

研究报告

基于 Smote-KNN 的小麦 8 种真菌毒素共污染特征气候分类模型研究

唐昊^{1,2}, 梁江¹, 吴难¹, 李明璐¹, 杨大进¹, 张磊¹, 薛文博^{1,2}, 祝海江², 王小丹¹

(1. 国家食品安全风险评估中心, 北京 100022; 2. 北京化工大学信息科学与技术学院, 北京 100029)

摘要:目的 分析我国不同气候区域小麦真菌毒素共污染特征, 建立气候分类模型。方法 对来自 12 个省、自治区的 887 份小麦样本中脱氧雪腐镰刀菌烯醇、雪腐镰刀菌烯醇、黄曲霉毒素、赭曲霉毒素、伏马菌素、玉米赤霉烯酮、T-2 和 HT-2 共 8 种真菌毒素检测数据按样本采集地的气候类型分为温带大陆性气候、温带季风气候和亚热带季风气候 3 类。对数据进行预处理并使用 Borderline-SMOTE 方法扩充以平衡数据集。使用主成分分析方法 (PCA) 对 8 种真菌毒素检测数据进行特征降维, 选择降维后累计贡献率达 97% 的前二维特征作为小麦毒素数据特征。利用机器学习中的 K 最近邻 (KNN) 非线性分类器对上述数据特征进行分类研究, 同时使用网格搜索算法对 KNN 模型参数进行调优。采用混淆矩阵、准确率、召回率和 F1 得分 4 个指标对模型进行评价, 并比较所构建模型与支持向量机、随机森林和人工神经网络等常见分类模型在上述数据中的表现效果。结果 本文提出的 Borderline-SMOTE、PCA 与 KNN 相结合的分类模型对小麦 8 种真菌毒素共污染特征的气候分类准确率可达 98.31%, 且方法性能优于其他分类方法。结论 本文建立的分类模型能有效判别我国 3 种气候条件下小麦 8 种真菌毒素的共污染特征, 可为分地区的真菌毒素联合暴露风险评估提供依据, 并提出了一种基于食品多项检测指标进行地区分类的方法。

关键词: KNN 算法; 小麦; 真菌毒素; 共污染; 分类模型

中图分类号: R155 文献标识码: A 文章编号: 1004-8456(2023)06-0807-06

DOI: 10.13590/j.cjfh.2023.06.002

Climate classification model of co-occurrence characteristics of eight mycotoxins in wheat based on Smote-KNN

TANG Hao^{1,2}, LIANG Jiang¹, WU Nan¹, LI Minglu¹, YANG Dajin¹, ZHANG Lei¹, XUE Wenbo^{1,2}, ZHU Haijiang², WANG Xiaodan¹

(1. China National Center for Food Safety Risk Assessment, Beijing 100022, China; 2. College of Information Science and Technology, Beijing University of Chemical Technology, Beijing 100029, China)

Abstract: Objective To analyze the co-occurrence characteristics of mycotoxins in wheat, a classification model based on climatic regions of China was built. **Methods** A total of 887 wheat samples collected from 12 provinces/autonomous regions were analyzed for the concentrations of eight mycotoxins, including deoxynivalenol, nivalenol, aflatoxins, ochratoxin A, fumonisins, zearalenone, T-2 and HT-2. All the samples were divided into three groups, temperate continental climate, temperate monsoon climate and subtropical monsoon climate, according to the climate types of their sampling sites. The borderline-SMOTE method was used for sample augment to balance the data set. Principal component analysis (PCA) was applied for data dimension reduction, and the first two dimensions with a cumulative contribution rate of 97% were chosen as the characteristics of the original data. The classification of the data feature was implemented using the k-nearest neighbor (KNN) nonlinear classifier, and the parameters of the KNN model were optimized using GridSearchCV. Confusion Matrix, accuracy, recall rate and F1 score were used as the indexes for model evaluation, and the performance of this model was compared with three other common models, including support vector machine, random forest and artificial neural network. **Results** The classification accuracy of eight mycotoxins in wheat using the combination of borderline-SMOTE, PCA and KNN model reached 98.31%, and the performance of this approach was superior to other frequently used methods. **Conclusion** The classification model established in this paper

收稿日期: 2022-04-12

基金项目: 国家重点研发计划(2019YFC1606500); 中国医学科学院创新工程食品安全项目(2019-12M-5-024)

作者简介: 唐昊 男 硕士研究生 研究方向为模式识别 E-mail: wdhs00@163.com

通信作者: 王小丹 女 副研究员 研究方向为食品安全风险评估 E-mail: wangxiaodan@cfsa.net.cn

can effectively categorize the wheat samples into three climate regions based on the co-occurrence characteristics of mycotoxins, which provides a basis for region-specific cumulative risk assessment of combined mycotoxin exposure and puts forward a food classification method based on multiple food safety indicators.

