

谷氨酸发酵过程的模型化和参数估计

高以成 崔雪松 兰石 吴嘉

(上海工业自动化仪表研究所)

本文讨论了直接利用工厂报表数据构筑谷氨酸发酵过程的数学模型以及估计模型中参数的方法。

模型结构由理论分析得出,可用于分析模型和预测模型。参数估计主要介绍了辨识方法。考虑到模型方程可能病态,因此采用了平方根法滤波。文中还详细介绍了适用于实时在线辨识的逆推平方根算法。仿真结果表明,利用上述方法求得的模型和工厂数据符合得很好。作为预测模型,利用前18h的数据就能成功地预测全过程的状态。

关键词 谷氨酸发酵过程;系统辨识;参数估计

谷氨酸发酵过程是生产味精的一个关键过程。对于该过程而言,有四种类型的模型,即控制模型、间接测量模型、预测模型和分析模型。控制模型是最优控制算法的集合;间接测量模型是某些化工过程(如苯乙烯聚合反应)和生化过程(如谷氨酸发酵过程)中特有的一种模型。在这类过程中,某些重要的状态变量难以在线测量,大大限制了计算机在这类过程中的应用。因此,间接测量模型的作用就是利用容易在线测量的与状态密切相关的变量,在线估计难以测量的状态变量;预测模型则多用于批过程,谷氨酸发酵过程就是一种批过程。它的作用是利用发酵过程前期的数据预测过程后期的情况,以便及时发现问题,采取措施,保证过程按需要的路线进行;分析模型是利用批报数据构筑的数学模型,可利用它来分析过程的特性及问题,在以后的批过程中改进。显然,前三类模型是在线的,而分析模型是离线的。

本文只讨论预测模型和分析模型。虽然它们的作用不同,但模型结构却是十分相似的,只是在参数估计方面需采用不同

的方法,因此可以合并在一起讨论。本文使用的数据是上海天厨味精厂150m³发酵罐的批报数据。该发酵过程的基本数据如下:发酵罐容积150m³;风量640—800 m³/h;罐温32—38℃;初糖12.5—13.6%。

模型的结构

谷氨酸发酵过程中状态变量有七八个,但对预测和分析模型而言,最重要的变量只有菌体浓度 X ,基质浓度 S 和产物浓度 P 等三个。下面分别叙述如何确定这些变量遵循的方程。

(一) 菌体浓度 X 的方程^[1]

在谷氨酸发酵过程中,接种后细菌就在罐内生长繁殖。整个发酵期间,罐内外没有大规模的菌体迁移,也不会遭到杂菌或噬菌体的侵袭(即我们所研究的正常发酵情况)。这两个条件和描述人口增殖的Verhulst方程的条件十分相似。因此,描述菌体增殖可采用该方程:

本文于1984年12月4日收到。

本项工作承蒙上海天厨味精厂冯容保总工程师的帮助和指导,谨致谢意。

$$\frac{dx}{dt} = k_1 x + k_2 x^2 \quad (1)$$

实际工业生产中, 为适应环境, 菌体增殖有一个短时间的滞后期, 考虑这一点后, 可将上述方程改写成:

$$\frac{dx}{dt} = 0 \quad x(t) = x_0 \quad 0 \leq t \leq \tau_1 \quad (1')$$

$$\frac{dx}{dt} = k_1 x + k_2 x^2 \quad t > \tau_1 \quad (2)$$

在方程(2)中, 第二项是考虑到生物之间生存竞争而添加的竞争项, 它与单位时间内两个生物相遇次数的统计平均值成正比。

从方程(1)和(2)中, 我们看不出 x 和基质 s 之间有什么关系, 这似乎难以理解, 因为 x 的增长是以消耗基质为代价的。但是, 在我们所研究的发酵过程中, 基质(包括菌生长所需要的生物素、氧和其他成分)的供应是充分的, 因此该状态变量可以不在模型方程中出现。

