

## مدل سازی ترکیبی بیوراکتور استن - بوتانول با استفاده سیستم ژنو- فازی

حجت کردآبادی, عبدالحسین جهانمیری

دانشکده مهندسی شیمی، نفت و گاز، دانشگاه شیراز

[jahanmir@shirazu.ac.ir](mailto:jahanmir@shirazu.ac.ir)

### چکیده

در این مقاله با تبدیل بخشی از مدل سینتیکی تخمیر یک فرآیند بیو شیمیایی به مدل فازی، یک مدل ترکیبی برای بیوراکتور فرآیند تولید استن- بوتانول ارائه شده است. بدلیل عدم دانش کافی، غالب فرآیندهای بیو شیمیایی فاقد مدل ریاضی دقیق و کامل می باشند. در اینجا با ترکیب معادلات ریاضی و مدل فازی در یک مدل ترکیبی، مدل دقیقتری از فرآیند ارائه می شود. مدل فازی بر اساس کاهش خطای مدل نسبت به داده های صنعتی واحد مربوطه آموزش داده شده است. این بهینه سازی به وسیله الگوریتم ژنتیک صورت گرفته است. نتایج، برتری مدل ترکیبی را نسبت به مدل ریاضی نشان می دهد.

**کلمات کلیدی:** مدل ترکیبی؛ بیوراکتور؛ مدل فازی؛ الگوریتم ژنتیک؛ بهینه سازی

### ۱-مقدمه

مواردی ارائه یک مدل دقیق ریاضی از سیستم امکان پذیر نمی باشد.

بسیاری از فرآیندهای شیمیایی که درک کمی از سیستم آنها داریم، براساس قواعد تجربی و یا ساده سازیها کار می کنند. برای استفاده از این دانسته ها در مدل سازی فرآیندها، روشهای هوش محاسباتی بکار گرفته شده اند. از جمله این روشها که بسیار مفید واقع شده، سیستمهای خبره، شبکه های عصبی و سیستمهای فازی می باشند. برای استفاده از این روشها می بایست هوش محاسباتی را آموزش داد و پارامترهای آنرا تنظیم نمود. برای این کار بسته به نوع هوش محاسباتی بکار رفته و کاربردها، از تکنیکهای متفاوت و مناسبی استفاده می شود.

در تکنیکهای مرسوم برای مدل سازی فرآیندهای شیمیایی و بیو شیمیایی، نیاز به شرح دقیقی از مشخصات سیستم می باشد. برای فرآیندهایی که عملکرد آنها کامل شناسایی شده است، این روشها به خوبی جواب می دهد. اما در بعضی از فرآیندهای شیمیایی و بیو شیمیایی، بسیاری از پارامترها از جمله پارامترهای سینتیکی برای ارائه یک مدل دقیق ریاضی در دست نمی باشند؛ چراکه این پارامترها به سختی قابل محاسبه و یا اندازه گیری هستند و حتی اگر هم قابل اندازه گیری یا قابل محاسبه باشند، هزینه و زمان زیادی صرف این کار خواهد شد. در چنین

در ادامه، ابتدا شرح مختصری از فرآیند مورد نظر ارائه می شود؛ سپس، با معرفی سیستم فازی و الگوریتم ژنتیک بکاررفته، مدل ترکیبی ارائه شده و تکنیکهای مربوطه تشریح می شوند؛ و در نهایت نتایجی که از حل این مدل سازی بدست آمده، مورد بحث و بررسی قرار می گیرد.

## ۲- فرآیند

مدل ترکیبی که در این مقاله به آن پرداخته شده است، مربوط به بیوراکتور تولید استن-بوتانول است [۶]. در این بیوراکتور سوبسترا (Substrate) که شربت گلوکز می باشد بوسیله مخمر *Clostridium Acetobutylicum* تخمیر شده و دو محصول استن و بوتانول تولید می شود. برای شروع به کار، فرآیند ابتدا حدود ۱۴ ساعت بصورت ناپیوسته (بدون ورودی و خروجی، در محیطی حاوی سوبسترا، مخمر و دیگر مواد لازم و در غلظتهای اولیه معین) کار می کند. پس از این مدت که در اثر تخمیر، غلظت مواد به حد معینی رسید، جریان های ورودی و خروجی بر قرار شده و خروجی بیوراکتور برای تولید محصولات، به بخش جدا سازی هدایت می شود. بیوراکتور بگونه ای طراحی شده است که از خروج مخمرها از سیستم جلوگیری می شود (Cell Retention) و فقط سیال می تواند از آن خارج شود. این کار توسط فیلتراسیون و یا بازگرداندن مخمرها (Recycle) انجام می شود. این فرآیند طی ۴۰-۵۰ ساعت پس از برقراری جریانهای ورودی و خروجی تقریباً پایا (Steady State) می شود و تا مدتی که مخمرها قادر به تولید باشند (حدود ۱۵۰-۲۰۰ ساعت)، ادامه خواهد داشت.

