

文章编号: 1001-0920(2008)08-0869-05

## 基于改进 BP 神经网络的菌体浓度软测量

杨强大<sup>a</sup>, 王福利<sup>a,b</sup>, 常玉清<sup>a,b</sup>

(东北大学 a. 信息科学与工程学院, b. 流程工业综合自动化教育部重点实验室, 沈阳 110004)

**摘要:** 提出一种改进的 BP 神经网络 (IBPNN) 用以建立发酵过程中菌体浓度软测量模型. 结合菌体浓度变化范围大这一特点, 将传统 BP 网络的误差函数进行了改进, 并利用最优停止法对网络进行训练, 避免了过拟合现象. 最后针对诺西肽发酵过程中菌体浓度的估计问题, 根据隐函数定理选取辅助变量, 应用 IBPNN 建立菌体浓度软测量模型, 实验结果验证了所提方法的有效性.

**关键词:** 软测量; 神经网络; 算法改进; 辅助变量选取; 发酵

中图分类号: TP274

文献标识码: A

## Soft sensor of biomass based on improved BP neural network

YANG Qiang-da<sup>a</sup>, WANG Furli<sup>a,b</sup>, CHANG Yurqing<sup>a,b</sup>

(a. School of Information Science and Engineering, b. Key Laboratory of Integrated Automation of Process Industry of Ministry of Education, Northeastern University, Shenyang 110004, China. Correspondent: YANG Qiang-da, E-mail: daqiang9666@163.com)

**Abstract:** An improved BP neural network (IBPNN) is presented to develop a soft sensor model of biomass in fermentation processes. Combined with the characteristic that biomass can vary in a wide range, the error function of the traditional BP network is improved. Meanwhile, optimal stopping rule is used to avoid over-fitting. According to the estimation of biomass in Nosiheptide fermentation process, the secondary variables are selected according to the implicit function existence theorem, and then a soft sensor model of biomass is developed by using the IBPNN. The testing result shows the effectiveness of the presented approach.

**Key words:** Soft sensor; Neural network; Algorithm improvement; Selection of secondary variables; Fermentation

### 1 引言

发酵过程是一个具有高度非线性特性的复杂动态过程. 菌体浓度是该过程中一个重要的生化参数, 但该参数无合适的在线分析仪对其进行测定, 只能采用人工采样离线分析的方法. 该方法存在较大的测量滞后而使调解不及时, 很难保证产品质量. 因此, 应用软测量技术, 实现菌体浓度的在线预估具有重要的实际意义.

目前, 关于发酵过程的软测量建模已有很多方法<sup>[1-4]</sup>, 其中利用神经网络较强的非线性拟合能力进行生化过程的软测量建模成为近年来研究的热点之一<sup>[4-7]</sup>. 但这些方法存在以下不足: 1) 没有考虑发酵过程中菌体浓度变化范围大这一特点; 2) 训练过程中会出现过拟合现象; 3) 辅助变量的选取没有理论依据.

为此, 本文提出了一种改进的 BP 神经网络 (IBPNN), 并用之建立了菌体浓度软测量模型. 结合发酵过程中菌体浓度变化范围大这一特点, 改进了传统 BP 网络的误差函数; 利用最优停止法对网络进行训练, 并在训练过程中引入验证样本集, 对训练过程进行整体的监控, 有效地避免了过拟合现象<sup>[8]</sup>; 结合诺西肽发酵过程的非结构模型, 根据隐函数存在定理进行辅助变量的选择, 从而使其选择有较严格的理论依据. 最后的实际应用结果表明, 所建模型具有良好的预估性能.

### 2 BP 网络的改进

要进行菌体浓度的软测量建模, 其所需的网络结构为多输入 - 单输出型的, 因此本文仅以该结构类型的 BP 网络为例展开探讨 (当然这里所做的改进也适合于多输入 - 多输出型的 BP 网络).

收稿日期: 2007-10-17; 修回日期: 2008-02-02.

基金项目: 国家 973 计划项目 (2002CB312201).

作者简介: 杨强大 (1979 -), 男, 山东青岛人, 博士生, 从事复杂系统过程建模与软测量的研究; 王福利 (1957 -), 男, 辽宁辽阳人, 教授, 博士生导师, 从事复杂工业过程建模、优化等研究.