Key words: K-nearest neighbor; wheat; mycotoxin; co-occurrence; classification model

粮食和饲料的真菌毒素污染是全世界面临的共同问题^[1-2]。据联合国粮食及农业组织(Food and Agriculture Organization of the United Nations, FAO)统计,全球每年约25%的粮食因真菌毒素污染而不宜食用^[3]。真菌毒素是真菌在适宜的环境条件下产生的化学结构各异、毒性作用复杂的一系列小分子次级代谢产物,广泛存在于粮食、油料、蔬菜和水果等农产品及其制品中,给人类和动物健康造成多种危害,包括肝肾损伤、免疫功能紊乱、内分泌干扰等,有些毒素还具有致癌、致畸、致突变作用^[4-6]。小麦是易受真菌毒素特别是镰刀菌毒素污染的主粮作物,其中最常见毒素是脱氧雪腐镰刀菌烯醇(Deoxynivalenol, DON),另外还可能检出黄曲霉毒素(Aflatoxin, AF)、伏马菌素(Fumonisin, FM)、玉米赤霉烯酮(Zearalenone, ZEN)等其他多种真菌毒素。我国是世界上最大的小麦生产国和消费国,小麦产量约占全球总产量的17%,了解我国小麦真菌毒素污染特征、从而有针对性地开展科学研究和制定防控措施具有重要意义。

由于真菌的生长和产毒与气候条件密切相关^[7-8],因此不同气候区域生长的小麦受真菌毒素污染的程度及多毒素共存特征可能不同,进而导致各地区人群真菌毒素联合暴露情况和相应的健康风险不同。中国幅员辽阔,覆盖了温带大陆性气候、温带季风气候、亚热带季风气候、高原山地气候以及热带季风气候5种气候类型。准确识别小麦真菌毒素共污染的气候区域分布特征,能够为以地区为基础的精细化真菌毒素联合暴露风险评估和风险管理提供基础和依据。

目前常用的基于多指标的分类算法有人工神经网络(Artificial neural network, ANN)、随机森林(Random forest, RF)、支持向量机(Support vector machine, SVM)、K最近邻算法(K-nearest neighbor algorithm, KNN)等。张鑫等^[9]使用伏安电子舌采集了6种不同储存年限小麦的电子信息,并利用卷积神经网络(Convolutional neural network, CNN)建立小麦储存年限分类模型,其分类准确率可达98%。张涛^[10]利用3种不同小麦品种的7项测量指标数据(面积、周长、种子饱满度、谷粒长度等),分别使用RF和SVM建立品种分类模型,其中RF模型准确率最高可达96.22%。柯程扬等^[11]针对金线莲叶片

识别问题,使用主成分分析法(Principal component analysis, PCA)对金线莲叶片的纹理和颜色特征进行降维,然后使用KNN分类器完成对不同种类金线莲叶片的分类任务,准确率可达98.4%。

本文在以上各种分类算法基础上,首次针对不同气候类型地区采集的小麦中8种主要真菌毒素污染数据进行气候特征研究,并采用Smote-KNN分类器构建小麦真菌毒素共污染特征气候分类模型,为分地区的人群真菌毒素联合暴露研究提供科学依据,并提供1种基于食品多项检测指标识别其来源地的分类方法。

1 材料与方法

1.1 数据来源

本研究使用的数据为2017年6~9月国家食品安全风险监测在中国大陆12个省/自治区采集的887份小麦样本中8种真菌毒素检测数据,包括DON、NIV、AF、OTA、FM、ZEN、T-2和HT-2。12个采样地区分别为新疆维吾尔自治区、四川省、陕西省、山西省、山东省、内蒙古自治区、江苏省、湖北省、黑龙江省、河南省、河北省和安徽省,小麦样本均来自收购环节。为便于数据分析,所有未检出数据均赋予相应检出限(Limit of detection, LOD)的1/2值。