دو محصول «واسطه» این تخمیر، اسیداستیک و اسید بوتیریک هستند که در طی مراحل متابولیسم مخمرها به استن و بوتانول تبدیل می شوند که البته این مواد

روابط فازی، تحلیلها، استنتاجها و تصمیم گیری ها را تبدیل به یک سری قواعد زبانی می کند که رایانه بتواند بر اساس آن محاسبات را انجام دهد. بیشترین موفقترین کاربرد سیستمهای فازی در کنترلهای الکترونیکی بوده است [۱]. در زمینه مدلسازی، کنترل و بهینه سازی فرآیندهای شیمیایی نیز نتایج خوبی از کاربرد سیستمهای فازی گزارش شده است [۲] و [۳].

سیستمهای فازی بگونه های متفاوتی در مسائل بهینه سازی و کنترل فرآیندها اعمال شده است. از جمله روشهای مؤثر و مفید، ترکیب سیستمهای فازی با معادلات و روابط ریاضی می باشد. مدلهایی از این دست، مدلهای ترکیبی (Hybrid Models) نامیده می شوند. در مدلهای ترکیبی معادلات مربوط به موازنه جرم و موازنه انرژی و دیگر روابطی که پارامترهای دقیق آنها شناخته شده می باشند، بفرم روابط ریاضی و آن دسته از روابط که پارامترهای آنها بخوبی شناسایی نشده اند (مثلاً پارامترهای سینتیکی) بصورت روابط فازی بیان می شوند. استفاده از مدلهای ترکیبی نتایج خوبی در زمینه مدلسازی فرآیندهای شیمیایی پیچیده و فرآیندهای بیوشیمیایی بدست داده اند. از جمله این مطالعات می توان به تهیه مدل ترکیبی برای یک فرآیند آنزیمی [۴] و ارائه سینتیک فازی برای یک فرآیند راکتور شیمیایی [۵] اشاره کرد.

در کاری که ارائه می شود، مدل یک بیوراکتور به مدل ترکیبی گسترش داده شده است. در اینجا، تابع مربوط به بازدارندگی رشد مخمرها به صورت فازی بیان شده است که در یک ترکیب سری با معادلات دیفرانسیل معمولی، یک مدل ترکیبی را برای فرآیند ارائه می دهد. برای تنظیم پارامترهای فازی از الگوریتمهای ژنتیک استفاده شده است که در مسائل بهینه سازی بعنوان یک ابزار توانمند، بکار می رود.

همانگونه که گفته شد، این فرآیند در دو مرحله متفاوت انجام می شود: در مرحله اول بیوراکتور به صورت ناپیوسته کار می کند و در مرحله دوم، حدود ۱۵۰ ساعت فرآیند جاری که خوراک تازه وارد بیوراکتور شده و محصولات به همراه سوبسترای مصرف نشده، خارج می شود. مدلی که ارائه شده است صرفاً برای مرحله جاری صادق است و برای مرحله اول صدق نمی کند [۶]. بدین ترتیب شرایط فرآیند در حدود ساعت ۱۴، بعنوان شرایط اولیه (Initial Conditions) مدل در نظر گرفته می شوند.

مقدار  $f(I)$  بر روی تمام غلظتها اثر مستقیم می گذارد. پارامترهای  $f(I)$  کاملاً بر اساس آزمایشات تجربی بوده و به شرایط عملیاتی بستگی دارد و در طی فرآیند ما شاهد انحراف از این تابع خواهیم بود. لذا اگر بتوان این تابع را در هر مرحله از فرآیند بصورت مناسب تخمین زد، می توان مدل بهتری از بیوراکتور ارائه نمود. برای این کار بکارگیری سیستم فازی، بعنوان یک هوش محاسباتی و در قالب یک مدل ترکیبی، بررسی خواهد شد.

