

引力搜索算法在青霉素发酵模型参数估计中的应用

王蕾*, 陈进东, 潘丰

(江南大学 轻工过程先进控制教育部重点实验室, 江苏 无锡 214122)

(*通信作者电子邮箱 wxtswl789@sina.com)

摘要:针对生物发酵过程难以精确估计模型参数的问题,提出一种利用引力搜索算法(GSA)对青霉素发酵非构造式动力学模型参数进行估计的方法。在分析发酵过程反应机理的基础上,选取合适的青霉素发酵非构造式动力学模型的状态方程式;然后利用GSA良好的全局搜索能力,对状态方程式的参数进行估计,从而得到精确的发酵模型。仿真结果表明:GSA实现了对青霉素发酵过程模型参数的准确估计,所得到的模型精度能够满足青霉素发酵过程的状态估计和控制需求。因此,GSA可有效地应用于模型参数估计。

关键词:参数估计;引力搜索算法;青霉素发酵;非构造式动力学模型;全局最优

中图分类号: TP391.9 **文献标志码:** A

Applications of gravitational search algorithm in parameters estimation of penicillin fermentation process model

WANG Lei*, CHEN Jindong, PAN Feng

(Key Laboratory of Advanced Process Control for Light Industry (Ministry of Education), Jiangnan University, Wuxi Jiangsu 214122, China)

Abstract: Concerning the identification of the accurate model parameters of biological fermentation process, a parameters estimation method for non-structural dynamical model of penicillin fermentation using the Gravitational Search Algorithm (GSA) was proposed. Based on the rule of fermentation mechanism, the appropriate state equations of non-structural dynamical model were chosen; and through virtue of the global searching ability of GSA, the parameters of state equation were estimated and the accurate fermentation model was obtained. The simulation results show that GSA accurately estimated model parameters in penicillin fermentation process, the accuracy of the obtained model can meet the requirements of state estimation and condition control in penicillin fermentation process. Therefore, GSA can be applied to model parameters estimation effectively.

Key words: parameter estimation; Gravitational Search Algorithm (GSA); penicillin fermentation; non-structural dynamical model; global optimization

0 引言

青霉素发酵是一种十分复杂的生化反应过程,难以建立准确的数学模型。而对于过程的控制和优化来说,建立准确的发酵过程数学模型十分必要。目前针对青霉素发酵过程的建模研究很多,最常见、使用最广泛的数学模型是非构造式动力学模型,该模型采用常微分方程形式,能够反映整个发酵过程的动态特征,适用于整个发酵过程的动态优化^[1]。

非构造式动力学模型与真实情况尽可能吻合的关键就是确定模型结构和模型参数。首先,发酵模型的结构涉及到发酵的具体过程和机理,一般需要依靠人们的先验知识和经验加以确定,目前这方面的研究已经相对成熟^[1]。其次,模型参数的辨识,其主要的方法可以分为两类:非智能算法和智能算法。非智能算法包括最小二乘法(Least Square Method, LSM)^[2]和非线性规划法(Nonlinear Programming Method, NPM)^[1]等,此类算法在求解非线性程度高且多目标的问题时,往往存在易陷入局部极值或求解困难的缺点,并且受初始条件的影响。智能算法中具有代表性的是粒子群优化

(Particle Swarm Optimization, PSO)算法^[3-4]和遗传算法(Genetic Algorithm, GA)^[1,5],此类算法对初始条件要求不高,不受参数数目影响;但是也存在易陷入局部最优解(如PSO),编码过程复杂而繁琐、效率并不高(如GA)等缺点。

由Rashedi等^[6]受万有引力定律启发而提出的引力搜索算法(Gravitational Search Algorithm, GSA)是一种有效的智能优化算法。该算法以群体间个体相互作用、相互影响的思想为核心,搜索中无需交叉、变异操作,具有参数设置少、结构简单和全局优化能力强等特点。目前,在解决原型分类问题^[7]、多目标最优能流问题^[8]等方面都有不俗的表现,但在参数估计方面仍有待进一步研究。

