

生物发酵过程的温度控制模型研究

王 斌, 王孙安

(西安交通大学机械工程学院, 710049, 西安)

摘要: 针对生物发酵过程中温度控制难以建模的问题, 基于非线性自回归滑动平均(NARMA)模型, 设计了神经网络自回归滑动平均(NN-NARMA)模型. 利用径向基神经网络逼近 NARMA 模型中的映射关系, 对神经网络的输出进行了二阶低通滤波, 用变异率可调节的遗传算法优化了 NARMA 模型中的延时参数以及神经网络的输出滤波参数. 应用该方法建立了生物发酵过程的温度控制模型, 该模型在上温、中温和下温的误差相对于 Elman 神经网络模型分别减少了 3819%、1315% 和 6113%. 该方法具有一定的可操作性, 能够较好地解决生物发酵过程中的温度控制建模问题.

关键词: 非线性系统; 建模; 生物发酵

中图分类号: TP273 **文献标识码:** A **文章编号:** 0253-987X(2004)07-0737-04

Temperature Control Model in Fermentation Process

Wang Bin, Wang Sun an

(School of Mechanical Engineering, Xi an Jiaotong University, Xi an 710049, China)

Abstract: To solve the problem of modeling temperature control in the fermentation process, a neural network nonlinear auto regressive moving average(NN2NARMA) modeling method for nonlinear system is proposed. In the nonlinear mapping relation of NARMA model, which is expressed by radial basis function(RBF) neural network, the output undergoes two2order low2frequency pass filter and the genetic arithmetic that has multi mutation probabilities is employed to optimize the parameters (e. g., delay of NARMA model and coefficients of filter, etc.). A group of contrasting experiments in beer fermentation process are conducted and the results show that the temperature errors from the top, middle and bottom of the fermentation tank by the NN2NARMA model are reduced 3819%, 1315% and 6113% respectively compared with Elman neural network model. The proposed method is more effective to solve the problem of modeling the temperature control in fermentation process.

Key words: nonlinear system; modeling; fermentation process

在生物发酵过程中, 温度是影响其产物优劣的重要因素, 建立该过程的温度控制模型对优化控制、提高产品质量尤为为重要. 但是, 该过程涉及生物动力、化工和热力等方面的内容, 其中某些生化变化原理目前人们还尚未认识清楚, 所以很难从机理上建模. 生物发酵过程具有强非线性、多输入多输出的特征, 目前对这类系统建模的代表性方法主要有 F. Azimzadeth^[1]等应用多个模型对系统进行逼近, 薛福珍^[2]等通过忽略某些反应条件建立具有惯性环节的

二阶系统. 前者根据发酵过程的几个阶段进行建模, 忽略了过程的连续性; 后者的模型精度较低, 难以满足现代生物工程产业化的要求. 近年来, 人工智能的方法逐渐被人们用来建立这类模型, 其中应用较多的是 Elman 神经网络, 但它的缺陷是对高阶复杂过程建模较为困难^[3]. 为此, 本文设计了一种基于径向基神经网络的模型, 用遗传算法优化模型的参数, 建立啤酒发酵的温度控制模型, 并且和 Elman 神经网络模型的结果进行了对比.

收稿日期: 2003-10-31. 作者简介: 王 斌(1976~), 男, 博士生; 王孙安(联系人), 男, 教授, 博士生导师.