1.2 模型构建

本文提出的Smote-KNN模型构建流程如图1所示。

1.2.1 数据分类和样本扩充

根据小麦样本采集地区和各地区的气候类型对实验数据进行气候类型划分,共分为温带大陆性气候、温带季风气候和亚热带季风气候3类,包含的小麦样本量分别为112、482和293。由于不同气候类型地区采集的样本量不同,本研究采用合成少数类过采样技术(Synthetic minority oversampling technique, Borderline-SMOTE)算法^[12]对实验数据进行样本扩充,以增强不同类别样本间的平衡性,提高模型分类性能。根据Borderline-SMOTE算法,将少数类样本分为3类,分别为安全点(样本周围一半以上都是少数类样本)、危险点(样本周围一半以上都是多数类样本,为边界上的样本)和噪声点(样本周围均为多数类样本)。

由于危险点(即边界上的样本)易造成误判,因

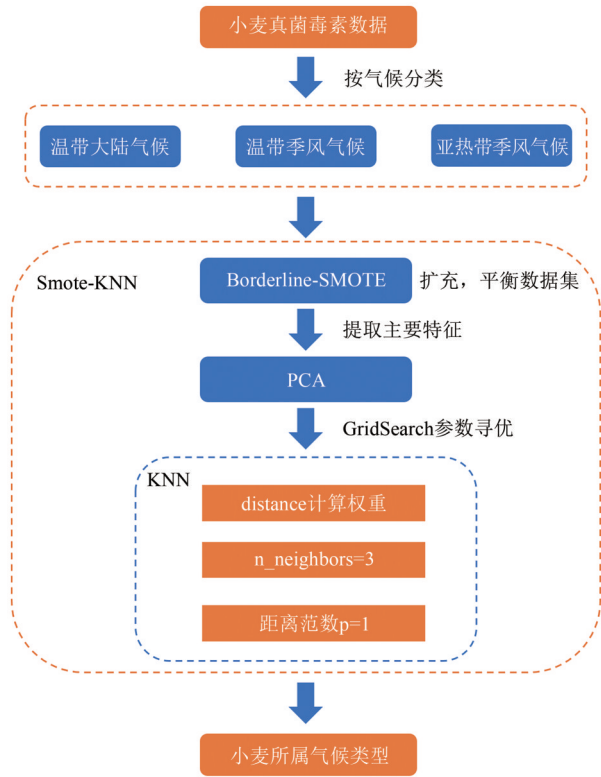


图 1 Smote-KNN 模型构建流程
Figure 1 Process of Smote-KNN model

此该算法会选择危险点样本 x_i 来进行扩充,按采样倍率 N ,从 x_i 的 K 近邻样本中随机选择 N 个样本 \hat{x}_i ,依次在 \hat{x}_i 和 x_i 之间随机合成新样本,合成公式如下:

$$x_{new} = x_i + (\hat{x}_i - x_i) \times \delta, \delta \in [0,1]$$

其中, δ 为 $[0,1]$ 之间的随机数。

为更准确地提取数据特征,更好地进行模型训练,对数据进行标准化处理,转换为标准正态分布,计算公式如下:

$$\hat{x} = \frac{\mu}{\sigma}$$

其中, μ 为样本均值, σ 为样本标准差。

$$\mu = \frac{\sum_{i=1}^n x_i}{n}$$

$$\sigma = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2}{n}}$$

经上述预处理过程,共得到 2 302 份小麦样本多毒素检测数据作为模型建立数据集。

1.2.2 PCA

本研究数据包含 8 种真菌毒素检测值,为提取这 8 种数据中的特征帮助 KNN 分类器更好地进行分类,本文使用 PCA 对原数据集进行特征降维,找出有利于模型分类的特征向量。PCA 的主要目的是在信息损失最小的情况下,将高维数据转换到低维,以减少计算量^[13]。实验中 1 组样本数据为 $x = [x_0, x_1, x_2, x_3, \dots, x_7]$,PCA 计算过程如下:

首先计算样本的均值:

$$\bar{x} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i$$

样本投影的均值为:

$$\mu = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n w^T x_i$$

其中, w 为特征转换向量。

计算样本整体的协方差矩阵:

$$\text{cov}(X) = \hat{X} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(x_i - \bar{x})^T$$

样本的方差为:

$$\sigma^2 = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (w^T x_i - \mu)^2 = w^T \hat{X} w(8)$$