在分析青霉素发酵过程机理特点的基础上,选取关于菌体浓度、产物浓度和底物浓度的动力学方程式;在合理设定参数范围和适应值函数的基础上,利用GSA对青霉素发酵模型参数进行寻优估计;在参数寻优中,对于超出搜索空间的粒子重新进行初始化。最后,分别利用非智能算法NPM、智能算法PSO和GSA对青霉素动力学模型进行参数估计,经过对辨识结果比较,进一步验证GSA对发酵模型参数估计的可行性

收稿日期:2013-05-27;修回日期:2013-07-24。

基金项目:国家自然科学基金资助项目(61273131);江苏高校优势学科建设工程资助项目(PAPD)。

作者简介:王蕾(1989-),女,江苏无锡人,硕士研究生,主要研究方向:工业过程建模与优化控制;陈进东(1983-),男,重庆人,博士,主要研究方向:工业过程建模与优化控制;潘丰(1963-),男,江苏苏州人,教授,博士生导师,主要研究方向:工业过程建模与优化控制。

和优越性。

1 青霉素发酵的非构造式动力学模型

青霉素发酵是利用生产菌(一般是产黄青霉菌)在代谢活动中的次级代谢产物获得产品的一种生物化学反应,属于好氧型发酵。整个发酵过程主要分为两个阶段:菌体生长期和青霉素生成期^[9]。

目前,发酵过程中的物理变量和化学变量可进行在线测量,但生物变量的在线测量仍待突破。一般借助数学模型加深对生物过程的认识,对一些生物变量进行软测量。通过对生物过程的物质平衡计算,建立描述生物过程的基本数学模型^[1,9]:

$$\frac{dX}{dt} = \mu(S, P_1, P_2, \dots, P_n)X - \frac{F_L}{V}X \quad (1)$$

$$\frac{dP_i}{dt} = \rho_i(S, P_1, P_2, \dots, P_n)X - \frac{F_L}{V}P_i; i = 1, 2, \dots, n \quad (2)$$

$$\frac{dS}{dt} = -v(S, P_1, P_2, \dots, P_n)X + \frac{F_L}{V}(S_F - S) \quad (3)$$

$$\frac{dV}{dt} = F_L - F_O \quad (4)$$

其中: X 、 P_i 、 S 、 V 是过程的状态变量,分别表示菌体浓度、第 i 个代谢产物浓度、底物浓度(g/L)和发酵液体积(L); μ 、 ρ_i 、 v 分别表示菌体的比增值速率、第 i 个代谢产物的比生产速率和底物的比消耗的速率; F_L 和 F_O 分别表示底物的流加速率和从发酵罐中抽取发酵液的速率(L/h); S_F 表示流加底物浓度(g/L)。

在物质平衡的基础上,通过进一步分析青霉素发酵过程的机理特征,建立更为合理的动力学模型。对于菌体来说,发酵过程中菌体细胞能达到很高的浓度,故可采用适用于高密度下细胞生长的 Contois 方程来描述产黄青霉菌的生长^[1,10],同时,影响菌体浓度的主要有菌体生成和流加底物对发酵液的稀释作用,根据式(1)形式,可将菌体模型表示如下:

$$\frac{dX}{dt} = \frac{\mu_x S}{K_x X + S} X - \frac{X}{V} \frac{dV}{dt} \quad (5)$$

对于产物来说,影响产物浓度的因素有产物合成、产物分解和流加底物对发酵液的稀释作用三方面,根据式(2)形式,青霉素产物模型可以表示为:

$$\frac{dP}{dt} = \frac{\mu_p S}{K_p + S + S^2/K_i} - KP - \frac{P}{V} \frac{dV}{dt} \quad (6)$$

底物主要用于菌体的生长、产物的合成以及维持能量代谢,同时底物的流加会增加底物浓度以及增加发酵液体积,考虑以上五方面作用并结合式(3),可将底物模型表示为:

$$\frac{dS}{dt} = -\left(\frac{\mu_x S}{(K_x X + S)Y_{x/s}} + \frac{\mu_p S}{(K_p + S + S^2/K_i)Y_{p/s}} + m_s\right) + \frac{F_L S_F}{V} - \frac{S}{V} \frac{dV}{dt} \quad (7)$$

