

文章编号 :1009-038X(2001)04-0421-03

遗传算法与神经网络耦联法优化生淀粉 酶发酵培养基

蔡宇杰, 诸葛斌, 张锡红, 须文波
(无锡轻工大学 生物工程学院, 江苏 无锡 214036)

摘 要: 用遗传算法与神经网络相耦联的方法, 对生淀粉糖化酶发酵培养基进行了优化, 实验结果表明, 采用上述方法优化后的培养基能使生淀粉糖化酶的活力得到较大的提高。

关键词: 遗传算法, 神经网络, 生淀粉糖化酶, 酶活力

中图分类号: TP183

文献标识码: A

Optimization of Medium of Raw Starch Enzyme Fermentation with Neural Networks and Genetic Algorithms

CAI Yu-jie, ZHUGE Bin, ZHANG Xi-hong, XU Wen-bo
(School of Biotechnology, Wuxi University of Light Industry, Wuxi 214036, China)

Abstract: The medium of raw starch enzyme was optimized with neural networks and genetic algorithms. A good result was obtained. After optimization, the raw starch enzyme activity was improved obviously.

Key words: genetic algorithms; neural networks; raw starch enzyme; enzyme activity

生淀粉酶可将传统的淀粉糊化、液化、糖化合并为一步直接糖化^[1], 具有良好的节能前景。

遗传算法(GA)是基于生物学中遗传变异、杂交等的一种自适应全局优化概率搜索算法^[2]。遗传算法的主要特点为:(1)遗传算法的操作对象是一组可行解,而非单个可解,搜索轨道有多条,而非单条,因而具有良好的并行性。(2)遗传算法只需利用目标的取值信息,而无需梯度等高价值信息,因而适用于任何大规模、高度非线性的不连续多峰函数的优化以及无解析表达式的目标函数的优化,具有很强的通用性。(3)遗传算法择优机制是一种“软”选择,加上其良好的并行性,使它具有良好的全局

优化性和稳健性。(4)遗传算法操作的可行解集是经过编码化的,目标函数解释为编码化个的适应值,因而具有良好的可操作性与简单性^[3]。

神经网络(ANNs)则是在研究生物神经系统的启发下发展起来的一种信息处理方法^[4],它不需设计任何数学模型只要靠过去的经验来学习,因此它非常适合用于高度非线性的并含有大量噪声的生物系统。

作者采用 ANN 对生淀粉酶发酵系统建模,然后再交替使用 GA 和 ANN 对系统优化。实验结果表明采用经 GA 和 ANN 耦合系统优化过的培养基使生淀粉酶的产量得到了较大的提高。

收稿日期 2000-11-24; 修订日期 2001-04-24。

作者简介:蔡宇杰(1973-)男,江苏无锡人,发酵工程博士研究生。

万方数据

1 材料

1.1 菌种

UV-N-424.

1.2 发酵培养基

发酵培养基培养基组成如下:玉米淀粉 2%~5%、豆饼粉 1%~4%、硝酸铵 0.2%~0.8%、磷酸二氢钠 0.04%~0.1%、组份 A 0.1%~1.2%.

2 培养及分析方法

2.1 培养方法

500 mL 三角瓶中,恒温 30℃,摇瓶转速为 200 r/min,培养时间 3~4 d.

2.2 分析方法

取 1% 的淀粉悬浮液 2.0 mL 加入到 50 mL 三角烧瓶,添加 pH 4.0 磷酸氢二钠-柠檬酸缓冲溶液 2 mL,40℃ 预热 10 min,加入 1.0 mL 培养液(酶液),在 40℃ 恒温振荡(180 r/min)反应 30 min 后,加入 4% 的氢氧化钠溶液 0.5 mL 终止反应,反应液以 3 000 r/min 离心 10 min,上清液测定葡萄糖量^[5].葡萄糖量的测定采用 SBA 生物传感分析仪测定.酶活力定义:在以上分析条件下,1 min 释放 1 μg 葡萄糖的酶量定义为一个酶活力单位.

3 GA 和 ANNs 耦联系统的建立

3.1 GA 优化模型的建立

3.1.1 GA 运行参数的确立 染色体编码方法(即初始培养基的生成):取每个参数的子串长度 L 为 6,则 6 个参数形成的染色体长度为 36,采用多参数二进制格雷编码,每个组分可划分为 $2^6=64$ 等分,从而构成了一个 6 因素 64 水平的培养基优化系统,各参数分值为玉米淀粉 0.047%、豆饼粉 0.047%、硝酸铵 0.0063%、磷酸二氢钠 0.00094%、组份 A 0.0031%.从编码产生的 64 个个体中随机选 10 个,构成 10 组培养基配方.

交叉概率 P_c 0.5,变异概率 P_m 0.003,终止代数 T 500,代沟 G 0.7

3.1.2 个体适应度评价 把 10 种实验方案输入构建的 ANNs 中进行,ANNs 的输出即为 GA 相应的个体适应函数 $F(x)$,为了防止遗传算法发生早熟等情况,需对适应度函数 $F(x)$ 进行尺度变换,作者采用乘幂尺度变换 $F'=F^k$,在执行过程中根据不

同阶段不断修正 k 值.由于在遗传算法运行的初期,群体中可能会有少数几个个体的适应度相对于个体来说非常高,因此要适当降低适度系数,取 $k=0.9$.在中期则取 $k=1.0$.运行至后期时由于群体中所有个体的平均适应基本接近于群体中最佳个体的适应度,因此此时取 $k=1.1$.