## 2.1 误差函数的改进

多层前向型神经网络是目前应用最广泛的神经网络结构<sup>[9]</sup>,其优化的误差函数如下:

$$E = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^N (y_i - \hat{y}_i)^2, \quad (1)$$

即传统BP网络的优化问题为

$$\min J(w, \theta) = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^N (y_i - \hat{y}_i)^2. \quad (2)$$

式(1)和(2)中: $i$ 为样本号, $y$ 为期望输出, $\hat{y}$ 为网络输出, $w$ 和 $\theta$ 分别为神经网络的连接权和阈值.

式(2)所表示的优化问题,并未考虑每个样本中被预估变量(即变量 $y$ )的数值大小,在网络终止训练时,其优化的结果往往是每个样本拟合的绝对误差较小.然而在实际应用中,有些过程的被预估变量变化范围很大(例如,发酵结束时的菌体浓度值往往是发酵初始时的十几倍甚至几十倍),那么把式(1)作为误差函数,其优化的最终结果可能是:每个样本拟合的绝对误差较小,但相对于被预估变量值较小的样本而言,其相对误差可能会较大.这样,便会出现拟合不均的现象,即被预估变量值较大的样本拟合程度要好于被预估变量值较小的样本.对于软测量仪表而言,其预测性能以相对误差的大小作为衡量指标,因此本文把传统BP网络的误差函数改为如下形式:

$$E = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^N \left( \frac{y_i - \hat{y}_i}{y_i} \right)^2, \quad (3)$$

即把传统BP网络的优化问题改为

$$\min J(w, \theta) = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^N \left( \frac{y_i - \hat{y}_i}{y_i} \right)^2. \quad (4)$$

这样,在网络终止训练时,其优化的结果是每个样本拟合的相对误差较小,从而使每个样本都得到较好的拟合.

## 2.2 反传算法的改动

本文已将误差函数进行了改进,因此反传算法也应做相应的改动,其改动如下所述:

对于样本 $p$ ,设其网络输出为 $\hat{y}_p$ ,期望输出为 $y_p$ ,则对应于该样本的误差函数为

$$E_p = \frac{1}{2} \left( \frac{y_p - \hat{y}_p}{y_p} \right)^2. \quad (5)$$

BP网络连接权和阈值的学习算法为

$$W(l+1) = W(l) - \frac{\partial E_p}{\partial W(l)}, \quad (6)$$

式中 $W = (w, \theta)$ .

## 3 最优停止法及其应用

### 3.1 最优停止法简介

神经网络的泛化能力是指学习后的神经网络对测试样本作出正确反应的能力<sup>[10]</sup>.对神经网络进

行过多的训练无疑会增加网络的训练时间,但更重要的是会产生过拟合现象.

许多学者利用网络对测试样本的测试误差作为泛化误差,对神经网络学习过程中的训练和测试误差进行了研究.所得结果随着训练误差的减少,泛化误差最初也逐渐减小,达到最小点后,尽管训练误差继续减小,泛化误差反而逐步增加,出现了所谓的过拟合现象.文献[8]指出最优停止法能有效地避免过拟合现象.而最优停止法的应用关键就是确定学习算法在何时停止,即得到泛化误差最小点.

应用最优停止法时,在训练之前将收集到的样本数据集随机地划分为训练集、验证集和测试集,其中测试集可选.训练集用于对神经网络进行训练,验证集用于监控网络训练进程.训练网络时,将网络训练与网络验证交替进行.当网络开始进入过拟合时,验证误差就会逐渐增大,网络训练应提前停止,同时返回验证误差取最小值时的网络参数.

### 3.2 最优停止法训练步骤

将学习样本分为训练样本 $S_{tr}$ 和验证样本 $S_{ve}$ .另外,定义如下的两个误差表达式:

$$E_{tr} = \frac{1}{N_{tr} n_i} \sum_{i=1}^{N_{tr}} \sum_{j=1}^{n_i} \left( \frac{y_{ij} - \hat{y}_{ij}}{y_{ij}} \right)^2, \quad (7)$$

$$E_{ve} = \frac{1}{N_{ve} n_i} \sum_{i=1}^{N_{ve}} \sum_{j=1}^{n_i} \left( \frac{y_{ij} - \hat{y}_{ij}}{y_{ij}} \right)^2. \quad (8)$$

式中:下标 $ij$ 表示发酵的第 $i$ 批中的第 $j$ 个采样点, $y$ 和 $\hat{y}$ 分别为菌体浓度的离线测量值和网络预估值, $N_{tr}$ 和 $N_{ve}$ 分别为训练样本 $S_{tr}$ 和验证样本 $S_{ve}$ 所包含的批次, $n_i$ 为第 $i$ 批包含的采样点数.