(二) 基质 S 的消耗方程^[2]

在谷氨酸发酵过程中, 基质的消耗可以划分为长菌消耗和产酸消耗两大部分。诚然, 细菌呼吸也要消耗大量的基质。此外, 不论在长菌阶段或产酸阶段都有副产物产生(分别称为副产物 I 和 II), 它们的化学结构虽然还不清楚, 但残液分析(包括副产物 I 和 II)表明, 它们含有 C、H、O 以及少量的 N。因此, 它们的形成也要消耗基质。但都可以归结到长菌和产酸消耗内。

设长菌消耗为 $k_3 \frac{dx}{dt}$, 产酸消耗为 $k_4 \frac{dP}{dt}$, 则基质消耗可用下述方程描述:

$$\begin{aligned} -\frac{dS}{dt} &= k_3 \frac{dx}{dt} + k_4 \frac{dP}{dt} \\ &= \frac{1}{Y_G} \frac{dx}{dt} + \frac{1}{Y_M} \frac{dP}{dt} \quad (3) \end{aligned}$$

其中: $Y_G = \frac{\Delta x}{\Delta s}$, $Y_M = \frac{\Delta P}{\Delta s}$ 分别代表碳源

用于菌体生长和产物积累的得率常数。

(三) 产物 P 的方程

根据 Yamashita^[3] 和吴佩琮^[4] 的研究, 谷氨酸产物可用下述方程描述:

$$\frac{dP}{dt} = \frac{k_5 S}{k_6 + S} x - k_7 \frac{dx}{dt} \quad (4)'$$

在工厂的报表中, 可以看到谷氨酸的积累有一个明显的滞后过程。这是因为长菌初期并不产酸。因此需引入另一个滞后 τ_2 ; 此外, 方程(4)' 中的第二项在发酵过程中期菌体浓度趋于饱和时即变得很小, 略去它, 对计算产物的后期形成影响不大。于是, 描述产物的方程变为:

$$\frac{dP}{dt} = 0 \quad P(t) = 0 \quad 0 \leq t < \tau_1 + \tau_2 \quad (4)$$

$$\frac{dP}{dt} = \frac{k_5 S}{k_6 + S} x \quad t \geq \tau_1 + \tau_2 \quad (5)$$

产物方程也可用多项式形式代替

(5):

$$\begin{aligned} \frac{dP}{dt} &= k_1' x S + k_2' x S^2 + k_3' x S^3 \\ &+ k_4' \frac{dx}{dt} \quad t \geq \tau_1 + \tau_2 \quad (6)' \end{aligned}$$

这种形式便于用线性辨识方法进行参数估计。仿真结果表明, 用方程(6)' 也能得到良好的结果^[5]。

除此之外, 在谷氨酸发酵过程中, 还有一些模型方程本文不作研究, 仅列出如下:

$$\begin{cases} \dot{O}_2 = k_7 \dot{x} + k_8 \dot{p} \\ \dot{CO}_2 = k_9 \dot{x} + k_{10} \dot{p} \\ \dot{U} = k_{11} \dot{x} + k_{12} \dot{p} \\ \dot{NH}_3 = k_{13} \dot{x} + k_{14} \dot{p} \end{cases} \quad (6)$$

上述(1) — (6) 方程既可用于分

析模型^[6]，也可用于预测模型^[7]，它们是英国Loughborough大学化工系教授J. Mann 1983年第二次来我所工作时和建模小组共同工作的成果。

模型的参数估计

在模型方程(1)–(5)中，共有8个需要确定的参数，即 τ_1 ， τ_2 ， k_1 ， k_2 ， k_3 ， k_4 ， k_5 ， k_6 。除 τ_1 和 τ_2 需根据具体过程确定外，其余六个参数都可用理论方法计算或辨识方法估计。

