Berichte aus der Automatisierungstechnik

Peter Marenbach

Rechnergestützte Methoden zur interaktiven Modellierung biotechnologischer Prozesse

D 17 (Diss. TU Darmstadt)

Shaker Verlag
Aachen 1999

Die Deutsche Bibliothek - CIP-Einheitsaufnahme

Marenbach, Peter:
Rechnergestützte Methoden zur interaktiven Modellierung biotechnologischer Prozesse / Peter Marenbach.
- Als Ms. gedr. - Aachen : Shaker, 1999
(Berichte aus der Automatisierungstechnik)
Zugl.: Darmstadt, Techn. Univ., Diss., 1999
ISBN 3-8265-6574-6

Copyright Shaker Verlag 1999
Alle Rechte, auch das des auszugsweisen Nachdruckes, der auszugsweisen oder vollständigen Wiedergabe, der Speicherung in Datenverarbeitungsanlagen und der Übersetzung, vorbehalten.

Als Manuskript gedruckt. Printed in Germany.

ISBN 3-8265-6574-6
ISSN 0945-4659

Shaker Verlag GmbH • Postfach 1290 • 52013 Aachen
Telefon: 02407 / 95 96 - 0 • Telefax: 02407 / 95 96 - 9
Internet: www.shaker.de • eMail: info@shaker.de

Rechnergestützte Methoden zur interaktiven Modellierung biotechnologischer Prozesse

Dissertation, Peter Marenbach, FG Regeltheorie & Robotik, TU Darmstadt

– Kurzfassung –

Die Biotechnologie hat sich bedeutender eigenständiger Industriezweig etabliert, der in einem Atemzug mit der Informations- und Kommunikationstechnik als Schlüsselfeld zukünftiger Innovationen genannt wird. Insbesondere im pharmazeutischen Bereich steht hierbei die Fermentation, d.h. die Kultivierung von Mikroorganismen im Bioreaktor, im Mittelpunkt des Interesses. Vorteilhaft ist, daß diese oftmals ökonomisch und ökologisch günstiger ist als die konventionelle chemische Synthese und daß sie die Herstellung neuartiger, komplexer Substanzen und Wirkstoffe ermöglicht.

Ziel der Automatisierung biotechnologischer Prozesse ist die Steigerung von Zuverlässigkeit und Wirtschaftlichkeit der Anlagen. Dies läßt sich vielfach mit Hilfe modellbasierter Methoden erreichen. Der hohe Aufwand der Modellentwicklung – als notwendige Voraussetzung für die Anwendung modellbasierter Methoden – stellt dabei allerdings oftmals eine Hürde dar. Charakteristische Hindernisse sind die unzureichende Prozeßkenntnis insbesondere der intrazellulären Stoffwechselwege sowie der Mangel an aussagekräftigen Meßgrößen. Der Einsatz rechnerbasierter Modellbildungswerkzeuge verspricht daher eine wertvolle Unterstützung bei gleichzeitiger Verbesserung von Genauigkeit und Verläßlichkeit der resultierenden Modelle.

In der vorliegenden Dissertation werden spezifische Anforderungen an Methoden zur rechnergestützten Modellierung biotechnologischer Prozesse formuliert und gängige Ansätze diskutiert. Hierbei zeigt sich, daß die häufig vorgeschlagenen datengetriebenen Verfahren, wie Parameteridentifikation oder Neuronale Netze, nur bedingt geeignet sind. Die mit der Modellbildung betraute Person ist auch im industriellen Umfeld in der Regel ein Experte mit umfangreichen praktischen und theoretischen Erfahrungen. Um diese Wissensquelle für den rechnergestützten Modellbildungsprozeß zu erschließen, ist eine interaktive Vorgehensweise zweckmäßig, die den Modellierer soweit wie möglich einbezieht. Dazu bedarf es beim Modellbildungswerkzeug einer transparenten, für den Benutzer verständlichen Modellrepräsentation sowie einer kreativen Komponente, die in der Lage ist, die Modellstruktur selbständig zu generieren bzw. zu verändern.

Diese Funktionalität bietet das Programmpaket SMOG, dessen Entwicklung vom Autor maßgeblich vorangebracht wurde. Basierend auf einem zur Struktursuche eingesetzten Evolutionären Algorithmus, der sogenannten Genetischen Programmierung, ermittelt SMOG datengetriebenen nicht nur die Parameter sondern auch die Struktur eines mathematischen Modells. Ausgangspunkt hierzu kann entweder eine grobe Prozeßbeschreibung oder eine vorhandene aber nicht ausreichende Modellvorstellung sein. Die Arbeit beschreibt konzeptionelle Grundlagen dieser Methode, diskutiert diverse Alternativen und Variationsmöglichkeiten in der Realisierung und dokumentiert am Beispiel verschiedener realer Prozesse die erreichte Praxistauglichkeit.

Aufgrund der mathematischen Repräsentation bleibt das Modell zu jedem Zeitpunkt transparent und damit interpretierbar für den Modellierer. Es zeigt sich, daß er sein Wissen daher gezielter und effizienter, als dies bisher möglich ist, nutzen kann. Dadurch wird auch Auseinandersetzung des Modellierers mit dem Prozeß gefördert. Ihm wird ein Werkzeug an die Hand gegeben, welches ihn bei der Anpassung der eigenen auf theoretischem Wissen und praktischer Erfahrung basierenden Modellvorstellung an das beobachtete Prozeßverhalten unterstützt.

Als weitere Beispiele für die breite Anwendbarkeit der Genetischen Programmierung in der Automatisierungstechnik wird neben der Modellgenerierung auch der automatische Reglerentwurf und die Strukturierung von Neuro-Fuzzy-Netzwerken betrachtet.