

基于 XML 树图差异度算法的青蒿鉴定

余锡鹏¹, 初依依², 程红艳¹, 李庚¹, 梁志伟^{1,2*}

- (1. 广州中医药大学 中医药数理工程研究院, 广州 510006;
2. 东莞广州中医药大学中医药数理工程研究院, 广东 东莞 523808)

[摘要] **目的:**研究并创建可扩展标记语言(XML)树图差异度算法,为中药青蒿鉴定研究提供新工具。**方法:**结合文献研究筛选中药青蒿“宏观、中观、微观”(简称“宏、中、微”)等关键信息。在关键信息的基础上,引采国内外专业领域相关上位标准,为每个数据元分配与语言无关的唯一标识,建立相关数据元编码规则。将数字化编码技术应用在弹性结构编辑器上,创建返回格式为第5版超文本标记语言(HTML5)或XML树图。在差异度相关算法的基础上,创新研制同时兼顾拓扑和语义的中药青蒿XML树图差异度算法,并建立青蒿相关数学函数表达模型,通过计算结果与现实实际的对比,不断调试算法模型,直至核涵算法模型收敛。**结果:**通过对差异度算法研究可对XML树图进行两两间差异度比较计算,最终优化确立中药青蒿的鉴定模型,经测试树图计算分析该模型有效率达100%。**结论:**创建的XML树图差异度算法能够有效辅助鉴定中药青蒿,为中药领域智能化应用研究的开展提供了一定的技术支撑与理论指导。

[关键词] 青蒿;可扩展标记语言;树图结构;差异度;药材鉴定;方法学研究;数字化

[中图分类号] R22;R28;C37;R931 **[文献标识码]** A **[文章编号]** 1005-9903(2019)21-0182-07

[doi] 10.13422/j.cnki.syfjx.20191449

[网络出版地址] <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.3495.R.20190401.0928.001.html>

[网络出版时间] 2019-04-02 10:49

Identification of Artemisiae Annuae Herba Based on Algorithm for Diversity of XML Tree Map

YU Xi-peng¹, CHU Yi-nong², CHENG Hong-yan¹, LI Geng¹, LIANG Zhi-wei^{1,2*}

- (1. *Mathematical Engineering Academy of Chinese Medicine, Guangzhou University of Chinese Medicine, Guangzhou 510006, China;*
2. *Dongguan and Guangzhou University of Chinese Medicine Cooperative Academy of Mathematical and Engineering for Chinese Medicine, Dongguan 523808, China*)

[Abstract] **Objective:** To study and create the algorithm for the diversity (AD) of extensible markup language (XML) tree map, and provide a new tool for the identification of Artemisiae Annuae Herba. **Method:** According to the literature research, the key information of Artemisiae Annuae Herba was selected from the macroscopic, mesoscopic and microscopic information, etc. Based on the key information, the relevant upper standards of domestic and foreign professional fields were cited to assign the unique identification independent of language for each data element, and the coding rules of relevant data elements were established. The digital coding technology was applied to the flexible structure editor, and the tree map was created, which could be returned as the 5th version of hypertext markup language (HTML5) or XML format. Based on the diversity related algorithms,

[收稿日期] 20181212(008)

[基金项目] 国家高技术研究发展计划(863计划)项目(2013AA020418);广东省科学技术厅重大专项(2012A080205001)

[第一作者] 余锡鹏,在读硕士,从事中医药信息与工程研究,Tel:0769-22894383,E-mail:1297350697@qq.com

[通信作者] *梁志伟,副研究员,从事中医药数理科学与智能工程、中医药信息学、中药学研究,Tel:0769-22894383,E-mail:634416079@qq.com

the authors innovatively developed the AD of XML tree map of *Artemisiae Annuae Herba*, which took into account both of topology and semantics, and the expression model of related mathematical functions of *Artemisiae Annuae Herba* was established. By comparing the calculation results with the reality, the algorithm model was debugged continuously until the convergence of the core-culvert algorithm model. **Result:** Through the research on AD, the diversity between two XML tree maps could be calculated, and the discrimination or identification model of *Artemisiae Annuae Herba* also could be finally optimized and established. After calculation and analysis of the tested tree maps, the effective rate of the model was 100%. **Conclusion:** In this study, the establishment of the AD of XML tree map can effectively assist in the identification of *Artemisiae Annuae Herba*, which provides certain technical support and theoretical guidance for the research on intelligent application of traditional Chinese medicine.