### ۳- ساختار مدل ترکیبی

#### ۳-۱- مدل فازی

برای تخمین فازی تابع بازدارندگی رشد،  $f(I)$ ، و تهیه یک مدل ترکیبی، از مدل فازی از نوع Sugeno [۷] بصورت سری با معادلات دیفرانسیل استفاده شده است. نتایج قواعد (Consequences of Rules) در این مدل یک رابطه خطی از BA و B است. قواعد بدین ترتیب تعریف می شوند

$$R_i: \text{If } BA \text{ is } M_j \text{ and } B \text{ is } N_k$$

$$\text{Then } f_i(I) = p_i(BA) + q_i(B) + r_i$$

در اینجا BA و B ورودی های سیستم فازی و  $f_i(I) = p_i(BA) + q_i(B) + r_i$  نتیجه قاعده i

واسطه نیز در خروجی بیوراکتور موجودند. در این فرآیند بالا رفتن غلظت اسید بوتیریک باعث رکود رشد مخمرها و بالا رفتن غلظت بوتانول باعث مسموم شدن مخمرها می شوند. به عبارت دیگر، محصولات این فرآیند بازدارنده رشد مخمرهای مولد خود هستند. بر این اساس، برای ثابت نرخ رشد مخمرها معادله ای بفرم زیر ارائه شده است [۶]:

$$\mu = \mu_m \frac{S}{S + K_S} f(I) \quad (1)$$

در این معادله  $\mu$  نرخ ویژه رشد مخمر،  $\mu_m$  حداکثر نرخ ویژه رشد، S غلظت سوبسترا و  $K_S$  ثابت اشباع سوبسترا و  $f(I)$  تابع بازدارندگی رشد (Inhibition Function of Cell Growth) نامیده می شود.  $f(I)$ ، تابعی از غلظت اسید بوتیریک (BA) و بوتانول (B) است. تابعیت  $f(I)$  از BA و B به مقادیر غلظت مواد و شرایط دینامیک فرآیند بستگی دارد. یک نمونه از تابع  $f(I)$  در زیر آورده شده است:

$$\mu = \mu_m \frac{S}{S + K_S} f(I) \quad (1)$$

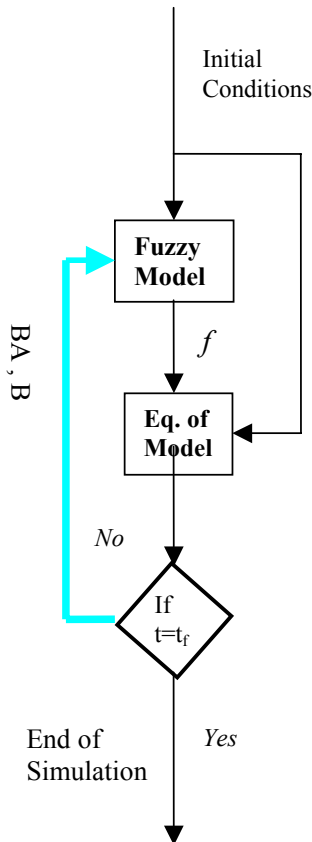
در این معادله  $\mu$  نرخ ویژه رشد مخمر،  $\mu_m$  حداکثر نرخ ویژه رشد، S غلظت سوبسترا و  $K_S$  ثابت اشباع سوبسترا و  $f(I)$  تابع بازدارندگی رشد (Inhibition Function of Cell Growth) نامیده می شود.  $f(I)$ ، تابعی از غلظت اسید بوتیریک (BA) و بوتانول (B) است. تابعیت  $f(I)$  از BA و B به مقادیر غلظت مواد و شرایط دینامیک فرآیند بستگی دارد. یک نمونه از تابع  $f(I)$  در زیر آورده شده است:

$$f(I) = -0.153(B + BA) + 2.16 \quad (2)$$

این رابطه برای حالتی که  $(B + BA) < 8$  (gr/litr) باشد ارائه شده است.