则转换矩阵为:

$$X_i = [\lambda_0, \lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_k]$$

其中, λ_i 为协方差矩阵 \hat{X} 的特征向量。

样本 x_i 通过转换矩阵 X_i 可实现降维,即:

$$\hat{x}_i = x_i X_i$$

本研究通过 PCA 将数据集特征降维至三维向量,其特征贡献率分别为 91.69%、5.38% 和 0.52%。由于第三维向量对总体特征的贡献率小于 1%,可忽略其对数据特征整体表征的影响,因此本研究选取前二维向量(累计特征贡献率 97.07%,如图 2 所示)来代表样本的整体特征。

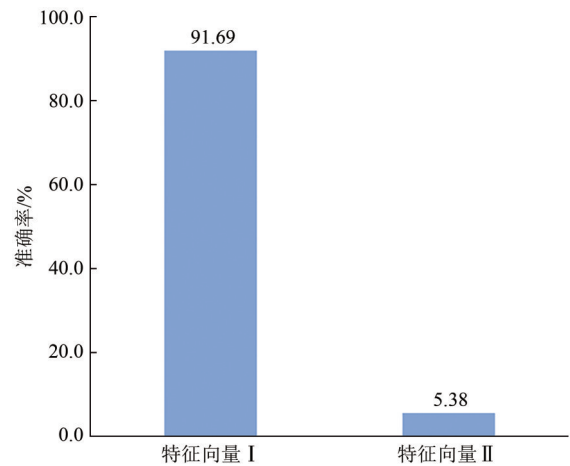


图 2 PCA 降维后前两维特征的贡献率
Figure 2 Contribution rate of the first two dimensions after PCA dimensionality reduction

1.2.3 KNN 算法

KNN 算法是一种基于特征空间中最邻近的 K 个训练样本所处类别来对测试样本进行分类的方法。其中, K 表示要考虑的最近邻的个数,如 $K=1$ 时表示当前测试样本的类别取决于距离该测试样本最近的 1 个数据样本的类别。当 $K>1$ 时表示当前样本的类别取决于距离测试样本距离最近的 K 个样本中数量最多的类别。若最近 K 个样本点均为不同类别,则测试样本的类别为距其最近的数据

样本的类别。

KNN 算法需首先进行距离计算,常见的距离类型有:

闵可夫斯基距离(Minkowski):

$$D(x, y) = \sqrt[p]{\sum_{i=1}^n (|x_i - y_i|)^p}$$

欧氏距离(Euclidean, p=2):

$$D(x, y) = \sqrt{\sum_{i=1}^n (|x_i - y_i|)^2}$$

曼哈顿距离(Manhattan, p=1):

$$D(x, y) = \sum_{i=1}^n |x_i - y_i|$$

根据测试样本与每个最近邻样本的相对距离来计算该最近邻样本对于测试样本的权重值:

$$W(x, p_i) = \frac{\exp(-D(x, p_i))}{\sum_{i=1}^k \exp(-D(x, p_i))}$$

则当前测试样本的类别 y 为 k 最近邻样本类别的加权值:

$$y = \sum_{i=1}^k W(X_0, X_i) y_i$$

2 结果

本研究所用数据为我国 12 个省份 2017 年 6~9 月采集的共 887 份小麦样本中 8 种真菌毒素监测数据,数据基本信息如表 1 所示。采用 Borderline-SMOTE 方法对上述数据进行扩充后共得到 2 302 条实验数据,将每条数据根据气候类型分布及数据来源信息打上标签,并按 8:2 将数据集划分为训练集和测试集。

表 1 小麦 8 种真菌毒素污染情况

毒素种类	检出率/%	含量/($\mu\text{g}/\text{kg}$)					
		均值	P25	P50	P75	P95	最大值
DON	66.2	184.62	15.00	58.30	191.25	690.11	7 599.00
NIV	9.3	20.82	1.45	10.00	17.50	50.00	2 190.00
ZEN	8.6	5.64	1.00	2.50	2.50	12.51	1 150.00
AF	14.9	1.52	0.45	0.70	1.82	3.77	84.90
FM	10.6	24.08	4.50	10.00	35.00	50.43	2 279.00
OTA	2.2	0.87	0.25	0.25	1.00	2.50	60.30
T-2	4.1	7.54	0.50	1.00	1.50	5.00	478.00
HT-2	4.1	10.54	3.50	8.82	12.5	30.00	412.00