[**Key words**] *Artemisiae Annuae Herba*; extensible markup language; tree map structure; diversity; identification of medicinal materials; methodological research; digitization

青蒿为菊科植物黄花蒿 *Artemisia annua* 的干燥地上部分,始见于《五十二病方》,为截疟退热之良药^[1]。青蒿同属植物种类繁多,目前关于青蒿鉴定,向丽等^[2]通过 DNA 条形码分子鉴定技术对青蒿及其混淆品进行了有效区分;令亚萍等^[3]基于反相高效液相色谱法,以色谱峰作为青蒿的特征区别伪品及易混品。

随着计算机技术的飞速发展(信息论、控制论、系统论迈入成熟)及其与中医药专业深度融合,对中医药的现代化发展起到了关键促进作用,目前关于现代化、信息化、智能化中药相关研究已呈现一种新态势的发展,以计算机软件或系统结合数理建模与算法研究为基础的化学模式识别已作为一种新型鉴定方法崭露头角。杨诗龙^[4]利用主成分分析与线性判别分析对黄连、贝母进行有效识别;SUN 等^[5]运用高效液相色谱法及主成分分析对 24 个酸枣仁样品建立化学模式识别方法。目前,尚未检索出对青蒿进行模式识别的相关文献,亟待丰富与完善。本研究基于现行中医药发展需求与现有鉴定研究的各自特色与优势,以及本课题组在前期相关课题中已建立的算法[中医健康状态(含证型),健康档案与病案演化]基础^[6-9],拟运用现代计算机软件技术结合文献检索青蒿“宏、中、微”关键信息,并创建可扩展标记语言(XML)树图及其差异度算法模型,旨在为青蒿的鉴定研究提供新工具。

1 材料

青蒿“宏、中、微”关键信息均由文献(包括《本草纲目》,2015 年版《中国药典》等)研究获得。本研究中所涉及的“宏、中、微”分类是以人眼观察的粒度、距离来作为区别依据,具体包括微观:指肉眼

观察不到的显微结构(基因乃至亚原子结构等)或显微粒子(分子、离子、量子等)等;中观:指外观性状、功效及临床主治病症等人眼可观察的信息;宏观:观察距离超出人眼极限,与微观相对(包括采收时间、光照时间等)。

2 方法

2.1 建立基于国内外专业领域相关上位标准的青蒿数据元编码规则的方法 基于 WS36x, x-2011, GB/T31774-2015, ISO18668-1-2016,《医疗卫生信息标准技术与应用》等上位标准与专业图书著作的基础上,对选定的青蒿关键信息数据元进行分类与编码。信息数据元标识符由字母数字混合码表示,编码时将数据元标识符结构分为 3 层,层与层之间用“.”隔开[第一层为主题分类代码(DE);第二层为中药类型代码;第三层为字段名顺序码,取值范围 001~999,取整]。

2.2 创建青蒿数字化标准的树图技术 青蒿数据元标准技术应用在弹性结构编辑器上,弹性结构编辑器设计供关键词访问服务端的 Web Service 接口,用于提取获得数据集栏目信息所蕴含数据元相应代码及其含义的文本信息,供操作者参阅或选择录入。在弹性结构编辑器的“编辑:结构化排版”界面,运用关键词将检索获得的 XML 格式化的数据元素,创建基于标准亦可弹性调整、以第 5 版超文本标记语言(HTML5)为界面、可供阅写的高阶多维型青蒿树图,见图 1。

2.3 青蒿树图的差异度算法与建模研究

2.3.1 创建青蒿 XML 差异度核涵算法 在相关算法[中医健康状态(含证型),健康档案与病案]的基础上,创新研制同时兼顾拓扑及语义的中药青蒿 XML 树图差异度算法,并依据专业特点,设计适宜