مدل فازی بگونه ای تنظیم می شوند که تابع زیر حداقل شود:

$$E_i = \sum_{j=1}^l \frac{1}{2} (y_{ij} - y_{ij}^{actual})^2, \quad i = 1, 2, \dots, n \quad (4)$$



شکل (۲) نمودار حل مدل ترکیبی

که  $E_i$  تابع هدف،  $y_{ij}$  مقدار متغیر حالت حاصل از شبیه سازی و  $y_{ij}^{actual}$  داده های صنعتی و  $i$  بیانگر متغیر (غلظت)  $i$  ام است.

برای بهینه سازی از الگوریتم ژنتیک (Genetic Algorithms) استفاده شده است [۸]. در الگوریتم ژنتیک بکار رفته، از کدگذاری اعداد واقعی (Real Encoding)، انتخاب برش چرخ گردان (Roulette Wheel Selection) اپراتورهای برش چند نقطه ای (Multi-Point Crossover)

ام و  $M_j$  و  $N_k$  مجموعه های فازی (Fuzzy Sets) مقدمه قواعد (Antecedents of Rules) می باشند. خروجی مدل فازی از اجماع نتایج تمامی قواعد بصورت میانگین وزنی بدست می آید:

$$f(I) = \frac{\sum_{i=1}^k \omega_i f_i(I)}{\sum_{i=1}^k \omega_i} \quad (3)$$

که  $\omega_i$  بیانگر درجه مصداق قاعده  $i$  ام می باشد. مجموعه مرجع (Universe) مربوط به مجموعه های فازی مقدمه قواعد و نیز محدوده تغییرات پارامترهای نتایج قواعد، بر اساس دانشی که از قبل نسبت به سیستم داریم تعیین می شوند. در شروع، هم نتایج و هم مقدمات قواعد در محدوده های خود کاملاً تصادفی انتخاب شده و سپس بوسیله الگوریتم ژنتیک بهینه می شوند. در این کار از توابع عضویت (Membership Functions) گوسی استفاده شده است:

$$F(x) = \exp(-0.5(x - c)^2 / \sigma^2) \quad (4)$$

الگوریتم مدل ترکیبی بگونه ای طراحی شده است که مدل فازی در هر مرحله از حل معادلات BA و B را از حل عددی معادلات مدل (یا شرایط اولیه) دریافت کرده و  $f(I)$  را بعنوان خروجی خود، برای حل معادلات در مرحله بعدی باز می گرداند. شکل ۲ نحوه محاسبات را در مدل ترکیبی نشان می دهد.

### ۲-۳- بهینه سازی پارامترهای فازی بوسیله الگوریتم ژنتیک

در این مطالعه هدف از بهینه سازی، پیش بینی عملکرد فرآیند بیوراکتور است. صحت مدل، پیش بینی هرچه بهتر داده های صنعتی بوسیله مدل ترکیبی خواهد بود. برای رسیدن به این مقصود، پارامترهای

و جهش کلاسیک (Classical Mutation)

استفاده شده است. برای بهینه سازی تابع هدف ترکیب خطی از  $E_i$  ها و با وزنهای معین می باشد:

$$Cost = \sum_{i=1}^n W_i E_i \quad (14)$$

نکته دیگر در مورد طراحی الگوریتم بهینه سازی، تعیین محدودیتهای مسیر (Path Constains) می باشد. این محدودیتها شامل: کامل بودن مجموعه فازی (Completeness) بعنوان محدودیت انعطاف ناپذیر (Hard Constrains) و نیز سازگار بودن مجموعه های فازی (Consistency) بعنوان یک محدودیت انعطاف پذیر (Soft Constrains) است. برای اعمال این محدودیتها از توابع جریمه (Penalty Functions) استفاده شده است. برای شرط کامل بودن مجموعه های فازی، تابع جریمه بگونه ای تعیین شده است که جوابهای ناکامل، شانس برای بقاء در نسل بعدی ندارند و در مقابل برای شرط سازگاری تابع جریمه ای متناسب با تجاوز جوابها از این شرط در نظر گرفته شده است تا جوابهایی که کمتر سازگار هستند شانس کمتری برای بقاء در نسل بعدی داشته باشند. توابع جریمه در حین حل مدل ترکیبی و برای BA و B ورودی به مدل فازی فعال می شوند. در نهایت مسئله بهینه سازی بدین صورت خلاصه می شود:

$$\min Cost = \sum_{i=1}^n W_i E_i + P^{Hard} + P^{Soft}$$

Equality Constrains: Hybrid Model of Bioreactor

Inequality Constrains:

$$Consequence parameters: p_{\min} \leq p \leq p_{\max}$$

$$q_{\min} \leq q \leq q_{\max}$$

$$r_{\min} \leq r \leq r_{\max}$$

$$Antecedents parameters: c_{BA} \in C_{BA}, c_B \in C_B$$

$$\sigma_{BA} \in U_{BA}, \sigma_{BA} \in U_{BA}$$

Path constrains: Completeness(Hard)

Consistency(Soft)

$U$  و  $C$  فضای انتخاب پارامترهای توابع گوسی

هستند.