体积变化主要是由于底物的流加、酸碱添加和液体挥发,根据式(4),发酵液体积变化为:

$$\frac{dV}{dt} = F_s + F_{a/b} - F_{loss} \quad (8)$$

其中:在青霉素发酵中,体积 V 初始值为 100 L; $F_{a/b}$ 为流加酸/

碱速率,旨在调节发酵环境的 pH 值,一般设置为 0.01 mL/h 到 100 mL/h; F_s 为底物流加速率,通常取 0.042 L/h; S_F 为流加底物浓度,通常取 600 g/L; F_{loss} 为蒸发系数,通过计算取 0.062 L/h。

参数 μ_x 、 K_x 、 μ_p 、 K_p 、 K_i 、 K 、 $Y_{x/s}$ 、 $Y_{p/s}$ 和 m_s 为青霉素发酵模型的待估参数。由于需辨识参数数目较多,模型非线性强,采用传统优化方法难以估计精准。为此,尝试利用引力搜索算法对以上参数进行寻优估计,提高模型的精度。

2 引力搜索算法

GSA 是 Rashedi 等^[6]受牛顿万有引力定律的启发而提出的智能算法。GSA 随机初始化一个关于目标函数的解群体,群体中的每个个体称为一个粒子,可将每个粒子所占的位置视作目标函数中的一个可行解。运动过程中个体会慢慢聚拢到最大质量的个体周围,从而找到质量最大个体所占的最优位置,即群体最优解^[11-12]。

2.1 标准引力搜索算法

假定一个由 N 个粒子组成的群体在 D 维搜索空间中飞行。定义粒子 i 在 t 时刻的状态位置:

$$X_i = (x_i^1, x_i^2, \dots, x_i^d, \dots, x_i^D); i = 1, 2, \dots, d, \dots, N \quad (9)$$

根据牛顿万有引力定律,在第 d 维空间上第 j 个粒子对第 i 个粒子的作用力可表示为:

$$F_{ij}^d(t) = G(t) \frac{M_i(t) \times M_j(t)}{R_{ij}^d(t) + \varepsilon} (x_i^d(t) - x_j^d(t)) \quad (10)$$

其中: $G(t)$ 是引力系数; $M_i(t)$ 和 $M_j(t)$ 分别表示粒子 i 与粒子 j 的惯性质量; $x_i^d(t)$ 和 $x_j^d(t)$ 分别指在 t 时刻粒子 i 和粒子 j 在第 d 维空间上的位置; $R_{ij}^d(t)$ 是 t 时刻粒子 i 与粒子 j 之间的欧氏距离, $R_{ij}^d(t) = \|X_i(t), X_j(t)\|_2$; ε 代表很小的常数。

$G(t)$ 是关于初始值 G_0 和迭代次数 β 的函数:

$$G(t) = G(G_0, t) = G_0 * \exp(-\alpha * \beta / T) \quad (11)$$

引力系数 G 决定了 GSA 的性能, G 值会随着时间逐步减小,从而控制搜索精度。其中: G_0 是初始值, G_0 取为 100; α 是个常数,设定为 20; β 是当前迭代次数; T 是最大迭代次数。

在粒子运动过程中,需要利用适应值不断对粒子惯性质量进行更新:

$$m_i(t) = \frac{fit_i(t) - worst(t)}{best(t) - worst(t)} \quad (12)$$

$$M_i(t) = m_i(t) / \sum_{j=1}^N m_j(t) \quad (13)$$

其中: $m_i(t)$ 为中间变量, $fit_i(t)$ 是粒子 i 在 t 时刻的适应函数值,而 $best(t)$ 和 $worst(t)$ 分别表示在 t 时刻整个粒子群的最优和最差适应函数值。在求解目标函数最小值时, $best(t)$ 和 $worst(t)$ 定义如下:

$$best(t) = \min_{j \in \{1, 2, \dots, N\}} fit_j(t)$$

$$worst(t) = \max_{j \in \{1, 2, \dots, N\}} fit_j(t)$$

根据式(2)所求得的作用力 $F_{ij}^d(t)$,第 i 个粒子在 d 维空间上所受的合力定义为:

$$F_i^d(t) = \sum_{j \in kbest, j \neq i} rand_j \cdot F_{ij}^d(t) \quad (14)$$

其中: $rand_j$ 是介于[0,1]的随机数,用于增加算法的随机特

性; $kbest$ 是一个随着时间增加而减少的线性函数。依据粒子所受作用力公式,若粒子 i 惯性质量为 $M_i(t)$,那么粒子 i 的加速度为:

$$a_i^d(t) = F_i^d(t)/M_i(t) \quad (15)$$

粒子 i 在下一时刻的速度和位置的进化公式定义为:

$$v_i^d(t+1) = rand_i v_i^d(t) + a_i^d(t) \quad (16)$$

$$x_i^d(t+1) = x_i^d(t) + v_i^d(t+1) \quad (17)$$

其中 $rand_i$ 是介于 $[0,1]$ 随机产生的数。

待估参数数目众多决定了搜索空间是高维的,而在解决高维空间的优化问题时,问题复杂性会增加,想用经典的优化算法得到合适的解有困难。此时,使用全局搜索能力强、在搜索高维空间问题上表现良好的 GSA 来对青霉素发酵模型参数进行估计无疑是个好的解决途径。

2.2 算法实现流程

实现 GSA 主要包括:首先,明确搜索空间、初始化粒子位置和速度,计算各粒子适应值函数并进行更新,求出粒子惯性质量;其次,计算粒子在每一维空间上所受合力,结合惯性质量求得粒子加速度;最后,更新粒子速度和位置,不断迭代循环,直至达到迭代次数或满足搜索精度为止。利用 GSA 对青霉素发酵模型参数进行估计时,具体搜索流程如图 1 所示。

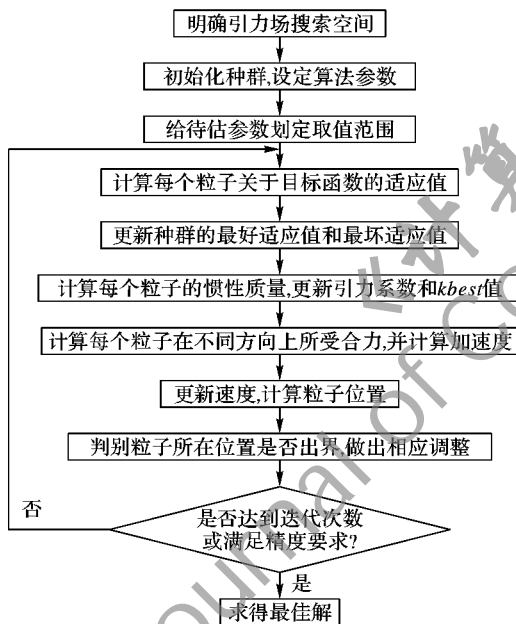


图 1 GSA 估计模型参数流程

3 参数估计

在青霉素发酵过程中,为使模型数据与实际测量数据有更高的拟合度,求解“最适”模型参数就显得尤为重要。本文利用 GSA 和现有的实验数据对非构造式动力学模型参数进行寻优估计。

算法的适应值函数采用估计值与实测值的二乘平方和的形式:

$$F_{fit} = \sum_{i=1}^N \left\{ \left(\frac{X_i - X'_i}{X_{max}} \right)^2 + \left(\frac{S_i - S'_i}{S_{max}} \right)^2 + \left(\frac{P_i - P'_i}{P_{max}} \right)^2 \right\} \quad (18)$$

其中: X_i 、 S_i 和 P_i 分别表示菌体浓度、底物浓度和青霉素浓度的所有 N 个实测数据中的第 i 个数据值; X'_i 、 S'_i 和 P'_i 分别表

示菌体浓度、底物浓度和青霉素浓度的状态方程式中的第 i 个估计值; X_{max} 、 S_{max} 和 P_{max} 分别表示菌体、底物和青霉素的最大浓度; N 表示发酵模型的样本个数。该适应值函数相比均方差作为适应值函数还考虑了浓度数据最大值,消除了由于不同浓度间不同数量级别所带来的影响,更为恰当地反映出计算值偏离真实值的程度,更客观地反映出估计所得参数的有效性。