1 系统介绍

发酵反应一般在如图1所示的生物反应器中进行,发酵反应要求生物反应器内的温度维持在特定值上,但由于生物反应器内的微生物在发酵时会放出热量,所以为了使罐内温度(y)恒定,需要通过控制流经冷媒或热媒冷却夹套的阀门开度(u)来和生物反应器进行热量交换.由于在发酵过程中有微生物的参与,其过程非常复杂,具有严重的非线性特征,因此它可由 Billings 提出的非线性自回归滑动平均(NARMA)模型来描述.目前,NARMA模型已被成功地应用在实际工况中,而离散化的NARMA模型的表述为^[4]

$$Y(t) = f(Y(t-1), \dots, Y(t-n), U(t-1), \dots, U(t-m)) \quad (1)$$

式中: $Y(t) = [y_1(t), \dots, y_i(t)]^T$ 、 $U(t) = [u_1(t), \dots, u_j(t)]^T$ 分别表示在 t 时刻系统的 i 个输出(即生物反应器内的温度)和 j 个输入(交换媒体阀门的开度); n, m 分别是 Y 和 U 的最大延迟系数.

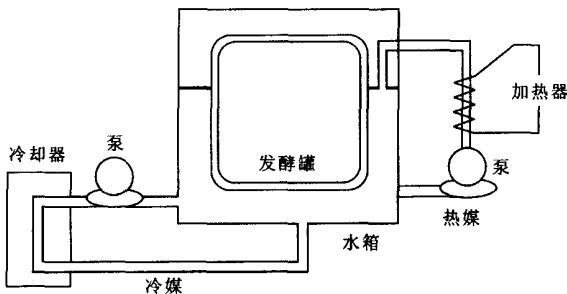


图1 生物反应器

2 NN - NARMA 模型

对于许多类似于生物发酵过程的复杂过程,要建立 NARMA 模型一般是很困难的,不但线性方程组多,而且系统的输入矩阵可能呈现病态问题^[5,6].通常,由于多输入多输出系统可以由几个多输入单输出系统表示,所以本文主要研究多输入单输出的情况,并为此设计了如图2所示的由生物发酵温度控制的 NN - NARMA (Neural Network NARMA) 模型.用径向基函数(RBF)神经网络来逼近 NARMA 模型中的映射关系 f ,神经网络的输入为

$I = [y(t), \dots, y(t-n), U(t-1), \dots, U(t-m)]$ 由于温度系统具有大惯性环节,所以神经网络的输出采用了二阶低通滤波,以除去信号中的高频噪声来加强神经网络的泛化能力.

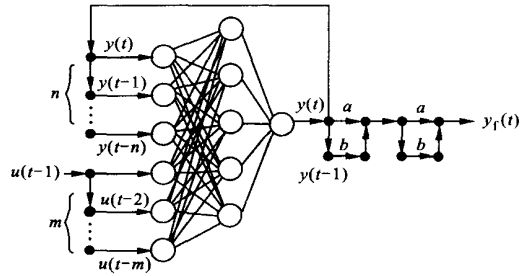


图2 NN - NARMA 模型

当 n, m, a 和 b 确定时,模型的结构也就确定了,设 $x = \{n, m, a, b\}$ 为该模型的结构参数,则在神经网络的连接权、径向基函数的中心点及其宽度确定时,NN - NARMA 模型可表述为映射(h),即

$$y_f(t) = h(U(t), x) \quad (2)$$

模型的精度由 x 决定.本文使用遗传算法来搜索 x ,为了评价 x ,用生物发酵过程中 s 个输入输出序列作为模型的训练样本,则模型的输出 $\hat{y}(t)$ 与样本输出误差绝对值的和为

$$g(x) = \frac{1}{s} \sum_{k=1}^s |y(t) - h(U(k), x)| \quad (3)$$

式中: $g(x)$ 为模型评价函数, $g(x)$ 越小模型的精度越高.RBF神经网络结构会直接影响模型的精度,当 x 确定时,RBF神经网络的输入层和输出层的神经元数目就确定了.RBF神经网络隐层节点数 $p(x)$ 是决定模型精度的重要因素,一般情况 $p(x)$ 越大,模型精度就越高,但是 $p(x)$ 过大会使神经网络的结构过于复杂,从而影响神经网络学习的速度.因此,这一优化问题的实质是应在神经网络结构不很复杂的情况下,使模型尽量保证较高的精度,其描述如下

$$\left. \begin{array}{l} \min g(x) \\ \text{s.t. } p(x) < p_0 \end{array} \right\} \quad (4)$$