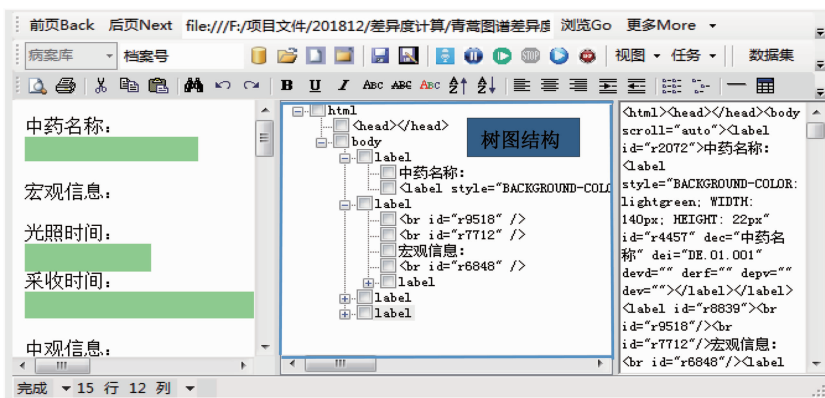


图 1 高阶多维型青蒿树图录入模板

Fig.1 High-order multi-dimensional input template of XML tree map for Artemisiae Annuae Herba

核涵,完善树图中各节点权值分配规则,适应性展示青蒿树图中子节点权值可通过外界获得,而非仅限于来自父节点遗传。通过遍历 2 个 XML 树图间各节点状况,包括节点的路径字符串、所在层深度数值、同层的成员数值、是否有下层的记数值,计算节点两两间差异度,最后累计两 XML 树图间的总差异度。若当前两比较节点的(含结构和语义)已相同,则不继续作后段代码的结构和语义的差异度比较,而继转至下一循环。

$$D = \sum [k \cdot a \cdot d(S_{ij}A_{ij} - S_{pl}B_{pl} + b)]$$

式中 D 为累计差异度总和; A_{ij} 为 XML 树图 A 在第 i 层第 j 个同胞节点的值, B_{pl} 类推, i, j, p, l 取值范围为正整数集; S_{ij} 为该节点外界获得的配权参数值, b 为常量, k 为趋向拓扑或语义程度的参数值, a 为各层从上层获得的分配权系数, d 为语义加权系数; 式中各值的值域为 $[0, 1)$, 且要求满足 $\sum A_{ij} < 1$, $\sum B_{pl} < 1, D < 1$ 。

2.3.2 建立青蒿数学表达模型 在已建立的高阶多维型的青蒿特征树图和 XML 文档差异度核涵算法基础上,结合树图各枝点对青蒿整体特征的贡献度,予以适宜评分权重(各树图子节点预分配权值为 0.5),并建立青蒿相关数学函数表达模型 $\Psi(X) = \mu_1 A_1(X) + \mu_2 A_2(X) + \mu_3 A_3(X) + \dots + \mu_n A_n(X)$, 式中 $\Psi(X)$ 为非线性函数,代表青蒿特征; $A_1(X), A_2(X) \dots A_n(X)$ 代表中药各关键信息; $\mu_1, \mu_2 \dots \mu_n$ 为青蒿特征树图降维后各树图节点的系数,也代表着各关键信息对青蒿整体特征的贡献度。

2.4 青蒿树图差异度算法模型的实验性验证与反馈性优化

2.4.1 建立青蒿鉴定的训练树图 对青蒿模板树

图中各子节点予以编号,各子节点编号顺序及对应关系见表 1,结合 20 个自然随机化数字表生成若干随机数字(随机选定 5 组,每组包括 3 个随机数字),并对照树图各自节点编号破坏其结构,以及结合在前期已建立的中药树图库中随机抽取 5 例中药树图,从而生成若干相应训练样本。

表 1 树图各子节点的编号顺序及对应关系

Table 1 Numbering sequence and corresponding relation of each child node in XML tree map

No.	节点	No.	节点
1	中药名称	11	主要化学成分
2	光照时间	12	分子式
3	采收时间	13	母核结构
4	科属	14	手性特征
5	气味	15	旋光性特征
6	四气	16	分子性状
7	五味	17	离子性状
8	归经	18	量子性状
9	功效	19	基因性状
10	主治病症	20	电磁性状