(一) 用理论方法计算参数

把式(2)改写为：

$$\frac{1}{x} \frac{dx}{dt} = \mu = k_1 + k_2 x \quad (7)$$

其中 μ 为菌体生长比速。如以 x 为自变量， μ 为函数，这就是一个直线方程，只要任取两点 x_1 和 x_2 ，就可从上式中求出 k_1 和 k_2 。另一方面，将式(2)对 t 再求导数，有

$$\begin{aligned} \frac{d^2 x}{dt^2} &= k_1 \frac{dx}{dt} + 2k_2 x \frac{dx}{dt} \\ &= (k_1 + 2k_2 x) \frac{dx}{dt} \\ &= (k_1 + 2k_2 x)x(k_1 + k_2 x) \quad (8) \end{aligned}$$

从式(8)可看出：当 $x < k_1/2k_2$ 时，

$\frac{dx}{dt}$ 是递增的，而 $x > k_1/2k_2$ 时， $\frac{dx}{dt}$ 是递

减的。因此，只要找出 x 曲线的拐点，就可算出 k_1/k_2 ，若在这以前已算出 k_2 ，则 k_1 就可容易地算出。值得指出的是，用本文提到的方法计算 k_1 、 k_2 并不需要知道菌体浓度的最大值(终值)，只要知道8—9h前的菌体浓度值(谷氨酸发酵中菌体的增殖约在18h左右完成)，就能成功地计算出 k_1 、 k_2 ，从而确定方程(2)。

为了求得式(3)中的两个系数 k_3 和

k_4 ，只要注意到，在发酵初期 $P \approx 0$ ，因此近似地有：

$$- \frac{ds}{dt} = k_3 \frac{dx}{dt}$$

两边积分后，有 $-(s-s_0) = k_3(x-x_0)$

$$\therefore k_3 = - \left(\frac{s-s_0}{x-x_0} \right) \quad (9)$$

式(9)中的 $s-s_0$ 和 $x-x_0$ 可以很容易地从报表中找到。但是，由于 $k_3 \frac{dx}{dt}$ 包括了菌体呼吸及形成副产物I所消耗的基质，所以利用十分早期的数据来计算往往不能得到正确的 k_3 ，一般取8—10h的数据计算为宜。

一旦算出 k_3 ，从式(3)可推出：

$$\begin{aligned} -(s-s_0) - k_3(x-x_0) &= k_4 p \\ \therefore k_4 &= \frac{-(s-s_0) - k_3(x-x_0)}{p} \quad (10) \end{aligned}$$

方程(5)中的系数 k_5 和 k_6 可以这样来计算^[8]，即把方程(5)改写成：

$$\frac{1}{x} \frac{dP}{dt} = v = \frac{k_5 s}{k_6 + s}$$

其中， v 为产物生长比速。等号两边取倒数，有

$$\frac{1}{v} = \frac{k_6 + S}{k_5 S} = \frac{k_6}{k_5} \frac{1}{S} + \frac{1}{k_5} \quad (11)$$

若把 $\frac{1}{S}$ 看成自变量， $\frac{1}{v}$ 看成函数，

则方程(11)也是一个直线方程。任选二个时刻 t_1 和 t_2 时的 $x, s, \frac{dP}{dt}$ 代入方程(11)，就可算出 k_5 和 k_6 。

应用上述方法计算参数的例子如下，已知下列数据：

t(h)	4	9	10	12	24
x	2.1537	5.4978	6.5726	7.4087	7.6475
\dot{x}	0.8360	1.0794			
S			109	91.5	32.2
P				3.450	1.859
S ₀	130		130		130
x ₀	0.84		0.84		0.84

从方程(7), (9), (10), (11)可算得:

$$\begin{aligned} k_1 &= 0.4958 & k_2 &= -0.0576 \\ k_3 &= 3.6632 & k_4 &= 1.7717 \\ k_5 &= 0.9263 & k_6 &= 90.496 \quad \text{取 } \tau_1 = \tau_2 \\ &= 2 \end{aligned}$$