式中: p_0 为常数.通过限定隐层神经元的数目保证了神经网络的学习速度.这是一个含约束条件的优化问题,用遗传算法优化其适应度函数

$$f(x) = e^{-r(g(x) + p(x))} \quad (5)$$

式中: r 为罚函数的尺度系数; $p(x)$ 为罚函数,它满足下列条件的连续函数

$$p(x) = \begin{cases} 0, & p < p_0 \\ p^2, & p > p_0 \end{cases} \quad (6)$$

模型结构参数 x 为遗传算法中的个体,然而在神经网络训练的过程中,只有少数的 x 可以得出合适的结果,大多数个体的适应度极小,易造成新一代个体种群的相异率过小而产生早熟现象^[7].为了避

免这一现象,遗传算法的变异率在遗传操作的过程中进行了自适应调节. 设遗传算法中种群的大小为 M ,交叉率为 P_c ,则变异率为

$$P_m = \begin{cases} P_m^0 \frac{MP_c}{N}, & MP_c > N \\ P_m^0, & MP_c \leq N \end{cases} \quad (7)$$

式中: P_m^0 为调整系数; P_m^0 为选定的变异率; N 为满足下列条件的数,即

$$N \left\{ \sum_{i=1}^N F_i \right\} Q_0 \left\{ \sum_{i=1}^s F_i \right\} \left\{ \sum_{i=1}^{N-1} F_i \right\} < Q_0 \left\{ \sum_{i=1}^s F_i \right\}, \quad 0 < Q < 1 \quad (8)$$

其中: F 为个体的适应度从大到小排序后的序列; Q_0 为常数. 当交叉率一定时, N 越小新一代种群中个体的相异率就可能越小,所以需要的变异率就大一些;反之,亦然.

模型参数优化的算法流程为: 随机产生初始种群,个体数目一定,每个个体为 x_i ; 使用每个个体对应的 x 对模型进行训练,并计算个体的适应度函数,判断是否符合停止条件,若符合输出最佳个体计算结束,否则转向 ; 依据适应度采用轮盘赌选择再生个体,适应度高的被选中,适应度低的个体可能被淘汰; 按照一定的 P_c 和单点交叉生成新个体; 按照 P_m 和基本位变异法生成新个体; 由交叉和变异产生的新一代的种群返回 .

3 建立啤酒发酵温度的控制模型

在啤酒工业中,啤酒酵母把麦汁分解成酒精、二氧化碳和活性物质,该过程一般在容量为 300 ~ 400 t 的大型露天生物反应器中进行. 生物反应器的顶部、中部和底部各有一组冷却夹套,每组冷却夹套有一个控制冷媒流量的阀门,阀门开度分别为 u_1 、 u_2 和 u_3 ,在相应的位置有 3 个伸入罐内的温度传感器,分别用于检测生物反应器顶部、中部和底部的温度^[8] (y_1, y_2, y_3). 由于啤酒主发酵过程中只开 2 个阀门 u_1 和 u_2 ,所以该系统是双输入 3 输出的系统. u_1, u_2 的延时系数分别为 m_1, m_2 , 则 $x = \{ n, m_1, m_2, a, b \}$,为了简化计算,我们把它们分别看成 3 个双输入单输出的系统,用模型描述如下

$$\left. \begin{aligned} y_1(t) &= h([u_1(t), u_2(t)]^T, x_1) \\ y_2(t) &= h([u_1(t), u_2(t)]^T, x_2) \\ y_3(t) &= h([u_1(t), u_2(t)]^T, x_3) \end{aligned} \right\} \quad (9)$$

式中: x_1, x_2, x_3 为描述模型结构的参数,需分别用遗传算法优化.