2.4.2 建立与优化青蒿鉴定模型的方法学研究 结合深化的 XML 差异度核涵算法及数学表达模型,以青蒿“宏、中、微”关键信息初始权值带入差异度算法模型中作为输入值;输出值为模板与样本差异度(取值范围为 0 ~ 1 的任意小数),输入阈值拟定为 0.5 用以判断青蒿鉴定结果的正确与否; k 为趋向拓扑或语义程度的参数值, a 为各层从上层获得的分配权系数, d 为语义加权系数,取值 0 ~ 1,保证算法在计算时不因总权重过载而崩溃;通过调试 k, a 与 d 所计算得到的鉴定结果与随机数字破坏模板结构程度的实际判断结果(通过文献研究及自身

专业知识获得)对比,从而调试树图各节点的配权值,反馈性优化模型直至收敛。

2.4.3 青蒿鉴定模型的有效性验证 在上述研究基础上,通过再对照随机化数字表生成 5 例相应树图以及再从中药树图库中随机抽取 5 例中药树图作为测试样本,试应用优化后的青蒿鉴定模型,根据鉴定模型的计算结果与现实研究的实际判断结果(通

过文献研究及自身专业知识获得)对比,计算鉴定模型的有效率。

3 结果

3.1 青蒿数字化标准树图的构建 通过中药数据元值域数字化编码技术应用弹性结构编辑器,构建返回格式为 HTML5 或 XML 并且可支持执行数字化标准的青蒿树图,见图 2。

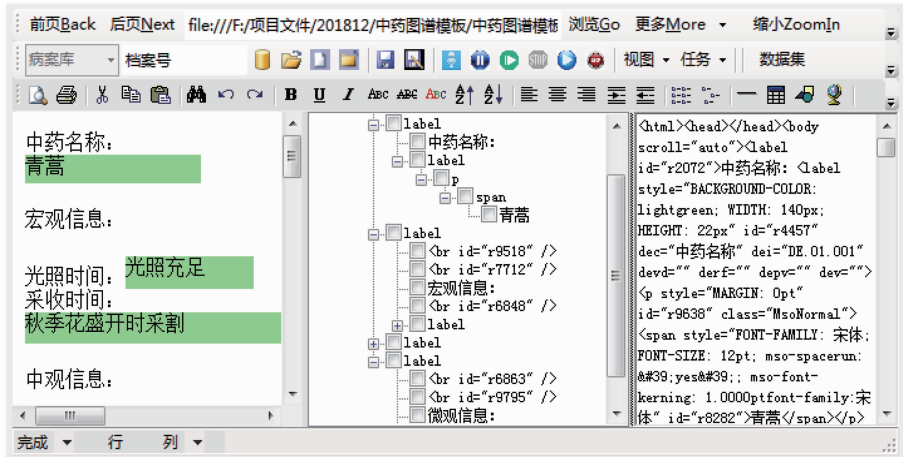


图 2 高阶多型青蒿特征树状分析

Fig. 2 High-order multi-dimensional characteristic tree map of Artemisiae Annuae Herba

3.2 青蒿鉴定模型的构建及优化 根据青蒿模板树图中各子节点编号顺序,结合 20 个自然随机化数字表,并对照树图各自节点编号破坏其结构,以及对中药树图库随机抽样,生成相应的青蒿训练树图。将青蒿模板树图与青蒿训练树图试应用于已建立的

青蒿鉴定模型,通过调试 k, a 与 d 等参数及树图各节点的配权值,与根据随机数字所破坏模板结构程度的实际判断结果(通过文献研究及自身专业知识获得)对比,反馈性优化模型直至收敛,结果见表 2 和图 3。

表 2 随机数字选取结果及其计算对比结果

Table 2 Results of random number selection and its relevant computational comparison results

组别	随机选取结果	对应的青蒿树图节点名称	差异度(与模板树图间)	实际判断结果
第一组	12, 15, 16	分子式、旋光性特征、分子性状	0. 190 526	否
第二组	12, 14, 16	分子式、手性特征、分子性状	0. 190 526	否
第三组	2, 5, 7	光照时间、气味、五味	0. 176 203	是
第四组	1, 6, 7	中药名称、四气、五味	0. 177 612	是
第五组	15, 17, 18	旋光性特征、离子性状、量子性状	0. 193 682	否
第六组	香附	-	0. 183 044	否
第七组	艾叶	-	0. 192 416	否
第八组	野菊花	-	0. 192 402	否
第九组	枳实	-	0. 192 410	否
第十组	降香	-	0. 187 473	否