用这组参数仿真的结果示于图1。从图上可看出, S, X, P, 三根曲线虽然都符合得不理想, 但可通过仿真不断调整参数, 最终使模型仿真的数据符合工厂数据。

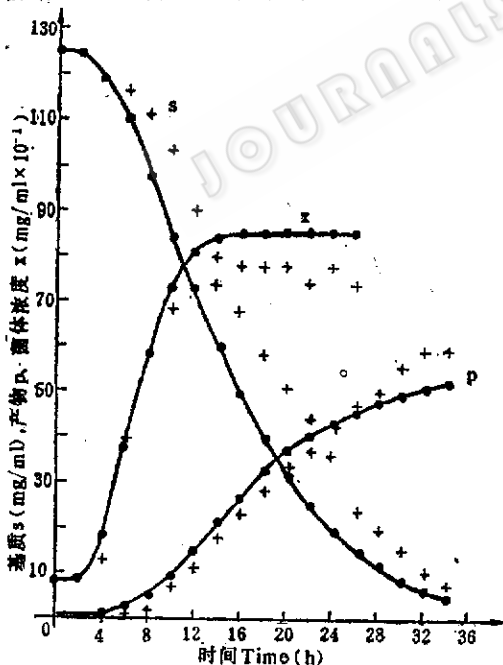


图1 机理参数的仿真数据

Fig.1 The result of simulation with theoretical mechanism model

+ 工厂数据 Plant data;
• 仿真数据 Simulation data

用理论方法精确地计算参数是困难的, 因为谷氨酸发酵等生化过程是很复杂的。实时性也差, 所以只能用它计算分析模型的参数, 对于象预测模型这样的在线模型, 就要辨识方法来估计参数。

(二) 用辨识方法估计参数

在系统辨识中, 最近十几年来已发展了很多参数估计方法, 其中以最小二乘法最为成熟。该法需要的先验知识少, 统计特性好, 在噪声为零均值独立同分布的条件下, 用最小二乘法估计出的参数为线性最小方差无偏估计, 而且是一致性估计量。它又十分容易掌握, 因此是一种工程上实用的方法^[9]。

设模型方程的形式为

$$Y = \hat{x}\hat{\theta} + \varepsilon \quad (12)$$

其中, $Y, \varepsilon \in R^{N \times 1}$ 是 N 维向量, $\hat{x} \in R^{N \times n}$ 是 $N \times n$ 矩阵, $\hat{\theta} \in R^{n \times 1}$ 是 n 维向量。从一般的最小二乘估计可推出:

$$\hat{x}^T \hat{x} \hat{\theta} = \hat{x}^T Y \quad (13)$$

$$\text{若 } \hat{x}^T \hat{x} \text{ 可逆, 则 } \hat{\theta} = (\hat{x}^T \hat{x})^{-1} \hat{x}^T Y \quad (14)$$

其中 \hat{x}^T 是 \hat{x} 的转置, $(\hat{x}^T \hat{x})^{-1}$ 是 $(\hat{x}^T \hat{x})$ 的逆矩阵。当 $\det(\hat{x}^T \hat{x}) \approx 0$ 时, 算方程(13)为病态的。由于发酵过程是一个慢过程, 且在方程(1)~(5)中有些变量可能是相关的, 因此可能导致 $\det(\hat{x}^T \hat{x}) \approx 0$ 。这时, 若仍用式(14)去求解, 将产生很大的误差。

我们用平方根法^[10]来处理方程(12)。即寻找一个变换矩阵 ψ , 它应满足对称、正交、可逆三条条件。用它对式(12)进行变换:

$$\psi Y = \psi \hat{x} \hat{\theta} + \psi \varepsilon$$

使 $\psi \tilde{x} = \begin{bmatrix} R \\ O \end{bmatrix}$, $\psi Y = \begin{bmatrix} \eta_1 \\ \eta_2 \end{bmatrix}$ 其中 R 为 n 维上三角阵, 它的逆阵必存在。经过 ψ 变换后, 方程 (12) 变为:

$$\begin{bmatrix} \eta_1 \\ \eta_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} R \\ O \end{bmatrix} \hat{\theta} + \psi \varepsilon \quad (15)$$