在仿真模拟过程中,采用 Birol 等^[13] 研发的关于青霉素生产的分批补料发酵模块化模拟软件所产生的数据作为样本数据,设定发酵时间 $t = 200$ h,每小时取样一次,即样本数量 $N = 200$,初始条件为 $[X_0, S_0, P_0] = [0.10, 15.00, 0.00]$,单位为 g/L。根据发酵过程中的原始数据,可取 $[X_{max}, S_{max}, P_{max}] = [12.00, 15.00, 1.20]$ 。采用分批发酵方式,从 44 小时开始进行底物流加。

对青霉素发酵模型参数估计过程中,为验证 GSA 的有效性,同时选用 NPM 和 PSO 算法对发酵模型参数进行寻优估计。其中:非线性规划法中直接选用 Simplex 法对参数进行搜索寻优,参数初值设定为 $[0.01, 0.1, 0.001, 0.0001, 0.05, 0.001, 0.1, 0.5, 0.01]$ ^[4,13];粒子群优化算法中取 $c_1 = c_2 = 2.0$, $r_1 = r_2 = 2.0$ 。对于同为智能算法的 GSA 和 PSO,根据待估参数数目,取种群维数为 9,统一设定种群数目为 50,最大迭代次数设置为 200。同时为得到可靠有效的最优模型参数,有必要给定“最适”的初始条件,为待估参数划定取值范围,这样粒子就能在一定范围内搜索最优解,提高寻到参数最优估计值的概率。结合相关文献中青霉素发酵动力学方程的参数值,划定待估参数的初始范围^[4,13];在粒子搜索过程中,根据寻优结果,多次测试,不断缩小范围,最终确定参数 μ_x 、 K_x 、 μ_p 、 K_p 、 K_i 、 K 、 $Y_{x/s}$ 、 $Y_{p/s}$ 和 m_s 的取值范围为 $[0, 0.1]$ 、 $[0, 0.5]$ 、 $[0, 0.01]$ 、 $[0, 0.001]$ 、 $[0, 0.2]$ 、 $[0, 0.1]$ 、 $[0, 1.0]$ 、 $[0, 1.0]$ 和 $[0, 0.1]$ 。

值得注意的是,利用智能算法对参数寻优时,除了确定粒子搜索空间以外,还需在每次迭代后对粒子位置进行判别。如果粒子仍在搜索空间内则不做改变,一旦有粒子出界则要通过公式 $X(i, :) = rand(1, dim) * (up - low) + low$ 重新随机初始化该粒子的位置,避免搜索过程中模型参数出现负值,影响最终参数估计结果。其中: X 表示粒子位置, $rand(1, dim)$ 表示介于 $[0,1]$ 的随机数, dim 表示搜索空间维数, up 表示每个参数设定的最大值, low 表示每个参数设定的最小值。

利用 PSO、NPM 和 GSA 对青霉素发酵模型参数进行迭代寻优,三种方法搜索青霉素发酵模型参数的适应值函数变化曲线如图 2 所示。

从图 2 中可看出,GSA 和 PSO 算法的寻优性能明显好于 NPM。PSO 在迭代至 20 次左右就不再收敛,陷入了局部最优解;而 GSA 则在寻优过程中持续向下振荡收敛,迭代至将近 100 次才停止收敛,并最终获得的适应值也优于 PSO。因此,图 2 能够充分说明在发酵模型参数的寻优估计方面,GSA 能够较好地寻到全局最优解,其搜索能力强于 NPM 和 PSO。