遗传算法中的个体均采用 20 位二进制编码,每个参数分别占 4 位,其中 n, m_1, m_2 为 $[1, 16]$, a, b 为 $[0, 1]$,其他参数为 $P_c = 013, P_m = 012, r = 0101, P_0 = 20, = 013$. 神经网络的学习参数为:神经元的最大个数是 100,误差指标是 01005,径向基函数的分布常数是 1. 本文的实验数据来自山东某啤酒厂,实验是在该厂普通啤酒 (89) 的发酵工艺下进行的^[8]. 以该厂第 5 发酵区 115 号发酵罐为对象,对其 3 个点的温度和控制量的关系进行建模,经过优化后的模型结构参数为: $x_1 = \{ 16, 15, 3, 013, 012 \}; x_2 = \{ 14, 6, 4, 013, 012 \}; x_3 = \{ 11, 5, 14, 013, 012 \}$. 从这些参数中可知, u_1 对 y_1, y_2 的影响较大, u_2 对 y_3 影响较大,并且应用 20 个隐层节点的 Elman 神经网络和本文的模型做了对比,实验结果如图 3 所示. 从图中可以看出,NN - NARMA 模型比 Elman 神经网络的输出曲线更接近实际的输出曲线.

表 1 给出了 2 种模型的性能比较,从中可以看出,本文模型的温度平均误差 E_{mean} 和最大温度误差 E_{max} 要比 Elman 神经网络的 E_{mean} 和 E_{max} 小. 其中, y_1 的 E_{mean} 减少了 3819%, y_2 的 E_{mean} 减少了 1315%, y_3 的 E_{mean} 减少了 6113%. 因为啤酒发酵的生物反应器温度控制具有大惯性的特性,所以每个控制周期的温度变化一般不会超过 0105 . 因此,温度每精确 01005 对该模型都是非常重要的.

表 1 2 种模型的温度比较

温度	NN - NARMA 模型		Elman 神经网络模型	
	E_{mean}	E_{max}	E_{mean}	E_{max}
y_1	01023 2	01137 3	01038 0	01143 6
y_2	01043 0	01170 7	01049 7	01171 7
y_3	01045 2	01223 5	01116 8	01268 8

4 结 论

本文针对生物发酵过程中温度控制模型难以建立的问题,设计了用径向基神经网络逼近 NARMA 模型函数映射关系的 NN - NARMA 模型,并用自调节变异率的遗传算法对 NARMA 模型的延时等参数进行了优化. NN - NARMA 模型与传统的方法比较具有的优点为: 模型的精度有所提高,本文应用该方法建立了生物发酵过程中的温度控制模型,该模型的上温、中温和下温的误差相对于 Elman 神经网络模型分别减小了 3819%、1315% 和 6113%; 更适合对复杂工业过程的建模. 对复杂工业过程的建模,传统方法的精度不能满足要求,有的计算起来也比较困难,因此不易建立模型,而 NN - NARMA