在实验方法中输入阈值拟定为 0.5,用以判断中药鉴定是或否,而根据模型收敛结果的参数设定结果以及表 2,图 3 的计算结果与实际结果对比,输入阈值需 $< 0.183 044$ 且 $> 0.177 612$,故重新设定为 $[(0.183 044 + 0.177 612)/2] \pm 1\%$,模型参数设

定为 $k = 0.16, a = 0.1, d = 0.95$ 。

3.3 青蒿鉴定模型的有效率分析 根据已训练优化收敛后的模型,试应用测试模板并计算鉴定模型的有效率,见表 3。计算公式为模型的有效率 = 模型有效次数/模型计算总次数,结果青蒿模型的有效率 100%。

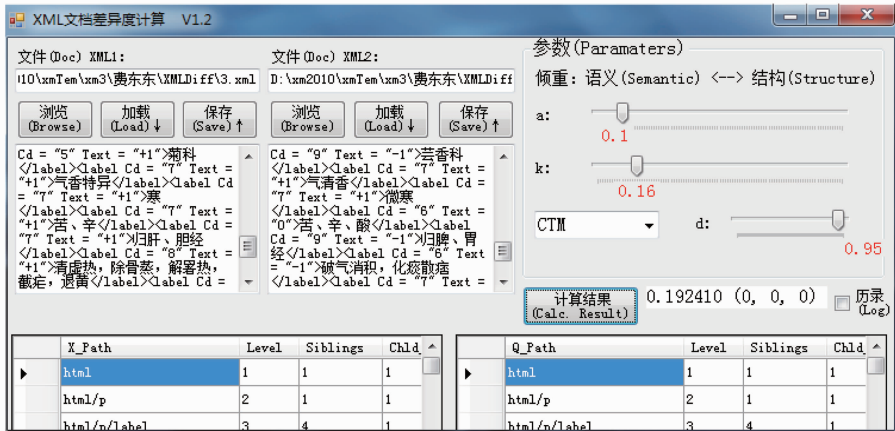


图 3 基于 XML 的青蒿“宏、中、微”关键信息的结构及专业语义计量分析

Fig. 3 Quantitative analysis for structure and professional semantics of macroscopic, mesoscopic and microscopic key information of *Artemisiae Annuae Herba* based on XML tree map

表 3 随机选取与计算对比结果及其模型鉴定分析

Table 3 Random selection results and relevant calculation comparison results as well as model identification analysis

组别	随机选取结果	对应的青蒿树图节点名称	差异度(与模板树图间)	实际判断结果
第一组	6,8,9	四气、归经、功效	0.176 151	是
第二组	13,20,11	母核结构、电磁性状、主要化学成分	0.193 158	否
第三组	17,14,09	离子性状、手性特征、功效	0.189 399	否
第四组	14,11,18	手性特征、主要化学成分、量子性状	0.193 649	否
第五组	7,2,10	五味、光照时间、主治病症	0.176 203	是
第六组	金银花	-	0.186 452	否
第七组	薄荷	-	0.192 480	否
第八组	桂枝	-	0.186 460	否
第九组	荆芥	-	0.189 669	否
第十组	木香	-	0.187 468	否

注:模型鉴定结果均为“有效”。

4 讨论

根据近来国务院印发的《中医药发展战略规划纲要(2016—2030年)》,明确了未来15年中国中医药发展方向和工作重点,注重加强中医药理论方法继承,并将中医药古籍文献的整理纳入中华典籍整理工程^[10]。同时,在中共中央联合国务院共同印发的《“健康中国2030”规划纲要》中指出,要大力加强药品安全监管,尤其是在完善国家药品标准体系以及积极推进中药标准国际化进程方面,结合我国在中药现代化与国际化过程中对中药鉴定、组方配伍、用药决策等智能应用方面快速成长的需求与机遇^[11-13]。