参数估计过程中,每个算法分别独立运行 20 次,表 1 给出了 20 次实验后 3 种算法对青霉素发酵非构造式动力学模型参数的寻优结果的平均值、中值和标准方差。

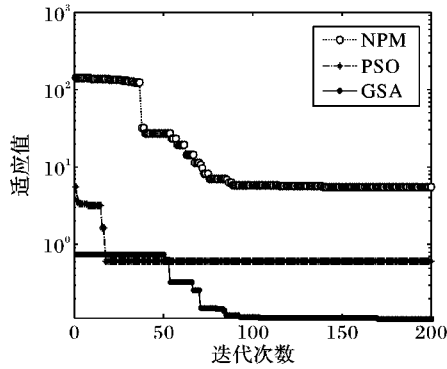


图2 适应值函数曲线比较

将以上 3 种算法对参数寻优的 20 次实验结果平均值代入式(5)~(7),计算菌体浓度、产物浓度和底物浓度的仿真数据,与原始数据比较结果如图 3~5 所示。

表 1 NPM、PSO 算法与 GSA 参数估计对照

参数	优化结果	NPM	PSO	GSA
μ_x	平均值	0.0913	0.0964	0.0997
	中间值	0.0914	0.0965	0.0992
	标准方差	0.0002	0.0007	0.0004
K_x	平均值	0.1362	0.1484	0.1512
	中间值	0.1365	0.1397	0.1507
	标准方差	0.0016	0.0285	0.0030
μ_p	平均值	0.0033	0.0048	0.0064
	中间值	0.0033	0.0059	0.0056
	标准方差	2.365E-5	0.0014	0.0009
K_p	平均值	0.000105	0.000196	0.000150
	中间值	0.000104	0.000226	0.000159
	标准方差	7.171E-5	4.078E-5	3.266E-5
K_i	平均值	0.0402	0.1441	0.1090
	中间值	0.0399	0.1528	0.1206
	标准方差	0.0012	0.0093	0.0151
K	平均值	0.0016	0.0445	0.0599
	中间值	0.0016	0.0575	0.0539
	标准方差	9.396E-5	0.0155	0.0103
$Y_{x/s}$	平均值	0.2860	0.4228	0.4441
	中间值	0.2855	0.4396	0.4272
	标准方差	0.0021	0.0229	0.0175
$Y_{p/s}$	平均值	0.4449	0.7418	0.8075
	中间值	0.4443	0.7460	0.7993
	标准方差	0.0020	0.0968	0.0764
m_s	平均值	0.0040	0.0137	0.0136
	中间值	0.0041	0.0146	0.0139
	标准方差	0.0002	0.0012	0.0013

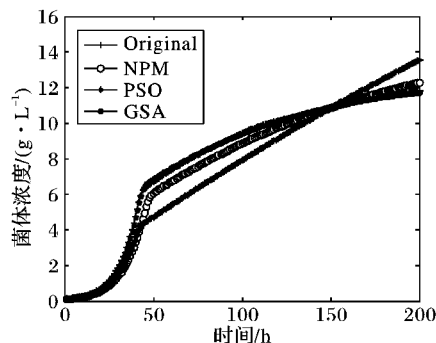


图3 菌体浓度比较示意图

从图 3~5 可看出,在对发酵模型多个参数同时寻优估计时,利用 GSA 和 PSO 寻得的参数明显优于非线性规划法寻得

的参数;当给定同样的待估参数范围,与 PSO 相比,GSA 寻得的参数所构建的数学模型能够更好地描述实际发酵过程。

为了更清晰地看出优化后的仿真数据与原始数据间的误差大小,计算均方误差: $MSE = \frac{1}{N} * \sum_{i=1}^N (Y_i - Y'_i)^2$,从图 6 可以直观地看出利用 GSA 估计的模型参数下的三项浓度计算值与真实值间的均方误差是最小的,这进一步说明了 GSA 在估计发酵模型参数、帮助建立精准发酵模型方面的优越性。