#### ۴- بحث و نتیجه گیری

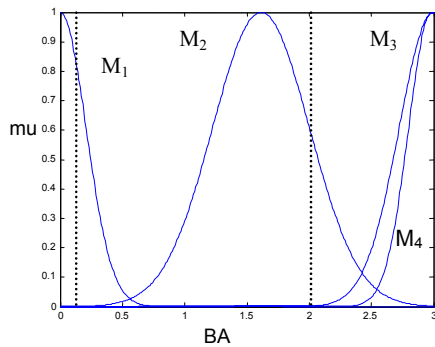
برای تهیه مدل ترکیبی فرآیند، ۴ مجموعه فازی گوسی در مجموعه های مرجع هر کدام از ورودی های BA و B منصوب شده است. محدوده تغییرات BA و B در داده های صنعتی به ترتیب حدود [۲، ۱] و [۰، ۴] است. اما بدلیل انتخاب تصادفی پارامترهای فازی توسط الگوریتم ژنتیک، با حل مدل ترکیبی شاهد انحراف از این کرانه ها خواهیم بود. لذا، محدوده تغییرات مقادیر BA و B بترتیب [۳، ۰] و  $C_{BA} = [۳، ۷]$  و  $C_B = [۳، ۷]$  قرار داده شده است. بدین ترتیب ۱۶ قاعده تمام حالتی ممکن را پوشش می دهد. وزنهای تابع هدف نیز بگونه ای تعیین شده اند که در تمام غلظتها نسبت یکسانی از کاهش خطا را داشته باشیم.

شبه سازی مدل ترکیبی بدست آمده، نشان می دهد که مقدار خطا از حدود ۲۷ به ۶/۸ (نسبت به مدل ریاضی) کاهش یافته است. در شکل ۳، مقدار تابع عضویت بر حسب مقادیر BA و B نشان داده شده است. همانگونه که دیده می شود، مجموعه های فازی که در  $C_{BA}$  و  $C_B$  بدست آمده است، سازگار نمی باشند. همانگونه که گفته شد، محدودیت سازگاری برای BA و B که در حل معادلات محاسبه شده و به عنوان ورودی مدل فازی، کنترل می شود. چون در این حالت بهینه (و در بسیاری از موارد دیگر که در طول بهینه سازی وجود داشته است)، ورودی های مدل فازی عضو مجموعه های ناسازگار نبوده اند، لذا تابع جریمه مربوطه نیز فعال نشده است. به عبارت دیگر، الگوریتم بهینه سازی بگونه ای طراحی شده است که مجموعه های مرجع حالت دینامیک دارند و کرانه های آنها تغییر می کند. مجموعه مرجع نهایی BA و B حاصل از بهینه سازی با خط چین نشان داده شده

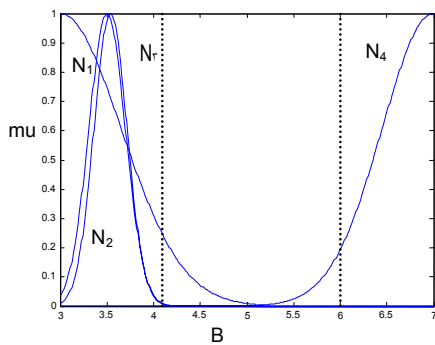
است. و نیز همانگونه که در جدول ۱ نشان داده شده است، در طول حل مدل ترکیبی بدست آمده، در هر کدام با  $C_B$  و  $C_{BA}$  مجموعه فازی و در نتیجه فقط ۴ قاعده از ۱۶ قاعده موجود فعال شده است.

