

A Strategy of modeling for fermentation process by using genetic-fuzzy system

나정걸, 이태화, 장용근, 정봉현*

한국과학기술원 화학공학과, 생명공학연구소 생물분리공정 Research Unit*

전화 (042) 869-3967, 팩스 (042) 869-3910

Abstract

An algorithm for modeling of yeast fermentation process using genetic-fuzzy algorithm is presented in this work. The algorithm involves developing the fuzzy modeling of the process and model update capability against the system change. The membership functions of state variables and specific rates and the decision table were generated using genetic algorithm. This algorithm could replace the complex mathematical model to simple fuzzy model and cope with the change of process characteristics well.

Introduction

발효공정의 예측과 제어를 위해서는 정확하고 효율적인 모델의 수립이 요구되어진다. 기존의 모델링 기법은 주로 모델의 구조를 미리 세우고 실험 데이터들로부터 그 모델의 매개변수들을 계산하는 방식으로 이루어진다. 그러나 모델 구조를 세우기 위해 대상 공정에 대한 충분한 사전지식이 요구될 뿐만 아니라 대부분의 경우 회분실험을 통해 얻은 결과로부터 모델 매개변수들을 계산하기 때문에 유가식 배양이나 연속식 배양에 바로 적용하기 어려운 문제점들이 존재한다.

본 연구에서는 이러한 문제점들을 해결하기 위하여 퍼지 이론¹과 유전자 알고리즘²에 기반한 새로운 방식의 모델링 기법을 개발하고 이를 효모 배양 공정에 적용하고자 한다.

이론적 배경

효모 회분식 배양 모델링

포도당을 탄소원으로 한 효모 배양에서 에탄올을 제외한 product의 생산은 무시할 만하다고 가정할 때, 모델링의 목적은 배양결과로부터 균체농도, 포도당 농도, 에탄올 농도와 비성장속도, 포도당 소모 속도, 에탄올 생산 및 소비 속도 사이의 관계식을 얻는 것이다. 퍼지 이론에 따라 입력값인 각각의 농도 값과 출력값인 비성장속도 등을 퍼지 변수 (그림 1)로 나타내고 입출력 관계를 규칙 테이블로 만들었다. 본 연구에서는 대상 공정에 대한 사전지식 없이 모델을 수립하는 것이 목적이므로

규칙 테이블 역시 변수로 코딩한 후 구하였다.

퍼지변수들을 정의하는 멤버 함수의 구간 값 계산과 규칙 테이블 구성은 유전자 알고리즘을 이용하였다. 유전자 알고리즘을 구성하는 유전자 코드는 그림 2 와 같다.

효모의 유가식 배양을 위한 적응 모델링

모델이 균체 내부의 생리학적 변화나 외부 조건의 변화에 효과적으로 대처하도록 모델 업데이트 기능을 첨가하였다. 모델 예측값과 실제값 사이의 누적 오차가 한계치를 벗어날 경우 모델 업데이트가 작동하게 되는데 균체 농도와 포도당 농도, 에탄올 농도의 멤버함수를 새로이 정의하고 규칙 테이블에 새로운 규칙을 첨가하거나 맞지 않는 규칙을 제거하는 방식으로 모델을 개선시켰다.

결과 및 고찰

효모 회분식 배양 모델링

입출력 관계를 구하는 추론 절차는 Mamdani의 min-max 알고리즘을 사용하였고 비퍼지화는 무게중심법을 이용하였다. 유전자 알고리즘에 사용된 유전자는 720 비트의 이진수로 표시하였다.

본 연구에서 수립된 모델의 성능을 살펴보기 위하여 공정 모델로 Modak³이 제안한 호기성 효모 배양 모델을 사용하여 회분식 배양을 전산모사하였다. 그림 3에 나타나듯이 모델이 정확하게 공정을 잘 나타냄을 알 수 있다. 알고리즘에 의해 생성된 규칙 테이블 중 낮은 균체농도 구간에서 포도당과 에탄올 농도에 대한 에탄올 생성 및 소비 속도를 나타낸 규칙 테이블을 표 1에 나타내었다. 전통적인 수학적 기법을 사용하였을 경우 모델의 구조를 정하는 것은 매우 어려운 작업이다. 기존의 퍼지 모델링⁴의 경우에는 언어 변수로 모델을 세우기 때문에 수학적 기법보다 모델의 구조를 정하는 작업이 수월하긴 하지만, 이 방법 역시 규칙 테이블을 미리 세워야 한다는 점에서 수학적 기법과 마찬가지로 대상 시스템에 대한 많은 사전 지식이 필요하다. 그러나 본 연구에서 개발된 알고리즘을 사용할 경우 배양 실험을 통해 얻은 입출력 데이터만 있으면 시스템을 모사할 수 있는 모델을 세울 수 있었다.