要使判据 $J' = (\psi \varepsilon)^T (\psi \varepsilon) \rightarrow J'_{\min}$, 只需 $R \hat{\theta} = \eta_1$, 即

$$\hat{\theta} = R^{-1} \eta_1 \quad (16)$$

这就是用平方根法解病态方程的计算公式。

对于某一模型方程, 例如:

$$y = a_1 x_1 + a_2 x_2 + \dots + a_n x_n \quad (17)$$

其中, y 是输出状态变量, x_1, x_2, \dots, x_n 是输入状态变量, a_1, a_2, \dots, a_n 是待估计的参数。

若设 t_i 时刻上述变量的测量值分别为:

$y_i, x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{in}$, 则

$$Y = \begin{pmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \vdots \\ y_N \end{pmatrix}, \quad \tilde{X} = \begin{pmatrix} x_{11} & x_{12} & \dots & x_{1n} \\ x_{21} & x_{22} & \dots & x_{2n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ x_{N1} & x_{N2} & \dots & x_{Nn} \end{pmatrix}$$

$$\hat{\theta} = \begin{pmatrix} a_1 \\ a_2 \\ \vdots \\ a_n \end{pmatrix}$$

其中, N 是测量的批数, n 是待估计的参数个数。在公式中, 要求 $N \geq n$, 这是容易满足的。本文作者用 FORTRAN 语言编制了平方根法解病态方程的计算机程序, 并在 PDP11/03 机上实现。因此, 只要将上述状态变量的测量值送入计算机, 在几秒钟之内, 就可估计出所有的参数值 a_1, a_2, \dots, a_n [5]。

在谷氨酸发酵过程的模型中, 除了式 (5) 外, 所有其他方程都有式 (17) 的形式。所以用平方根法估计模型中的参数是十分有效和方便的。

为了在线估计预测模型中的参数, 我们采用了递推平方根法 [10]。将式 (15)

改写成:

$$\begin{bmatrix} (\eta_1)_N \\ (\eta_2)_N \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} R_N \\ 0 \end{bmatrix} \hat{\theta} + \psi_N \varepsilon \quad (15)'$$

其中, N 表示经过 N 次递推变换, ψ_N 表示第 N 次的递推变换函数。显然, R_N 仍是 n 维上三角阵, $(\eta_1)_N$ 为 n 维向量。设新的采样值为 $y_{(N+1)}$ 和 $x_{(N+1)}^T = [x_{1(N+1)}, x_{2(N+1)}, \dots, x_{n(N+1)}]$, 分别用 ψ_{N+1} 对

$\begin{bmatrix} R_N \\ x_{(N+1)}^T \end{bmatrix}$ 和 $\begin{bmatrix} (\eta_1)_N \\ y_{(N+1)} \end{bmatrix}$ 进行第 $N+1$ 次变换, 即

$$\psi_{N+1} \begin{bmatrix} R_N \\ x_{(N+1)}^T \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} R_{N+1} \\ 0 \end{bmatrix} \quad (18)$$

$$\psi_{N+1} \begin{bmatrix} (\eta_1)_N \\ y_{(N+1)} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} (\eta_1)_{N+1} \\ (\eta_2)_{N+1} \end{bmatrix} \quad (19)$$

$$\text{则当 } R_{N+1} \hat{\theta}_{N+1} = (\eta_1)_{N+1} \quad (20)$$

时, 残差平方和最小。因此

$$\hat{\theta}_{N+1} = R_{N+1}^{-1} (\eta_1)_{N+1} \quad (21)$$

这就是计算参数的递推公式。在式 (18)

