 主要研究方向为布尔网络, E-mail: sun_jing_han@163.com;

孙凤莉 (2000-), 女, 硕士生, 主要研究方向为有限博弈, E-mail: sun_feng_li@163.com;

王菲 (2000-), 女, 硕士生, 主要研究方向为有限值博弈的理论分析与应用, Email: wangfei201101@163.com.

科研团队简介

冯俊娥教授科研团队立足于山东大学数学学院, 长期专注于逻辑网络与鲁棒控制方面的研究, 一直倡导将前沿性基础研究成果与实际应用需求紧密结合. 团队近年来对布尔网络、受限逻辑网络、有限自动机、有限演化博弈等几类有限值动态系统的分析与控制进行了深入研究, 这些系统在基因调控、信息安全、电子电路、宏观经济等诸多领域有着广泛应用, 取得了一系列高质量的科研成果, 获得了国内外同行专家的广泛关注和高度评价.

团队带头人冯俊娥教授主持国家及省部级自然科学基金项目 10 余项, 担任中国自动化学会控制理论与应用专业委员会“逻辑系统控制”学组主任, 中国自动化学会“信息物理系统控制与决策专业委员会”委员, 山东省自动化学会理事, 美国数学评论评论员, *Cogent Mathematics & Statistics* 编委, *Mathematical Modelling and Control* 编委, 《控制与决策》编委, IEEE 控制系统学会编委. 团队在 *IEEE Transactions on Automatic Control*、*Automatica* 等国内外权威控制论期刊共计发表 SCI 收录论文 100 余篇, EI 论文 50 余篇, 近 5 年累计国际和国内会议特邀报告 40 余次.