효모의 유가식 배양을 위한 적응 모델링

유가식 배양은 고농도 배양을 위해 수행되고 이 경우 높은 균체 농도에 의한 저해 효과가 전체 시스템에 크게 작용하게 된다. 그러나 회분식 배양을 통해 얻은 모델로는 이러한 효과를 제대로 취급할 수 없다. 따라서 모델 업데이트 기능이 필요하게 된다. 본 연구에서 개발된 알고리즘이 효과적인 모델 업데이트 기능을 갖는지 살펴보기 위해 Modak 모델에 균체 저해항을 넣은 모델을 공정 모델로 사용하여 지수 공급 방식의 유가식 배양 공정을 전산모사하였다. 그림 4를 보면 모델이 실제

공정과 오차가 커졌을 경우 효과적으로 모델을 개선시켜 나가는 것을 확인할 수 있다.

일반적으로 회분식 배양 결과를 이용해 만든 모델을 유가식 배양에 적용하기 위해서는 모델 매개변수를 공정에 맞게 다시 계산해야 할 뿐만 아니라 앞서 말한 문제점을 해결하기 위해 모델의 전체 구조를 새로 세워야 한다. 그러나 본 알고리즘을 사용하면 모델 자체가 유연한 구조를 가지고 있기 때문에 간단한 방식으로 모델 업데이트 기능을 수행할 수 있다.

참고문헌

1. Zadeh, L.A., "The role of fuzzy logic in the management of uncertainty in expert systems"(1983), Fuzzy Sets and Systems, **11**, 199-227.
2. Goldberg, D.E., "Genetic algorithms in search, optimization and machine learning"(1989), Addison-Wesley.
3. Modak, J.M., "A theoretical and experimental optimization of fed-batch fermentation processes"(1988), Ph.D. thesis, Purdue University, Lafayette, Indiana.
4. Jitsufuchi, T., Ishikawa, H., Tanaka, H., and Matsushima, K., "A simple method of fuzzy modeling for a microorganism reaction"(1992), Journal of Fermentation and Bioengineering, **74**, 312-319.

표 1. Decision table for calculation of the specific ethanol production rate

E \ S	S	MS	M	MB	B
S	ZO	PM1	PM1	NS	PM1
MS	NS	PS	PM2	ZO	PM1
M	ZO	NS	ZO	NS	PM1
MB	NS	PM1	PM1	PS	ZO
B	PS	ZO	NS	PM1	PM1

S: small, MS: medium small, M: medium, MB: medium big, B: big,

NS: negative small, ZO: zero, PS: positive small, PM1: positive medium medium

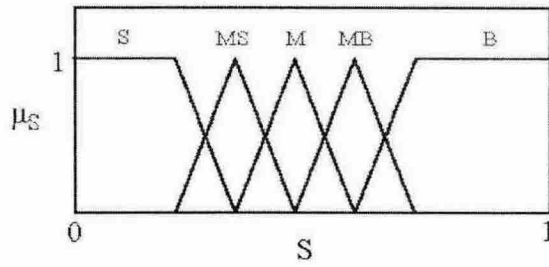


그림 1. Membership functions of glucose

Chromosome

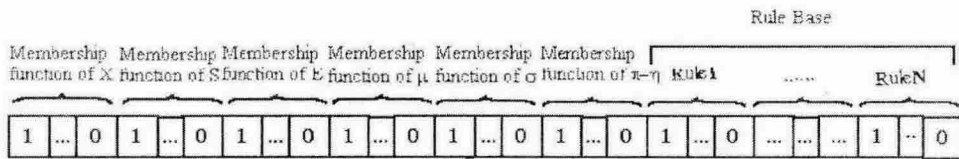


그림 2. Composition of a population in genetic algorithm

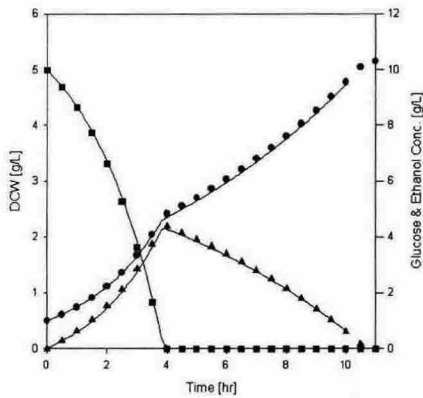


그림 3. State estimation of batch culture using genetic-fuzzy model.

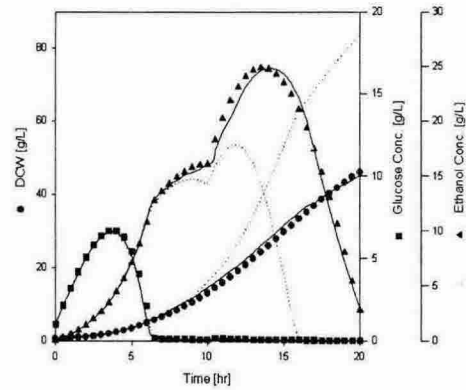


그림 4. State estimation of fed-batch culture using genetic-fuzzy model