(19) 中的 ψ_{N+1} 为

$$\psi_{N+1} = \psi_{(n)} \cdot \psi_{(n-1)} \cdot \dots \cdot \psi_{(2)} \cdot \psi_{(1)} \quad (22)$$

而

$$\psi_{(i)} = \begin{pmatrix} I_{i-1} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & c_i & 0 & d_i \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & I_{n-i} & 0 \\ 0 & d_i & 0 & -c_i \end{pmatrix} \begin{matrix} (n+1) \\ \times \\ (n+1) \end{matrix} \quad (23)$$

其中: $c_i = (R_N^{i-1})_{ii} / \lambda_i$

$$d_i = x_{(N+1), i}^{-1} / \lambda_i$$

$$\lambda_i = [(R_N^{i-1})_{ii} + x_{(N+1), i}^{-1}]^2$$

I_{n-i} 为 $(n-i)$ 维的单位阵

0 分别代表零元素或零向量

$$(24)$$

在式 (24) 中, $(R_N^{i-1})_{ii}$ 代表 R_N 经过 $i-1$ 次列变换后的第 i 行 i 列元素, 即

$$\psi_{(i-1)} \cdot \psi_{(i-2)} \cdot \dots \cdot \psi_{(2)} \cdot \psi_{(1)} \begin{bmatrix} R_N \\ x_{(N+1)}^T \end{bmatrix}$$

$$= \begin{bmatrix} R_N^{i-1} \\ \dots \\ X_{(N+1)}^{i-1} \end{bmatrix} \quad (25)$$

因此，只要保存 R_N 和 $(\eta_1)_N$ ，就可进行 $N+1$ 次递推计算。在我们的模型中，由于每个方程中的参数只有 2 个，所以需要保存的数据量是极小的。

对于方程 (5)，我们采用单纯形法^[11]搜索参数。也可用 Gauss-Newton method 或 Marquart method 等非线性寻优法估计参数^[12]。用单纯形法搜索参数时，不论选取什么初始点，都能在十几秒钟内得到基本相同的搜索值。

我们用递推平方根法求出了从 6 到 18h 菌体浓度 x 方程的参数 k_1 和 k_2 ；以及从 6 到 34h 基质浓度 S 方程的参数 k_3, k_4 ；用单纯形法求出 18h 时和 34h 时的 k_5, k_6 数据，它们如下表所示：

t (h)	k_1	k_2	k_3	k_4	k_5	k_6
6	-0.0023	0.1390	+2.334	+1.752		
8	0.4048	-0.0031				
10	0.5379	-0.0660	+2.2631	+1.2734		
12	0.5685	-0.0726				
14	0.5871	-0.0764	+2.0426	+1.7510		
16	0.5664	-0.0725				
18	0.5686	-0.0729	+1.9214	+1.8525	0.4371	23.18
22			+1.9787	+1.8196		
26			+1.9567	+1.8235		
30			+2.0708	+1.7880		
34			+2.2035	+1.7470	0.3703	8.4673

图 2 示出了在递推辨识过程中，菌体浓度 x 的仿真数据变化情况，从图可以看出：在 6h 以前，各组参数仿真出来的数据基本相同，但用 6 和 8h 的参数仿真得到的 x 值和工厂数据相差甚远。用 10h 以后的参数仿真，仿真数据在工厂数据附近变化。