3.1.3 遗传算子的设计 交叉算子采用双点交叉,变异算子采用高斯变异.

3.2 ANNs 系统的建立

采用两层 BP 网络,以玉米淀粉、豆饼粉、麸皮、硝酸铵、磷酸二氢钠、组份 A 的浓度,共 6 项作为输入值,以最终发酵液内的酶活作为输出值.最大训练步数为 8 000 步,误差指标为 0.02,学习速率为 0.3.取 20 组数据(来自于 GA 优化时所得的培养基组成及相应的实验所得的酶活)作为学习样本训练网络.另取 10 组数据作为验证样本.

3.3 GA-ANNs 耦合系统的建立

由 GA 产生的培养基配方在 ANNs 模型前用于实验,建立模型后用于预测,如图 1 所示.

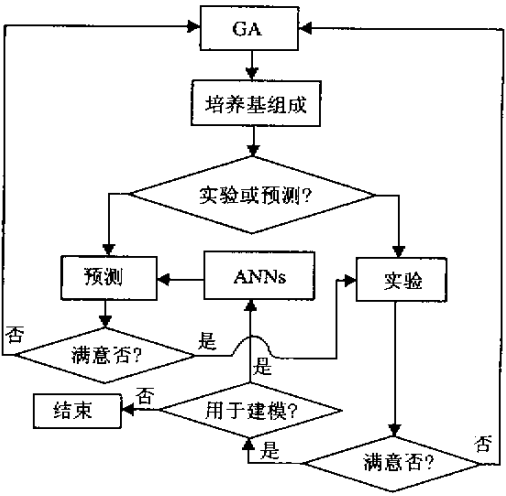


图 1 耦合系统示意图

Fig.1 System According to Neural Networks And Genetic Algorithms

由于用常规方法优化后培养基的所产酶活一般在 300 U/mL 左右,因此在 GA-ANNs 耦合系统中当模型所得的酶活高于 300 U/mL,就可以认为是满意的.

4 结果与讨论

4.1 神经网络模型

如表 1 所示,该模型预测的模拟值和实验值基本吻合,相对误差在 10% 之内,因此只要知道培养

基的组成便可预测生淀粉酶的活力.

表 1 神经网络模型发酵液酶活预测值与实验值比较

Tab.1 Comparison of ANNs predictive enzyme activity with experiment

序号	实测值/(U/mL)	预测值/(U/mL)	误差/%
1	300	271	9.40
2	293	267	8.72
3	280	303	-8.33
4	290	263	9.20
5	297	296	0.24
6	310	284	8.21
7	287	293	-2.10
8	295	291	1.10
9	288	281	2.30
10	291	310	-6.70

4.2 经耦合系统优化后的酶活与未经优化相比较
由表 2 可见 经耦合系统优化后的培养基使酶

活由 300 U/mL 提高到 345 U/mL 约提高了 15%.

表 2 优化前后酶活比较

Tab.2 comparison of optimized enzyme activity with unoptimized value

项目	优化前	优化后
玉米粉/%	4.5	4.1
豆饼粉/%	2.0	2.3
麸皮/%	2.00	1.95
硝酸铵/%	0.8	0.9
磷酸二氢钠/%	0.07	0.05
组份 A/%	0.5	0.4
酶活/(U/mL)	300	345

5 结 语

通过使用神经网络与遗传算法 ,对生淀粉糖化酶发酵培养进行优化 ,使酶活得到较大的提高 ,并且大大缩短了实验周期及实验成本.

参考文献：

[1] MASTOSH Goto , TSUYOSHI Semimaru , KENSUKE Furukawa , *et al.* Analysis of the raw starch-binding domain by mutation of a glucoamylase from *aspergillus awamori*var [J]. **Appl Environ Microbiol** , 1994 58(4) 3926 ~ 3930.

[2] 周明 孙树栋. 遗传算法原理及应用[M]. 北京 国防工业出版社 ,1996.

[3] 张文修 梁怡. 遗传算法的数学基础[M]. 西安 西安交通大学出版社 ,2000.

[4] 张际先 宓霞. 神经网络及其在工程的应用[M]. 北京 机械工业出版社 ,1996.

[5] MASATOSHI Goto ,EIJI Kuwano ,WERASIT Kanlayakrit , *et al.* Role of the Carbohydrate moiety of a Glucoamylase from *Aspergillus awamori* Var. Kwachi in the Digestion of Raw Starch[J]. **Appl Environ Microbiol** , 1995 59(1) :16 ~ 20.

(责任编辑 朱 明)

启 事

经教育部批准 ,无锡轻工大学、江南学院、无锡教育学院于 2001 年 2 月 13 日合并成立江南大学。对于本校作者在本刊发表的论文 ,2001 年 2 月 12 日及其以前所投稿件 ,刊登时署并校前原单位名称 ;2001 年 2 月 13 日及其以后所投稿件 ,刊登时一律署江南大学。
特此说明。