最优停止法训练过程如下:

1) 网络的初始化.学习轮数 $k = 1$ (对所有训练样本 $S_{tr}$ 学习一遍为1轮),最大学习轮数 $k_{max}$ ,拟合精度 $E_{tr\min}$ ,门限值 $m$ .

2) 采用2.1和2.2节的BP算法,以 $S_{tr}$ 为训练样本对网络进行一轮训练,获得一组连接权和阈值,以及对应的 $E_{tr}(k)$ .

3) 计算在当前连接权和阈值下,模型对验证样本 $S_{ve}$ 预测的相对误差平方和均值 $E_{ve}(k)$ .若 $k = 1$ ,则 $E_{ve\min} = E_{ve}(k)$ ,并保留当前连接权和阈值,作为模型的最佳连接权和阈值;否则,若 $E_{ve\min} > E_{ve}(k)$ ,则 $E_{ve\min} = E_{ve}(k)$ ,并保留当前连接权和阈值,作为最佳连接权和阈值.

4) 网络训练终止条件,即

$$k = k_{max};$$

$$E_{tr}(k) = E_{tr\min};$$

$$\begin{cases} E_{ve\min} < E_{ve}(k-i), & i = 0, 1, \dots, m-1; \\ E_{tr}(k-i) < E_{tr}(k-i), & i = 0, 1, \dots, 2m-1. \end{cases}$$

其中,条件 中的两个表达式是与的关系,且门限值  $m$  是一个大于或等于 1 的整数.若满足条件 ~ 中任何一条或多条,则停止训练,同时输出获得的最佳连接权和阈值作为网络训练的最终连接权和阈值;否则,  $k = k + 1$ ,转步骤 2).

在以往的实验中可以发现:由于训练过程中的震荡现象而使验证误差暂时性地增大,会造成网络训练的过早结束.为此,对网络训练的终止条件进行了改进:当验证误差由小变大时,先不立即停止网络的训练,而是继续观察,并设置一个门限值  $m$ ,如果验证误差连续  $m$  次出现变大,则认为网络已出现过拟合现象,因而停止网络的训练.

### 4 诺西肽发酵过程菌体浓度软测量

#### 4.1 材料与方法

诺西肽是一种优良的非吸收型饲料添加剂,它是由活跃链霉菌产生的一种含硫多肽类抗生素,其分子式为  $C_{15}H_{43}N_{13}O_{12}S_6$ .诺西肽发酵过程的实验材料和方法如下所述.

实验菌种为活跃链霉菌 *Streptomyces actuosus* 17-30(沈阳药科大学提供).发酵培养基组成(g/L):淀粉 55,黄豆粉 40,酵母粉 2,氯化钠 4,硫酸铵 1,硝酸钾 0.5,碳酸钙 4.

实验方法是按照发酵工艺进行分批发酵实验.高温蒸汽消毒后,在 100 L 发酵罐中装入无菌培养液 50 ~ 55 L 和少量缓冲液使初始 pH 值在 6.8 ~ 7.2 之间.在无菌条件下进行接种,接种量为 6 L.将发酵罐压力控制在 40 kPa 左右,温度控制在 27.5 ~ 28.5 .并根据实验需要,通气流量控制在 2.6 ~ 3.6 m<sup>3</sup>/h,搅拌转速控制在 150 ~ 360 r/min.