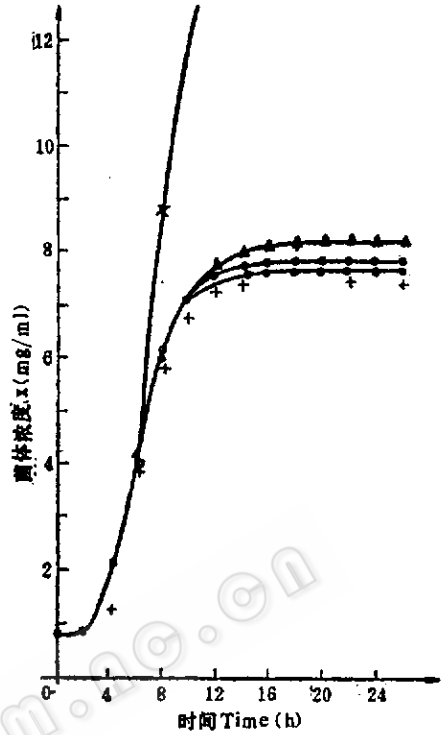


图 2 菌体浓度 x 仿真数据的变化
Fig.2 Simulation result of cell concentration x
· 18h; · 14h; Δ 10h; \times 8,6h

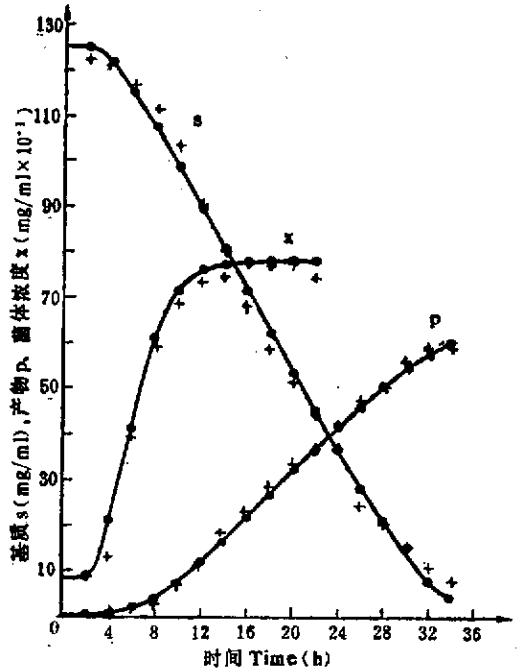


图 3 分析模型的仿真数据
Fig.3 Simulation with analytical model
+ 工厂数据 Plant data; · 仿真数据 Simulation data

图3和图4分别是用34h辨识参数(k_1, k_2 用18h数据)和用18h辨识参数仿真得到的曲线。前者为分析模型,后者为预测模型。从图中可看出,它们和工厂数据均符合得较好。

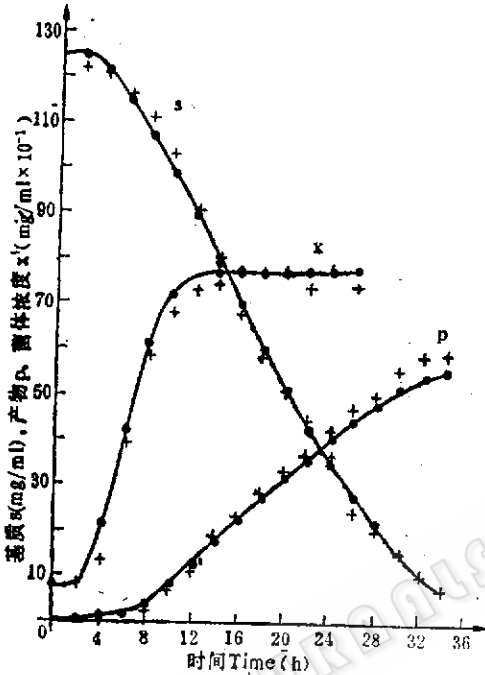


图4 预测模型的仿真数据

Fig.4 Simulation with predictive model

+ 工厂数据 Plant data, • 仿真数据 Simulation data
18h 预测 Predicting at 18h

讨 论

1. 利用工厂日常报表数据直接构筑数学模型对生产过程没有干扰和影响,也不需要特殊的仪器设备,就能得到相当精确的模型,是工业过程建模的一条良好途径。

2. 在生化过程的建模中,理论分析和实验方法都是重要的。理论分析主要用于确定模型的结构,而作为实验方法之一的系统辨识则主要用于参数估计。从“实时”和“在线”的要求考虑,递推型的辨