2.1 确定模型参数

在训练集上进行模型训练。使用网格参数法(GridSearch)对 KNN 模型进行参数寻优,通过穷举所有参数来测试模型,找到 1 组最优参数。KNN 模型参数如表 2 所示。其中,参数 Weights 表示测试

表 2 KNN 模型参数意义及其取值范围

参数	Weights	n_neighbors	p
取值范围	[distance, uniform]	[1, 11]	[1, 6]
参数意义	距离权重类型	最近邻数量	距离范数

样本类别的计算方法。“distance”表示使用上述距离公式来计算权重,“uniform”表示权重的计算仅参考 K 近邻的类别个数而不参考距离。

利用 GridSearch 算法对 Weights、n_neighbors 和范数 p 3 个参数的寻优结果见图 3~5。

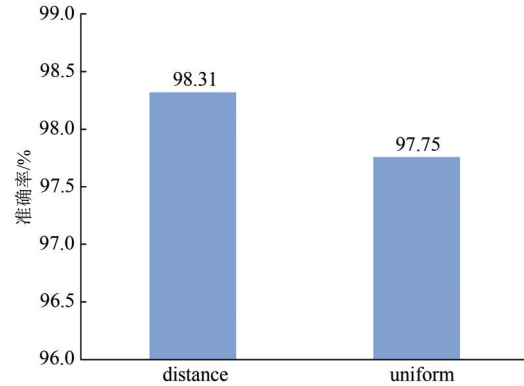


图 3 两种权重类型对应模型准确率

Figure 3 Accuracy rate of the model corresponding to two weight types

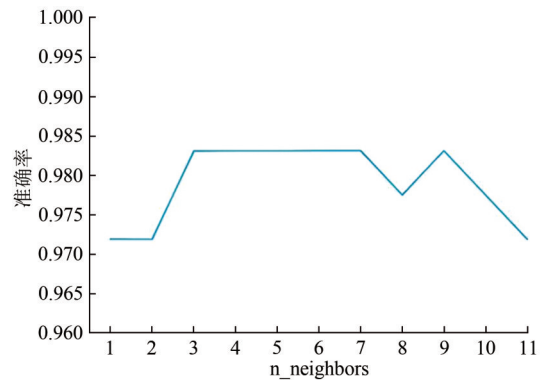


图 4 参数 n_neighbors 寻优结果

Figure 4 Optimization of parameter n_neighbors

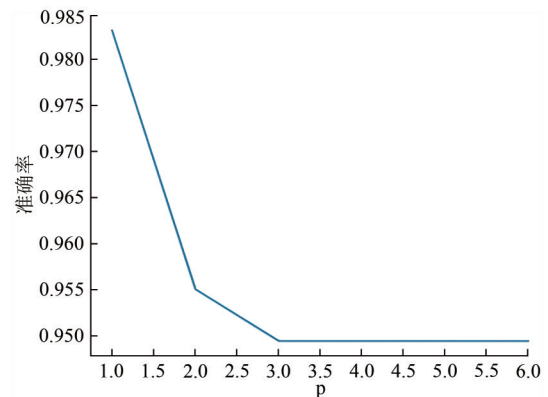


图 5 参数 p 的寻优结果

Figure 5 Optimization of parameter p

参数 Weights(距离权重类型)寻优结果见图 3,当 Weights 为 distance,即使用距离来计算权重时,模型准确率为 98.31%;当 Weights 为 uniform,即样本类别与 K 近邻的距离无关时,准确率为 97.75%。因此,本文通过计算测试样本与 K 近邻样本间距离

来确定 K 近邻样本类别对于测试样本类别的权重。

参数 n_neighbors (最近邻数量) 寻优结果见图 4, 从 1 到 11 增大的过程中, 模型准确率先随最近邻数量增加而提高, 随后开始下降。当最近邻数量达到 3 时, 模型准确率达到峰值 98.31%, 此后数量增加的情况下准确率保持不变或出现降低。因此确定模型最佳最近邻数量为 3。