#### 4.2 发酵过程非结构模型及其辅助变量的选择

##### 4.2.1 发酵过程非结构模型

依据相关文献的研究成果<sup>[11-13]</sup>和诺西肽发酵过程的实际情况,可选取如下分批发酵的非结构模型状态方程:

$$\begin{cases} \dot{x}_1 = \mu x_1 = \mu_m \times \frac{x_2}{k_s x_1 + x_2} \times \frac{x_4}{k_o + x_4} \times F(pH) \times A(T) x_1, \\ \dot{x}_2 = - \left( m_s + \frac{1}{Y_{X/S}} \mu + \frac{1}{Y_{P/S}} \right) x_1, \\ \dot{x}_3 = x_1 - k x_3, \\ \dot{x}_4 = k_L a (DO^* - x_4) - \left( m_o + \frac{1}{Y_{X/O}} \mu + \frac{1}{Y_{P/O}} \right) x_1, \\ \dot{x}_5 = \left( m_{CO_2} + \frac{1}{Y_{X/CO_2}} \mu \right) x_1. \end{cases} \quad (9)$$

其中: $x_1$  为菌体浓度  $X(g/L)$ ,  $x_2$  为基质浓度  $S(g/L)$ ,  $x_3$  为产物浓度  $P(g/L)$ ,  $x_4$  为溶解氧浓度

$DO(g/L)$ ,  $\dot{x}_5$  为二氧化碳释放率  $CER(g/L \cdot h)$ ; pH 为发酵液 pH 值;  $n$  为搅拌转速 (r/min);  $q$  为通气流量 (m<sup>3</sup>/h);  $\mu$  为比生长率 (h<sup>-1</sup>);  $k$  为产物降解系数 (h<sup>-1</sup>);  $\mu_m$  为最大比生长率 (h<sup>-1</sup>);  $DO^*$  为饱和溶解氧浓度 (g/L);  $T$  为发酵液温度 ( );  $k_s$  和  $k_o$  为饱和常数 (g/L);  $k_L a$  为氧体积传质系数 (h<sup>-1</sup>);  $\mu$  为比产物生成速率 (h<sup>-1</sup>);  $Y_{X/S}, Y_{X/O}, Y_{X/CO_2}$  为菌体得率系数 (g/g);  $Y_{P/S}, Y_{P/O}, Y_{P/CO_2}$  为产物得率系数 (g/g). 式中:  $A(T)$  是变量  $T$  的函数,  $F(pH)$  是发酵液 pH 值的函数,且  $0 < A(T), F(pH) < 1$ .

##### 4.2.2 辅助变量的选择

本文是在诺西肽分批发酵过程非结构模型的基础上,根据隐函数存在定理来选取辅助变量的,其选取过程如下.

式(9)中,  $k_L a$  是搅拌转速  $n$  和通气流量  $q$  的函数,记作  $g(n, q) = k_L a$ ,且  $g(n, q) > 0$ .那么,由式(9)所表述的系统就可以记为如下的非线性系统:

$$\begin{cases} \dot{x}_1 = \mu x_1 = \mu_m \times \frac{x_2}{k_s x_1 + x_2} \times \frac{x_4}{k_o + x_4} \times F(pH) \times A(T) x_1, \\ \dot{x}_2 = - \left( m_s + \frac{1}{Y_{X/S}} \mu + \frac{1}{Y_{P/S}} \right) x_1, \\ \dot{x}_3 = x_1 - k x_3, \\ \dot{x}_4 = g(n, q) (DO^* - x_4) - \left( m_o + \frac{1}{Y_{X/O}} \mu + \frac{1}{Y_{P/O}} \right) x_1, \\ \dot{x}_5 = \left( m_{CO_2} + \frac{1}{Y_{X/CO_2}} \mu \right) x_1. \end{cases} \quad (10)$$

为了利用隐函数存在定理进行辅助变量的选取,由式(10)中的第 4 和第 5 式,构成如下子系统:

$$\begin{cases} \dot{x}_4 = g(n, q) (DO^* - x_4) - \left( m_o + \frac{1}{Y_{X/O}} \mu + \frac{1}{Y_{P/O}} \right) x_1 = f_4(x_1, x_2, x_4, pH, T, n, q), \\ \dot{x}_5 = \left( m_{CO_2} + \frac{1}{Y_{X/CO_2}} \mu \right) x_1 = f_5(x_1, x_2, x_4, pH, T). \end{cases} \quad (11)$$