识方法更有实用价值。

3. 由于在发酵过程中起主要作用的细菌在18h前已生长完成,可以利用18h以前的数据就可成功地预测整个发酵过程的状态,预测模型的仿真结果也说明了这一点。

4. 用辨识方法求得的参数能使模型仿真数据和工厂数据较好的符合,但在我们的模型中仍然存在一些问题:

(1) 在菌体浓度饱和后,工厂数据总要下降一个数值,这是因为工厂中一般以测量菌液吸光度来代替菌体浓度 x ,我们就是利用公式 $x = x_0 + 11.943(OD - OD_0)$, $x_0 = 0.84$ 计算出 x 作为工厂数据的。在菌体浓度达到饱和后,由于菌体自溶的影响导致吸光度下降,因而计算出的 x 也随之下降。但菌体称重证明,这时发酵液中实际的菌体浓度并未下降,因此模型仿真数据和工厂数据在后期的差异是虚假的;

(2) 在工厂报表上常可看到,在发酵过程临近结束时(32h左右),产物 P 的浓度常会突然增加。这是因为人为升温使菌体死亡,菌体内的谷氨酸释放,酶促使副产物 II 转化为谷氨酸的缘故。在我们的简单模型中没有考虑这个因素,因此在这个时刻,模型仿真数据常和工厂数据有较大的误差。

参 考 文 献

- [1] Braun, M.: 微分方程及其应用, 人民教育出版社, 北京, p35-44, 1982.
- [2] Mann, J.: A mathematical model of glutamic acid fermentation Part I and Part II, 上海工业自动化仪表所内部资料, 1983.
- [3] Yamashita, S. et al.: Automatic Control and Optimization of Fermentation process, Glutamic acid Fermentation, Academic press, New York and London, p441-463, 1969.
- [4] 吴佩琼: 微生物学报, 20(1):75-80, 1980.
- [5] 高以成, 崔雪松: 自动化仪表, 1985年第3期.
- [6] J. Mann & The modelling group of SIPAI: «Modelling of the fermentation process

- for production of ammonium glutamic acid», to be presented, IFAC conference «Local Development», Beijing, 20—22, August, 1985.
- [7] Gau Yicheng, et al.: The Glutamic acid Fermentation process — A predictive Model, papers for «International Conference on Industrial Process Modelling and Control», Hangzhou, June, 6—9, 1985.
- [8] 冯容保: 食品与发酵工业, 3, 1981.
- [9] Åström, K. J.: Lectures on the identification problem, The Least Squares Method, Selected papers on control theory, Vol.1, pp.146—197, 1979.
- [10] Strejc, V.: Automatica, 16:535—550, 1980.
- [11] 范鸣玉, 张莹: 最优化技术基础, 清华大学出版社, 北京, p156—171, 1982.
- [12] 卢桂章等: 现代控制理论基础(上册), 化学工业出版社, 北京, p381—406, 1981.

MODELLING AND PARAMETER ESTIMATION FOR GLUTAMIC ACID FERMENTATION PROCESS

Gao Yicheng Cui Xuesong Lan Shi Wu Jia

(Shanghai Institute for Process Automation Instrumentation)

The modelling and parameter estimation is considered for the glutamic acid fermentation process using the information gained directly from the factory log sheet records.

The morphology of the model comes from theoretical analysis and can be used in the analytical and predictive models. The system identification in the estimation of parameters is described. Since it is possible that the model equation becomes stiff, the square root method is applied. Furthermore, the recurrence square root method is developed which is suitable for real-time and on-line identification. The simulation shows that the model fits the plant data very well. The predictive model has been utilized successfully to predict the fermentation states for the final 16 hours or more using the earlier data of up to 18 hours.

Key words

Glutamic acid fermentation process; system identification; estimation of parameters