对于参数 p (距离范数), 由图 5 可知, p 的取值从 1 到 6, 模型准确率依次下降。因此, 当 p=1 时模型准确率最高, 为 98.31%。

通过参数寻优确定的模型最佳参数如表 3 所示, 即参数 Weights 选择 “distance”, n_neighbors 选择 3, p 选择 1。

表 3 经 GridSearch 参数寻优后模型最佳参数

Table 3 The best parameters of the model after GridSearch parameter optimization

参数	Weights	n_neighbors	p
最优参数值	“distance”	3	1

2.2 模型效果评价

为客观准确地评价模型分类效果, 本研究采用混淆矩阵 (Confusion Matrix)、准确率、召回率以及 F1 得分 4 个指标对该模型在小麦真菌毒素数据集上的分类能力进行评价。

混淆矩阵是模型精确度评价的一种标准格式。将预测结果分为真正例 (一个正例被正确预测为正例, 以 TP 表示)、真反例 (一个反例被正确预测为反例, TN)、假正例 (一个反例被错误预测为正例, FP) 和假反例 (一个正例被错误预测为反例, FN) 4 种结果。其中 TP 和 TN 为正确判断, FP 和 FN 为错误判断。根据每个测试样本的预测结果, 可计算模型的准确率、精准率、召回率 3 个指标。

准确率 (Accuracy) 是指在所有测试样本中判断正确的样本所占比例, 计算公式为:

$$Accuracy = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN}$$

精准率 (Precision) 是指在所有预测为正的样本中实际为正的样本比例, 计算公式为:

$$Precision = \frac{TP}{TP + FP}$$

召回率 (Recall) 是指在所有实际为正的样本中被预测为正的样本比例, 计算公式为:

$$Recall = \frac{TP}{TP + FN}$$

F1 得分是兼顾了精准率 (Precision) 和召回率 (Recall) 的分类模型性能度量指标, 其输出范围为 [0, 1], 0 表示分类模型性能最差, 1 表示分类模型性能最好。计算公式如下:

$$F1 = \frac{2 \times Precision \times Recall}{Precision + Recall}$$

本文所建模型的混淆矩阵统计结果如表 4 所示。其中 0, 1, 2 分别代表温带大陆性气候、温带季风气候和亚热带季风气候。由表 4 结果可见, 本研究建立的模型在对测试集数据做分类预测时准确率较高, 对 1 和 2 两种气候进行分类时均全部判断正确, 仅在对温带大陆性气候 (0) 测试数据做分类判别时出现 3 例误判。根据混淆矩阵和上述公式可得本研究建立的气候分类模型准确率为 98.31%。

表 4 分类结果混淆矩阵

Table 4 Confusion matrix of classification result

真实值	预测值		
	温带大陆性气候(0)	温带季风气候(1)	亚热带季风气候(2)
0	15	3	0
1	0	100	0
2	0	0	60

2.3 模型对比评价

为进一步评价所建立模型的效果, 本研究与 3 种常见的其他分类模型 (SVM、RF 和 ANN) 在该数据集上的表现进行了对比。各模型的评价指标情况如图 6 所示。

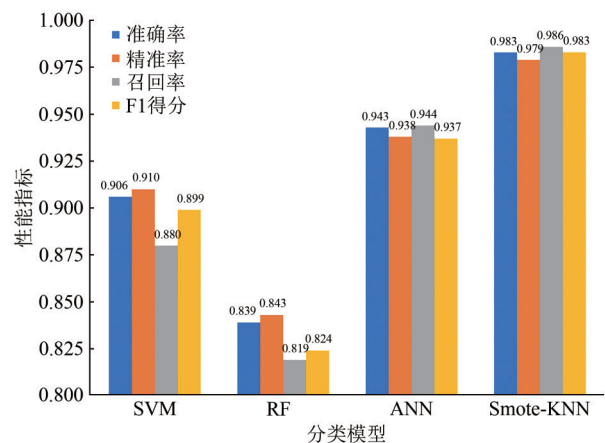


图 6 不同模型性能指标对比

Figure 6 Comparison of performance indicators of different models

由图 6 可见, 在进行小麦真菌毒素共污染特征的气候区域分类时, 本文提出的 Borderline-SMOTE 与 KNN 结合的分类模型在准确率、精准率、召回率和 F1 得分 4 个评价指标上均优于其他 3 种常见的分类模型, 表明该方法最适用于对上述数据集进行分类。

3 讨论

多种真菌毒素的联合暴露是近年来国内外研

究的热点领域。开展联合暴露研究的前提是要识别和分析真菌毒素共污染特征。众所周知,真菌毒素污染与气候条件密切相关,因此,按气候区域对粮食真菌毒素共污染特征进行分析和分类有助于实现分地区的精准联合暴露评估。