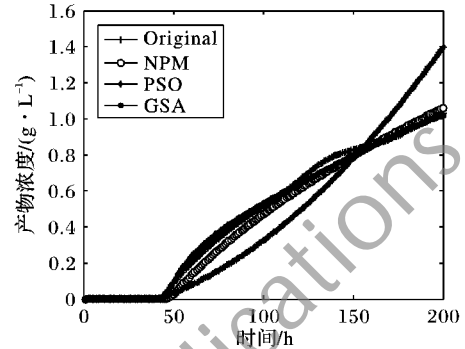


图4 产物浓度比较示意图

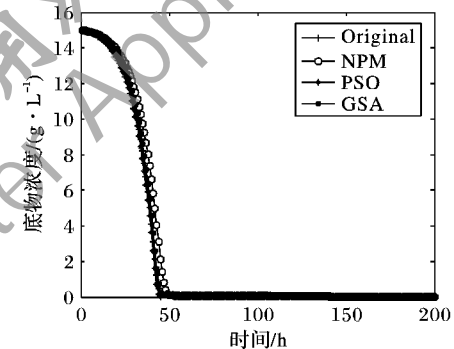


图5 底物浓度比较示意图

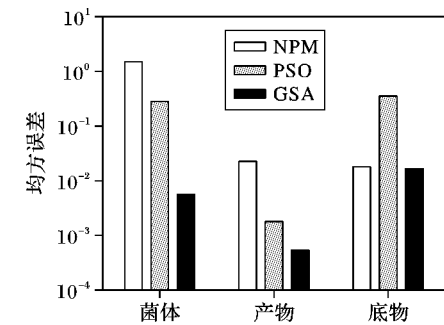


图6 均方误差比较示意图

同时,在参数估计过程中发现,利用非线性规划法参数估计时需要选定合适的初始值,而且随着待估参数数目的增加则搜索到参数最适值的可能性越小;而对于 PSO 和 GSA 等智能算法,只需要给定待估参数一个较为合适的取值范围,就能搜索到最适值。

4 结语

利用近年提出的一种新的智能优化算法——引力搜索算法对青霉素发酵的非构造式动力学模型参数进行寻优估计,利用 GSA 结构简单易实现、全局搜索能力强等优势,通过多次迭代能够快速寻得合适的模型参数,大大提高模型参数下的计算数据和真实数据的吻合度。在参数寻优估计过程要注

(下转第 3304 页)

能进一步改进特征提取算法,将会取得更好的分类效果。

表3 各种方法的分类精度上对比

分类方法	分类精度/%
GLCM + ID3 和 KNN 的组合分类器 ^[9]	47.6000
PCA + 基于关联规则的分类器 ^[10]	69.2700
BP 神经网络分类器 ^[10]	51.5100
LVQ 神经网络分类器 ^[10]	63.6300
本文方法	76.6929

影响分类精度的因素比较多,如特征提取是实验的一个非常重要的阶段,选取好的特征也是高分类精度的一个前提,特征优化也可以作为提高分类精度的一个有效步骤。特征提取在近些年研究的也比较多,如 Xu 等^[13]提到使用核方法进行癌症分类特征提取、轮廓特征提取和基于兴趣点特征提取等。

经过实验测试,在多类别中 HSMC-SVDD 对每一类样本构造一个超球体,与其他多分类器相比在计算代价上降低了很多,使训练速度有了明显的提高。

4 结语

本文把 HSOC-SVDD 分类器直接扩展到 HSMC-SVDD 分类器,在多类别中 HSMC-SVDD 对每一类样本构造一个超球体;而且在 HSMC-SVDD 中还引入了核主成分分析法,将数据集中不确定的、冗余的信息剔除,然后将处理后的数据集作为分类器的输入,因此在算法计算代价上明显降低。如果能进一步改进特征提取算法,将会取得更好的分类效果。但是理论分析和仿真实验表明,HSMC-SVDD 算法简单,在许多领域的多分类问题中,HSMC-SVDD 也可以作为一个新的思路加以应用。

参考文献:

- [1] NISHIKAWA R M. Current status and future directions of computer-aided diagnosis in mammography [J]. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 2007, 31(4/5): 224 - 235.
- [2] 张超,蒋宏传.舒怡乳腺诊断仪在乳腺癌诊断中的应用[J].中华

肿瘤防治杂志,2010,17(19):1600 - 1604.