对于满足式(11)的子系统,其雅克比矩阵  $J = \partial[f_4 f_5] / \partial[x_1 x_2]$  所对应的行列式  $\det(J) \neq 0$ (证明见附录),则由隐函数存在定理<sup>[14]</sup>可知,上述子系统能够确定如下的函数关系式:

$$x_1 = G(\dot{x}_4, x_4, \dot{x}_5, pH, T, n, q). \quad (12)$$

因此,理论上只要得到  $G$ ,就可利用在线可得变量  $\dot{x}_4, x_4, \dot{x}_5, T, pH, n, q$  计算出难以直接测量的  $x_1$ .然而,发酵过程的复杂性和非结构模型中存在未知的函数表达式,无法用确定的解析式来准确反映辅助变量和主导变量之间的关系.因此,本文利用神经网络

络来逼近非线性函数关系  $G$ 。这样,为了利用神经网络对主导变量菌体浓度进行估计,根据上述分析需要选取的辅助变量为  $DO, DO, CER, pH, T, n, q$ 。

### 4.3 软测量模型的建立

#### 4.3.1 数据来源及其预处理

实验数据来自东北大学“211工程”实验室生物发酵罐中的诺西肽发酵过程。诺西肽发酵周期约为96 h,取3 h为采样周期,其中菌体浓度通过取样化验分析获得,其他所需的变量通过DCS系统获得。本文取3批样本数据构成训练样本  $S_{tr}$ ,取1批样本数据构成验证样本  $S_{ve}$ ,再取1批样本数据构成测试样本  $S_T$ 。

考虑到外部干扰等因素,通过DCS系统所得的输入数据不能直接作为软测量模型的输入,必须进行预处理。预处理主要有误差处理和数据变换。误差分为随机误差和过失误差,对于随机误差,采用移动平均值数字滤波;对于过失误差,采用数据协调技术<sup>[15]</sup>。误差处理完后,在建模前还需进行输入变量的归一化处理,以消除量纲不同带来的不合理影响。

#### 4.3.2 神经网络建模

这里采用IBPNN建立菌体浓度软测量模型,其输入为4.2.2节分析得到的7个辅助变量,输出为菌体浓度。训练过程中采用第3节的最优停止法,各参数的取值: $m = 200, k_{max} = 20000, E_{tr, min} = 0.1\%$ 。神经网络采用3层结构,隐含层和输出层的激活函数分别取S型和线性函数。隐含层神经元的个数是根据模型对验证样本  $S_{ve}$  的最佳预估精度以及模型的复杂度来调整的,经过反复实验,最终确定隐含层神经元的个数为11。

确定了神经网络的结构后,便可利用训练样本  $S_{tr}$  和验证样本  $S_{ve}$  共同完成IBPNN的学习任务。训练完成后,保存获得的连接权和阈值,从而完成菌体浓度软测量模型的离线构建。

#### 4.3.3 实验结果及其分析

将测试样本  $S_T$  输入到训练好的软测量模型(该模型记为SSM1)中,其预估结果如图1所示。从图1可以看出,基于嵌入最优停止法的IBPNN软测量模型具有良好的泛化性能。

另外,为了进一步说明本文建模算法的性能,建立了如下的软测量模型:1)采用改进的误差函数,但不采用最优停止法进行网络的训练(所建模型记为SSM2);2)传统的BP网络软测量模型(既不采用改进的误差函数,也不采用最优停止法进行网络的训练,该模型记为SSM3)。其中,SSM2和SSM3的网络结构与SSM1的一样,其学习数据都为训练样本  $S_{tr}$  和验证样本  $S_{ve}$  的并集,测试数据都为  $S_T$ 。

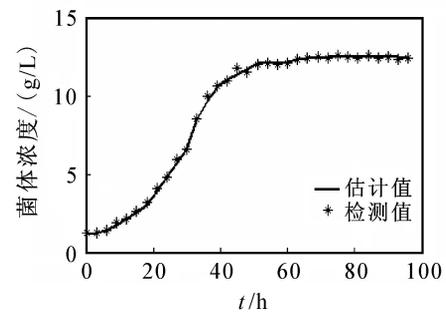


图1 菌体浓度的预估结果

训练终止条件同SSM1(但不包括终止条件3);SSM3训练终止条件为,循环轮数达到  $k = 20000$  或者拟合误差平方和均值小于0.01。

SSM1在循环轮数为  $k = 14387$  时,由于条件3得到满足,网络终止训练;而SSM2和SSM3在循环轮数达到  $k = 20000$  之前,均未达到拟合精度的设定值,即这两个模型均在循环轮数为  $k = 20000$  时终止了网络的训练。3个模型对测试样本  $S_T$  的预估精度(以平均相对误差表示)如表1所示。