4.1 青蒿数据元编码规则的建立 中药标准化是推进中药现代化、国际化发展的重要一步。随着国内外对中药标准化需求的预期日益提高,早日引入

中药标准数字化、客观化的手段迫在眉睫^[14-16]。有学者提出的《中药编码系统第一部分:中药编码规则》于2016年3月23日被国际标准化组织(ISO)收录,是国内和国际上首个对中药建立了数字化编码分类体系,但仍存在着诸多标准空白亟待丰富与完善^[17-18]。本研究在上位标准基础上,建立了涵盖青蒿升降沉浮、四气五味等关键理论的数据元编码标准规则的方法学研究,支持青蒿特征树图的创建及其智能应用相关研究,也为中医药和各国传统医药提供数字化编码的依据和技术支撑。但考虑到检索获得信息在广度及深度方面的局限性,在编码制定过程中预留了足够扩充空间,以便于后续工作的深入开展。

4.2 青蒿特征树图的创建 目前中药特征图谱已广泛应用于中药质量控制方面,其中最主要的部分

是以中药化学成分为基础的中药指纹图谱研究,如款冬花、茯苓等^[19-21]。但中药除了包含众多化学物质以外,同时也是涵盖大量指导理论的有机复杂体系。因此,中药特征的研究还需遵循“整体”的思想。脱离中药的“整体”去研究,形成的研究结论可能会带有很大的局限性和片面性。因此,在本研究开展过程中,基于中药“整体”思想,通过现代计算机科学技术手段结合中药典籍药性理论,梳理青蒿“宏、中、微”关键信息,同时结合了现有图谱发展的不足并吸收了 XML 优点,发展成自身既有可灵活排版的文本界面,又有良好、严谨且可自定义元素名称与属性的 XML 结构,具有“所见即得,弹性编辑”功能,能满足研究个性化需要,同时有助于跨区域间信息交互与共享。

4.3 青蒿差异度算法的构建 近年,国内外关于中药差异度或相似度研究火热,但绝大多数是基于化学成分或基因序列的基础上构建而成^[22-23]。目前,同时兼顾拓扑与语义的差异度/相似度算法的中药研究甚少。本研究通过运用现代计算机软件技术,并结合中药典籍中经典药性理论,文献检索中药青蒿“宏、中、微”信息,已成功实现了同时兼顾拓扑与语义要素的青蒿差异度算法研究,并试用于金银花、薄荷、桂枝、荆芥、木香等中药树图,能有效辅助鉴定中药青蒿(有效率 100%)。但鉴于比较计算的 XML 树图为高阶多维型谱图,应用算法的同时对计算机的运算性能要求甚大,故本文主要以方法学研究为主,对于试应用模型的训练及检测样本各随机选取 10 例,共计 20 例样本树图。关于该算法的反馈优化环节尚需进一步提升,后续将结合 XPath 技术以及科研工作者的研究需求,围绕青蒿高阶多维型树图的枝节点进行自主抓取(剪枝)的相关研究,并应用更多中药,以建立中药鉴定树图模板库。

中药鉴定是对中药质量性能而做出的客观检查,在中药生产加工、临床应用以及贸易流通过程中具有非常重要的作用。本研究创建的 XML 树图差异度算法能够有效地辅助鉴定中药青蒿,可为中药领域智能化应用研究的开展提供一定的技术支撑与理论指导。

[参考文献]

[1] 国家药典委员会. 中华人民共和国药典. 一部[M]. 北京:中国医药科技出版社,2015:198.
[2] 向丽,张卫,陈士林. 中药青蒿本草考证及 DNA 鉴定[J]. 药学学报,2016,51(3):486-495.