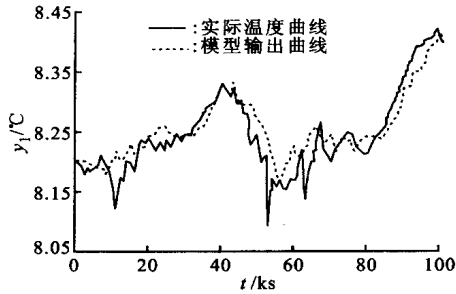
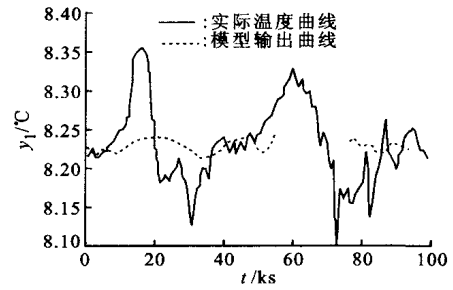
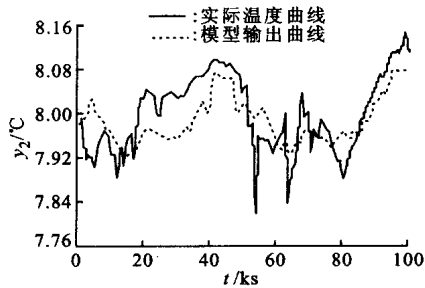
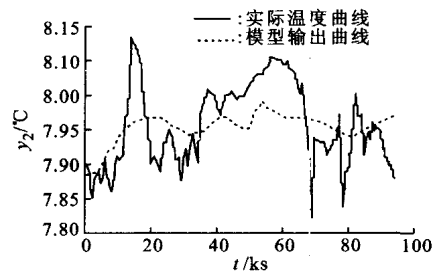
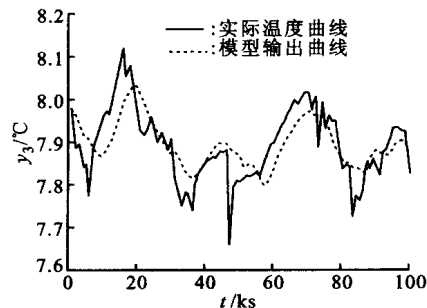
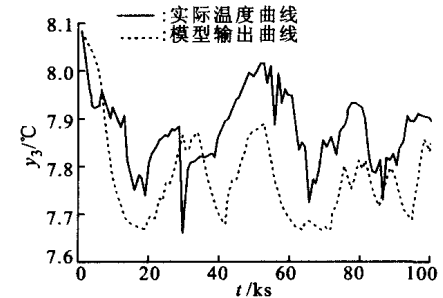
(a) NN - NARMAX 模型的 $y_1(t)$ 曲线(b) Elman 神经网络模型的 $y_1(t)$ 曲线(c) NN - NARMAX 模型的 $y_2(t)$ 曲线(d) Elman 神经网络模型的 $y_2(t)$ 曲线(e) NN - NARMAX 模型的 $y_3(t)$ 曲线(f) Elman 神经网络模型的 $y_3(t)$ 曲线

图3 啤酒发酵过程中的实际曲线和模型输出曲线

模型能够满足精度上的要求,而且具有一定的可操作性.但是,如何利用系统的已知特性(如大惯性、时滞等)来提高 NN - NARMA 模型参数的搜索速度,有待做进一步的深入研究.

参考文献:

- [1] Azimzadeh F, Palizban H A, Romagnoli J A. Online optimal control of a batch fermentation process using multiple model approach [A]. Proceedings of the 37th IEEE Conference on Decision and Control [C]. Florida Tampa : IEEE, 1998. 455 - 460.
- [2] 薛福珍, 庞国仲, 林盛荣. 啤酒发酵过程的建模仿真与控制[J]. 中国科学技术大学学报, 2001, 31(4): 502 - 508.
- [3] 孙增圻, 张再兴, 邓志东. 智能控制理论与技术[M]. 北京: 清华大学出版社, 1997. 190 - 194.
- [4] Wasif N. Nonlinear predictive control using genetic algorithms [D]. Saudi Arabia: King Fahd University of Petroleum and Minerals, 2001.
- [5] 王 晓, 韩崇昭, 万百五. NARMA 模型辨识的直交化最小二乘新算法[J]. 西安交通大学学报, 1997, 31(9): 11 - 17.
- [6] 秦 滨, 韩志刚. 非线性 NARMA 模型的 ARMAX 模型全局线性化[J]. 自动化学报, 1997, 23(3): 332 - 337.
- [7] 庄 健, 王孙安. 自调节基因移民遗传算法的研究[J]. 西安交通大学学报, 2002, 36(11): 1170 ~ 1172.
- [8] 董晓津, 王 斌, 王孙安. 啤酒发酵过程自动控制研究[J]. 机床与液压, 2004, 184(4): 102 - 103.

(编辑 管咏梅)