表1 预估性能比较 %

	模 型		
	SSM1	SSM2	SSM3
前5个采样点	2.71	3.79	9.07
整个批次	2.67	3.85	4.43

由表1可以看出:1)模型SSM3对  $S_T$  前5个采样点的预估精度明显低于其对整个批次  $S_T$  的预估精度,而模型SSM1和SSM2由于采用了改进的误差函数并未出现拟合不均的现象;2)模型SSM1对整个批次  $S_T$  的预估精度明显优于模型SSM2和SSM3,其原因是SSM1采用最优停止法进行网络参数的确定。由此可见,通过对误差函数的改进,可以有效地避免拟合不均现象;而通过引入最优停止法进行网络的训练,一方面网络的训练次数明显减小,另一方面也提高了软测量模型的预估精度,这也恰好说明最优停止法可以避免过拟合现象,提高网络的泛化性能。

## 5 结 论

本文提出了一种改进的BP神经网络,并实现了诺西肽发酵过程中菌体浓度的软测量。结合发酵过程中菌体浓度的数值特点,改进了传统BP网络的误差函数;训练过程中,利用最优停止法进行网络参数的确定,从而在一定程度上克服了传统BP网络的过拟合现象。将隐函数存在定理用于辅助变量的选择,从而使辅助变量的选择有理论依据。实际应用结果表明,基于嵌入最优停止法的IBPNN软测量模型较基于传统BP网络的软测量模型具有更好的泛化性能。

附录  $\det(J) = 0$  的证明.

证明 令  $a = \frac{\partial \mu}{\partial x_1}$ ,  $b = \frac{\partial \mu}{\partial x_2}$ , 则

$$a = -\mu_m \times \frac{k_s x_2}{(k_s x_1 + x_2)^2} \times \frac{x_4}{k_o + x_4} \times$$

$$F(pH) \times A(T) < 0,$$

$$b = \mu_m \times \frac{k_s x_1}{(k_s x_1 + x_2)^2} \times \frac{x_4}{k_o + x_4} \times$$

$$F(pH) \times A(T) > 0,$$

$$\det(J) = \begin{vmatrix} \partial f_4 / \partial x_1 & \partial f_4 / \partial x_2 \\ \partial f_5 / \partial x_1 & \partial f_5 / \partial x_2 \end{vmatrix} =$$

$$\begin{vmatrix} -m_o - \frac{1}{Y_{X/O}} \mu - \frac{1}{Y_{P/O}} - \frac{1}{Y_{X/O}} a x_1 & -\frac{1}{Y_{X/O}} b x_1 \\ m_{CO_2} + \frac{1}{Y_{X/CO_2}} \mu + \frac{1}{Y_{X/CO_2}} a x_1 & \frac{1}{Y_{X/CO_2}} b x_1 \end{vmatrix}.$$

如果  $\det(J) = 0$ , 则需要

$$\frac{m_o + \frac{1}{Y_{X/O}} (\mu + a x_1) + \frac{1}{Y_{P/O}}}{m_{CO_2} + \frac{1}{Y_{X/CO_2}} (\mu + a x_1)} = \frac{\frac{1}{Y_{X/O}}}{\frac{1}{Y_{X/CO_2}}},$$

即

$$\frac{m_o + \frac{1}{Y_{X/O}} \mu + \frac{1}{Y_{P/O}}}{m_{CO_2} + \frac{1}{Y_{X/CO_2}} \mu} = \frac{\frac{1}{Y_{X/O}}}{\frac{1}{Y_{X/CO_2}}}.$$

上式的左边为呼吸商的倒数, 右边为氧气和二氧化碳对菌体生长的得率系数之比. 在诺西肽发酵的过程中: 1) 延迟期前期  $\mu = 0$ , 因此延迟期前期的呼吸