- [3] WANG L P. Support vector machine: theory and application [M]. Berlin: Springer-Verlag, 2005: 1 - 66.
- [4] TAX D M J, DUIN R P W. Support vector data description [J]. *Machine Learning*, 2004, 54(1): 45 - 66.
- [5] 徐图,罗瑜,何大可.超球体单类支持向量机的 SMO 训练算法[J]. *计算机科学*, 2008, 35(6): 178 - 180.
- [6] LE T, TRAN D, MA W, *et al.* A theoretical framework for multi-sphere support vector data description [C]// *Proceedings of the 17th International Conference on Neural Information Processing: Models and Applications*. Berlin: Springer, 2010: 132 - 142.
- [7] LAUER F, GUERMEUR Y. MSVMpack: a multi-class support vector machine package [J]. *Journal of Machine Learning Research* 2011, 12: 2293 - 2296.
- [8] WEI L Y, YANG Y Y, NISHIKAWA R M, *et al.* A study on several machine-learning methods for classification of malignant and benign clustered microcalcifications [J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2005, 24(3): 371 - 380.
- [9] OLIVER A, FREIXENET J, ZWIGGELAAR R. Automatic classification of breast density [C]// *Proceedings of the 2005 IEEE International Conference on Image Processing*. Washington, DC: IEEE Computer Society, 2005: 1258 - 1261.
- [10] SWINIARSKI R, LIM H K. Independent component analysis, principal component analysis and rough sets in hybrid mammogram classification [C]// *Proceedings of the 2006 International Conference on Image Processing*. Washington, DC: IEEE Computer Society, 2006: 1121 - 1126.
- [11] The mammography image analysis society [EB/OL]. [2013-03-09]. http://www.wiau.man.ac.uk/services/MIAS/MIAS_web.html.
- [12] SCHÖLKOPF B, SMOLA A, MÜLLER K-R. Kernel principal component analysis [M]// *Advances in Kernel Methods*. Cambridge: MIT Press, 1999: 327 - 352.
- [13] XU Y, ZHANG D, YANG J, *et al.* Evaluate dissimilarity of samples in feature space for improving KPCA [J]. *International Journal of Information Technology and Decision Making*, 2011, 10(3): 479 - 495.

(上接第 3299 页)

意在每次迭代后对粒子位置进行判别,避免给模型参数带来大的偏差,同时,需要给定待估参数一个恰当的取值范围,否则难以快速收敛至最优解。通过改进引力搜索算法使得在任意大范围内能够快速搜索到发酵模型最优参数是今后的工作重点。

参考文献:

- [1] 史仲平,潘丰.发酵过程解析、控制与检测技术[M].北京:化学工业出版社,2005:144 - 153.
- [2] 王景杨,范明哲.基于最小二乘参数辨识的非线性机理模型研究[J]. *沈阳理工大学学报*, 2008, 27(3): 48 - 51.
- [3] 薛尧予,王建林,于涛,等.基于改进 PSO 算法的发酵过程模型参数估计[J]. *仪器仪表学报*, 2010, 31(1): 178 - 182.
- [4] NIU B, LI L. A novel PSO-DE-based hybrid algorithm for global optimization [C]// *Proceedings of the 4th International Conference on Intelligent Computing: Advanced Intelligent Computing Theories and Applications with Aspects of Artificial Intelligence*. Berlin: Springer-Verlag, 2008: 156 - 163.
- [5] 王东阳,王健,陈宁.谷氨酸发酵动力学参数估计[J]. *生物技术通讯*, 2005, 16(4): 407 - 408.

- [6] RASHEDI E, NEZAMABADI-POUR H, SARYAZDI S. GSA: a gravitational search algorithm [J]. *Information Sciences*, 2009, 179(13): 2232 - 2248.
- [7] ABBAS B, NEZAMABADI-POUR H, BAHROLOLOUM H, *et al.* A prototype classifier based on gravitational search algorithm [J]. *Applied Soft Computing*, 2012, 12(2): 819 - 825.
- [8] BHATTACHARYA A, ROY P K. Solution of multi-objective optimal power flow using gravitational search algorithm [J]. *IET Generation Transmission & Distribution*, 2012, 6(8): 751 - 763.
- [9] 叶勤.发酵过程原理[M].北京:化学工业出版社,2005:4 - 7.
- [10] 耿俊.青霉素发酵过程的模型化研究[D].上海:上海交通大学,2009.
- [11] 徐遥,王士同.引力搜索算法的改进[J]. *计算机工程与应用*, 2011, 47(35): 188 - 192.
- [12] RASHEDI E, NEZAMABADI-POUR H, SARYAZDI S. BGSa: binary gravitational search algorithm [J]. *Natural Computing*, 2010, 9(3): 727 - 745.
- [13] BIROL G, ÜNDEY C, CINAR A. A modular simulation package for fed-batch fermentation: penicillin production [J]. *Computers and Chemical Engineering*, 2002, 26(11): 1553 - 1565.