本研究利用机器学习方法中的KNN算法,结合Borderline-SMOTE和PCA方法,首次建立了对小麦多种真菌毒素共污染特征的气候区域分类模型,模型准确率超过98%,且性能优于ANN等其他常见分类模型。该方法相较于其他机器学习方法,处理步骤简便,模型体积也相对较小,利于该方法在实际中的落地应用。

本研究充分表明,我国不同气候区域的小麦中真菌毒素共污染特征存在明显差异,为以地区为基础进行我国人群真菌毒素联合暴露的研究提供了科学依据。另外,利用本研究构建的分类模型,通过检测小麦中特征性真菌毒素,可实现对样品产地的预测。该分类方法也可延伸至食品中其他污染物的分析与溯源,为利用食品多检测指标特征进行地域溯源或其他分类提供了一种思路和方法。

参考文献

- [1] PINOTTI L, OTTOBONI M, GIROMINI C, et al. Mycotoxin contamination in the EU feed supply chain: A focus on cereal byproducts[J]. *Toxins*, 2016, 8(2): 45.
- [2] MISIHAIABGWI J M, EZEKIEL C N, SULYOK M, et al. Mycotoxin contamination of foods in Southern Africa: A 10-year review (2007—2016)[J]. *Critical Reviews in Food Science & Nutrition*, 2017, 59(1): 43-58.
- [3] ESKOLA M, KOS G, ELLIOTT C T, et al. Worldwide contamination of food-crops with mycotoxins: Validity of the widely cited 'FAO estimate' of 25% [J]. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 2020, 60(16): 2773-2789.
- [4] MILIĆEVIĆ D, NASTASIJEVIĆ I, PETROVIĆ Z. Mycotoxin in the food supply chain—Implications for public health program [J]. *Journal of Environmental Science and Health, Part C*, 2016, 34(4): 293-319.
- [5] ALSHANNAQ A, YU J H. Occurrence, toxicity, and analysis of major mycotoxins in food[J]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2017, 14(6): 632.
- [6] REDDY K R N, SALLEH B, SAAD B, et al. An overview of mycotoxin contamination in foods and its implications for human health[J]. *Toxin Reviews*, 2010, 29(1): 3-26.
- [7] VAN DER FELS-KLERX H J, LIU C, BATTILANI P. Modelling climate change impacts on mycotoxin contamination [J]. *World Mycotoxin Journal*, 2016, 9(5): 717-726.
- [8] VAN DER FELS-KLERX H J, KLEMSDAL S, HIETANIEMI V, et al. Mycotoxin contamination of cereal grain commodities in relation to climate in North West Europe[J]. *Food Additives & Contaminants: Part A*, 2012, 29(10): 1581-1592.
- [9] 张鑫, 缪楠, 高继勇, 等. 基于电子舌和WGAN-CNN模型的小麦贮存年限快速检测[J]. *电子测量与仪器学报*, 2021, 35(6): 176-183.
- ZHANG X, MIU N, GAO J Y, et al. Rapid detection of wheat storage year based on electronic tongue and WGAN-CNN model [J]. *Journal of Electronic Measurement and Instrumentation*, 2021, 35(6): 176-183.
- [10] 张涛. 基于随机森林和支持向量机在小麦种子分类中的比较研究[J]. *河西学院学报*, 2020, 36(2): 33-40.
- ZHANG T. A comparative study on the application of random forest and support vector machine to wheat seed classification [J]. *Journal of Hexi University*, 2020, 36(2): 33-40.
- [11] 柯程扬, 刘丽桑, 林赫, 等. 基于PCA-KNN的金线莲种类识别[J]. *福建工程学院学报*, 2021, 19(6): 568-573.
- KE C Y, LIU L S, LIN H, et al. Species identification of *Anoectochilus roxburghii* based on PCA-KNN [J]. *Journal of Fujian University of Technology*, 2021, 19(6): 568-573.
- [12] HAN H, WANG W Y, MAO B H. Borderline-SMOTE: A new over-sampling method in imbalanced data sets learning [C]. *International conference on intelligent computing*, Springer, Berlin, Heidelberg, 2005: 878-887.
- [13] WOLD S, ESBENSEN K, GELADI P. Principal component analysis [J]. *Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems*, 1987, 2(1-3): 37-52.