商倒数为  $(m_o + \frac{1}{Y_{P/O}}) / m_{CO_2}$ ; 2) 指数生长期  $\mu = \mu_m$ ,

因此指数生长期的呼吸商倒数为  $(m_o + \frac{1}{Y_{X/O}} \mu_m +$

$\frac{1}{Y_{P/O}}) / (m_{CO_2} + \frac{1}{Y_{X/CO_2}} \mu_m)$ . 在上述两个时期中, 指数生

长期的呼吸商倒数较大, 因此有如下不等式:

$$\frac{m_o + \frac{1}{Y_{P/O}}}{m_{CO_2}} < \frac{m_o + \frac{1}{Y_{X/O}} \mu_m + \frac{1}{Y_{P/O}}}{m_{CO_2} + \frac{1}{Y_{X/CO_2}} \mu_m},$$

从而有

$$\frac{m_o + \frac{1}{Y_{P/O}}}{m_{CO_2}} < \frac{\frac{1}{Y_{X/O}}}{\frac{1}{Y_{X/CO_2}}},$$

即有

$$\frac{m_o + \frac{1}{Y_{X/O}} \mu_m + \frac{1}{Y_{P/O}}}{m_{CO_2} + \frac{1}{Y_{X/CO_2}} \mu_m} < \frac{\frac{1}{Y_{X/O}}}{\frac{1}{Y_{X/CO_2}}}.$$

因此  $\det(J) \neq 0$ .

## 参考文献 (References)

- [1] Zhao Y. Studies on modeling and control of continuous biotechnical processes [D]. Norway: Norwegian University of Science and Technology, 1996.
- [2] Cheruy A. Software sensors in bioprocess engineering [J]. J of Biotechnology, 1997, 52(3): 193-199.
- [3] Gee D A, Ramirez W F. On-line state estimation and parameter identification for batch fermentation [J]. Biotechnology Progress, 1996, 12(1): 132-140.
- [4] Marcos J, Arauzo B. Automatization of a penicillin production process with soft sensors and an adaptive controller based on neuro fuzzy systems [J]. Control Engineering Practice, 2004, 12(9): 1073-1090.
- [5] Shene C, Diez C, Bravo S. Neural networks for the prediction of the state of zymomonas mobilis CP4 batch fermentations [J]. Computers and Chemical Engineering, 1999, 23(8): 1097-1108.
- [6] Tholuder A, Ramirez W F. Neural network modeling and optimization of induced foreign protein production [J]. AIChE Journal, 1999, 45(8): 1660-1670.
- [7] Adilson J, Rubens M. Soft sensors development for on-line bioreactor state estimation [J]. Computers and Chemical Engineering, 2000, 24(2): 1099-1103.
- [8] Cataltepe Z, Abur-mostafa Y S, Magdon-Ismael M. No free lunch for early stopping [J]. Neural Computation, 1999, 11(4): 995-1009.
- [9] 王旭东, 邵惠鹤. RBF 神经网络在非线性系统建模中的应用 [J]. 控制理论与应用, 1997, 14(1): 59-66. (Wang X D, Shao H H. Nonlinear system modeling using the radial basis function neural networks [J]. Control Theory and Application, 1997, 14(1): 59-66.)
- [10] 魏海坤, 徐嗣鑫, 宋文忠. 神经网络的泛化理论和泛化方法 [J]. 自动化学报, 2001, 27(6): 806-815. (Wei H S, Xu Y X, Song W Z. Generalization theory and generalization methods for neural networks [J]. Acta Automatica Sinica, 2001, 27(6): 806-815.)
- [11] Claudio G, Ricardo P C, Eduardo A. Modeling gibberella fujikuroi growth and GA3 production in solid-state fermentation [J]. Process Biochemistry, 2002, 37(9): 1033-1040.
- [12] Koutinas A A, Wang R, Kookos I K, et al. Kinetic parameters of Aspergillus awamori in submerged cultivations on whole wheat flour under oxygen limiting conditions [J]. Biochemical Engineering Journal, 2003, 16(1): 23-34.
- [13] Ruchi S, Subhash C, Ashok K S. Batch kinetics and modeling of gibberellic acid production by Gibberella fujikuroi [J]. Enzyme and Microbial Technology, 2005, 36(4): 492-497.

(下转第 878 页)

特点,选择使系统运动跟踪理想滑模运动的策略,避免了控制器切换,从而避开了由于控制器不停切换而产生的抖振对系统的影响.基于内模原理,设计了针对误差系统与干扰信号的有记忆状态反馈控制律,使原系统在此控制律作用下可以最终跟踪期望的滑模运动.仿真例子验证了设计的可行性.但对于不满足匹配条件的干扰及不确定系统的问题还需进一步探讨.