[3] 令亚萍,刘建利,王玉英,等. 青蒿的质量及其与伪品臭蒿和易混品茵陈的 HPLC 鉴别[J]. 中药材,2006,29(11):1164-1166.
[4] 杨诗龙. 基于智能感官分析技术的贝母及黄连饮片鉴别研究[D]. 四川:成都中医药大学,2015.
[5] SUN S, LIU H L, XU S J, et al. Quality analysis of commercial samples of *Ziziphi spinosae* semen (*Suanzaoren*) by means of chromatographic fingerprinting assisted by principal component analysis [J]. *J Pharm Anal*, 2014, 4(3):217-222.
[6] LIANG Z W, WANG Y Y, LIANG Q R, et al. An algorithm for the diversity of XML document based on the model of the rights-distribution for ancestral property and its testing application in the field of health and Chinese medicine [C]//IEEE Computer Society. Collected papers of IEEE international conference on bioinformatics and biomedicine poster; 2015 edition. Washington; press unknown, 2015.
[7] LIANG Z W, WANG L L, LAI X P, et al. The model of high-order multidimensional tree with tristate applied to the digitalization of Yin-Yang theory of traditional Chinese medicine [C]//IEEE Computer Society. Collected papers of IEEE international conference on bioinformatics and biomedicine workshops; 2011 edition. Atlanta; press unknown, 2011.
[8] 东莞广州中医药大学中医药数理工程研究院. 健康状态命名空间差异度计算系统 V1.0 [CP/CD]. 北京:2016R11L554221, 2017.
[9] 东莞广州中医药大学中医药数理工程研究院. 中医健康状态高阶多维有序树特征数字化平台——研究者测试评估系统 V1.0 [CP/CD]. 北京:2012R11L153783, 2013.
[10] 国务院. 国务院关于印发中医药发展战略规划纲要(2016—2030年)的通知[EB/OL]. http://www.gov.cn/zhengce/content/2016-02/26/content_5046678.htm, 2016-02-26/2018-12-01.
[11] 中共中央, 国务院. “健康中国 2030”规划纲要[EB/OL]. http://www.gov.cn/xinwen/2016-10/25/content_5124174.htm, 2016-10-25/2018-12-01.
[12] 朱国雪, 吴纯伟, 梁生旺, 等. 中药质量控制的数字化研究进展[J]. 中国实验方剂学杂志, 2016, 22(11): 225-229.
[13] GAO H, WANG Z, LI Y, et al. Overview of the quality standard research of traditional Chinese medicine [J]. *Front Med*, 2011, 5(2):195-202.
[14] 王建, 曾南, 夏厚林, 等. 中药药性理论研究模式的新思路[J]. 中医杂志, 2013, 54(2):99-102.
[15] HAO Y F, JIANG J G. Origin and evolution of *China*

- Pharmacopoeia* and its implication for traditional medicines [J]. *Mini Rev Med Chem*, 2015, 15 (7): 595-603.
- [16] WANG X X, JIN Z Z, GUO G M, et al. Construction and thinking of data element standard directory of traditional Chinese medicine clinical pharmacy information [J]. *China J Chin Mater Med*, 2014, 39 (9): 1724-1727.
- [17] 田雅婷. 我国主导的《中药编码规则》通过 ISO 批准 [EB/OL]. http://tech.gmw.cn/2016-03/29/content_19491103.htm, 2016-03-29/2018-12-01.
- [18] 徐美渠, 廖利平, 吴培凯, 等. 中药方剂编码系统国家标准 (GB/T 31773) 与国际标准 (ISO/DIS 20334) 的比较 [J]. *中国实验方剂学杂志*, 2017, 23 (17): 1-10.
- [19] NI L J, ZHANG L G, HOU J, et al. A strategy for evaluating antipyretic efficacy of Chinese herbal medicines based on UV spectra fingerprints [J]. *J Ethnopharmacol*, 2009, 124 (1): 79-86.
- [20] 薛非非, 王勃, 吕辰子, 等. 款冬花不同炮制品的 HPLC 指纹图谱比较 [J]. *中国实验方剂学杂志*, 2018, 24 (14): 7-14.
- [21] YUAN T, ZHAO Y, ZHANG J, et al. Application of variable selection in the origin discrimination of *Wolfiporia cocos* (F. A. Wolf) Ryvarden & Gilb. based on near infrared spectroscopy [J]. *Sci Rep*, 2018, 8 (1): 89.
- [22] 孟庆华, 武真, 孙纪远, 等. 中药特征系数在改进指纹图谱欧式距离法中的应用 [J]. *中成药*, 2018, 40 (11): 2570-2573.
- [23] LI C Y, CHEN H Y, LIU W P, et al. Multi-fingerprint profiling combined with chemometric methods for investigating the quality of *Astragalus polysaccharides* [J]. *Int J Biol Macromol*, 2018, doi: 10.1016/j.ijbiomac.2018.11.037.

[责任编辑 刘德文]