### 参考文献(References)

- [1] Weibing Gao, Yufu Wang, Abdolah Homaifa. Discrete-time variable structure control systems[J]. IEEE Trans on Industrial Electronics, 1995, 42(2): 117-122.
- [2] 高为炳. 变结构控制的理论及设计方法[M]. 北京: 科学出版社, 1996.  
(Gao W B. The theory and design methods of variable structure control[M]. Beijing: Science Press, 1996.)
- [3] 卢建宁, 张彦虎, 赵光宙. 离散时滞切换系统的无记忆状态反馈镇定[J]. 控制与决策, 2006, 21(8): 941-945.  
(Lu J N, Zhang Y H, Zhao G Z. Memoryless state feedback stabilization for discrete switched systems with time delay[J]. Control and Decision, 2006, 21(8): 941-945.)
- [4] 高存臣, 袁付顺, 肖会敏. 时滞变结构控制系统[M]. 北京: 科学出版社, 2004.  
(Gao C C, Yuan F S, Xiao H M. Time-delay variable structure control system[M]. Beijing: Science Press, 2004.)
- [5] Xiao Yanhong, Zhou Jinglin, Ge Zhaoyan, et al. The reaching law for variable structure control of discrete time system based on attenuating control[J]. Control Theory and Application, 2002, 19(3): 450-452.
- [6] Veluvolu K C, Soh Y C, Cao W. Robust discrete-time nonlinear sliding mode state estimation of uncertain nonlinear systems[J]. Int J of Robust Nonlinear Control, 2007, 17(9): 803-828.
- [7] 盛严, 王超, 陈建斌. 变结构控制的指数趋近律改进方法[J]. 西安交通大学学报, 2003, 37(1): 108-110.  
(Sheng Y, Wang C, Chen J B. Variable structure control based on modified exponential approach law for structure control[J]. J of Xi'an Jiaotong University, 2003, 37(1): 108-110.)
- [8] 李文林. 离散时间系统变结构控制的趋近律问题[J]. 控制与决策, 2004, 19(11): 1267-1270.  
(Li W L. Reaching law of discrete-time variable structure control systems[J]. Control and Decision, 2004, 19(11): 1267-1270.)
- [9] Chih-Chiang Cheng, Ming-Hsiung Lin, Jia-Ming Hsiao. Sliding mode controllers design for linear discrete-time systems with matching perturbations[J]. Automatica, 2000, 36(11): 1205-1211.
- [10] Xinkai Chen. Adaptive sliding mode control for discrete time multi-input multi-output systems [J]. Automatica, 2006, 42(5): 427-435.
- [11] Shengyuan Xua, James Lamb, Chengwu Yang. Quadratic stability and stabilization of uncertain linear discrete-time systems with state delay[J]. Systems & Control Letters, 2001, 43(1): 77-84.
- [12] 张新政, 邓则名, 高存臣. 滞后离散线性定常系统的准滑模变结构控制[J]. 自动化学报, 2002, 28(4): 625-630.  
(Zhang X Z, Deng Z M, Gao C C. Quasi-sliding mode VSC for discrete linear constant system with time delay[J]. Acta Automatic Sinica, 2002, 28(4): 625-630.)
- [13] 郑大钟. 线性系统理论[M]. 北京: 清华大学出版社, 2002.  
(Zheng D Z. Linear system theory [M]. Beijing: Tsinghua University Press, 2002.)

(上接第 873 页)

- [14] 陆启韶. 现代数学基础[M]. 北京: 北京航空航天大学出版社, 1997: 96-99.  
(Lu Q S. Fundamentals of modern mathematics[M]. Beijing: Beijing University of Aeronautics and Astronautics Press, 1997: 96-99.)
- [15] 李红军, 秦永胜, 徐用懋. 化工过程中的数据协调及显著误差检测[J]. 化工自动化及仪表, 1997, 24(2): 25-32.  
(Li H J, Qin Y S, Xu Y M. Data reconciliation and gross error detection in chemical process[J]. Control and Instruments in Chemical Industry, 1997, 24(2): 25-32.)