بر اساس این نتیجه، مدل سازی برای  $C_B$  و  $C_{BA}$  هر کدام با ۲ مجموعه فازی و کلاً ۴ قاعده تکرار می شود. نتایج بهینه سازی و حل مدل رشته ای بدست آمده در این حالت مشابه با حالت قبل است، با این تفاوت که مجموعه های فازی در حالت دوم قابل بیان بوده، مدل ساده تر است و نیز شبیه سازی نیز سریعتر انجام خواهد شد. نتایج مدل سازی با ۲ مجموعه فازی و ۴ قاعده، در شکلهای ۴ و ۵ آورده شده است. در شکل ۴ مجموعه های فازی بهینه شده نشان داده شده اند. اگر چه باز هم در اینجا مجموعه های فازی  $B$  ناسازگارند، اما این ناسازگاری باز هم در نقطه ای است که  $B$  در طول حل مدل، معادل آن مقدار نشده است؛ لذا عملاً ناسازگاری رخ نداده است

بر اساس این نتیجه، مدل سازی برای  $C_B$  و  $C_{BA}$  هر کدام با ۲ مجموعه فازی و کلاً ۴ قاعده تکرار می شود. نتایج بهینه سازی و حل مدل رشته ای بدست آمده در این حالت مشابه با حالت قبل است، با این تفاوت که مجموعه های فازی در حالت دوم قابل بیان بوده، مدل ساده تر است و نیز شبیه سازی نیز سریعتر انجام خواهد شد. نتایج مدل سازی با ۲ مجموعه فازی و ۴ قاعده، در شکلهای ۴ و ۵ آورده شده است. در شکل ۴ مجموعه های فازی بهینه شده نشان داده شده اند. اگر چه باز هم در اینجا مجموعه های فازی  $B$  ناسازگارند، اما این ناسازگاری باز هم در نقطه ای است که  $B$  در طول حل مدل، معادل آن مقدار نشده است؛ لذا عملاً ناسازگاری رخ نداده است



(a)



(b)

### شکل (۳) مجموعه های فازی مدل ترکیبی با ۱۶ قاعده و پس از بهینه سازی

بر اساس این نتیجه، مدل سازی برای  $C_B$  و  $C_{BA}$  هر کدام با ۲ مجموعه فازی و کلاً ۴ قاعده تکرار می شود. نتایج بهینه سازی و حل مدل ترکیبی بدست آمده در این حالت مشابه با حالت قبل است، با این تفاوت که مجموعه های فازی در حالت دوم قابل بیان بوده، مدل ساده تر است و نیز شبیه سازی نیز سریعتر انجام خواهد شد. نتایج مدل سازی با ۲ مجموعه فازی و ۴ قاعده، در شکلهای ۴ و ۵ آورده شده است. در شکل ۴ مجموعه های فازی بهینه شده نشان داده شده اند. اگر چه باز هم در اینجا مجموعه های فازی  $B$  ناسازگارند، اما این ناسازگاری باز هم در نقطه ای است که  $B$  در طول حل مدل، معادل آن

مقدار نشده است؛ لذا عملاً ناسازگاری رخ نداده است

بینی کرده است. بیشترین مقدار کاهش خطا در پیش بینی غلظت مخمر (Biomass) بوده (شکل ۵-b)، اما درصد کاهش خطا برای همه متغیرها تقریباً یکسان است. این امر ناشی از تعیین مناسب وزنهای تابع هدف می باشد که بسته به مقدار متوسط غلظتها تعیین شده است.

### جدول (۱) قواعدی که فعال شده اند

	$M_1$	$M_2$	$M_3$	$M_4$
$N_1$	--	--	--	--
$N_2$	--	--	--	--
$N_3$	√	√	--	--
$N_4$	√	√	--	--

قواعد مدل فازی بدست آمده برای مدل ترکیبی چنین است:

$R_1$  : If BA is  $M_1$  and B is  $N_1$

$$\text{Then } f_1(I) = -0.058(BA) + -0.198(B) + 2.96$$

$R_2$  : If BA is  $M_1$  and B is  $N_2$

$$\text{Then } f_2(I) = -0.216(BA) + -0.198(B) + 1.53$$

$R_3$  : If BA is  $M_2$  and B is  $N_1$

$$\text{Then } f_3(I) = -0.07(BA) + -0.24(B) + 2.192$$

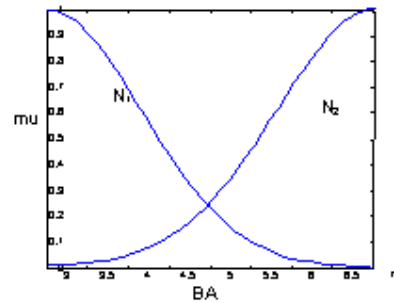
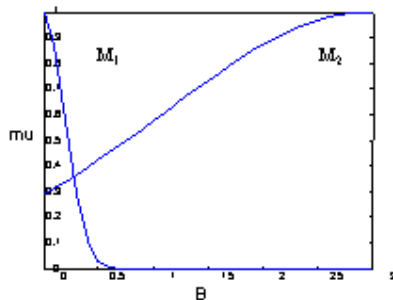
$R_4$  : If BA is  $M_2$  and B is  $N_2$

$$\text{Then } f_4(I) = -0.22(BA) + -0.07(B) + 1.72$$

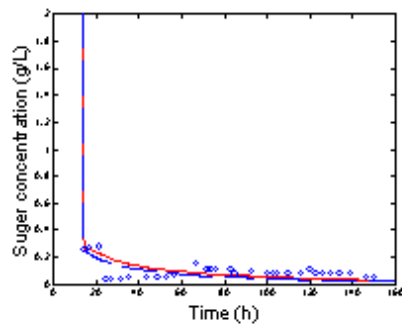
### ۵- جمع بندی

مدل ترکیبی که بدست آمد، نسبت به مدل ریاضی، پیش بینی دقیقتری از عملکرد فرآیند بیوشیمیایی مورد نظر ارائه داد. این در حالی است که ارائه این مدل ترکیبی بسیار ساده تر و کاراتر از دیگر روشهای کلاسیک و معمول است. مدل فازی توسط الگوریتم ژنتیک و بر اساس کاهش خطای مدل آموزش داده شد. همچنین دیده شد که می توان با دقت خوبی تعداد قواعد و حتی مجموعه های فازی را کاهش داد بطوری که در اینجا با تقلیل تعداد مجموعه های فازی و قواعد تغییری در دقت مدل ترکیبی دیده نشد.

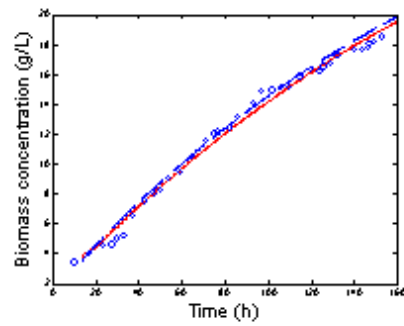
در شکل ۵ نیز پروفایل غلظتها که توسط مدل ترکیبی پیش بینی شده است، به همراه نتایج مدل ریاضی و داده های صنعتی مشاهده می شود. همانگونه که دیده می شود، مدل ترکیبی غلظتها را بهتر از مدل ریاضی پیش



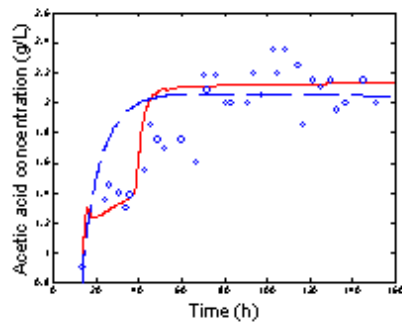
شکل (۴) مجموعه های فازی مدل ترکیبی با ۴ قاعده پس از بهینه سازی



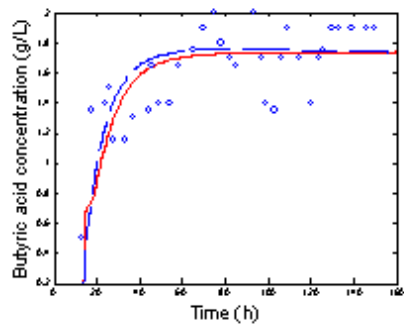
(a)



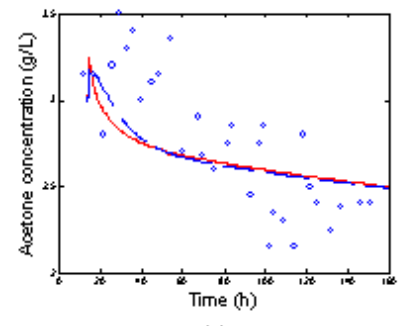
(b)



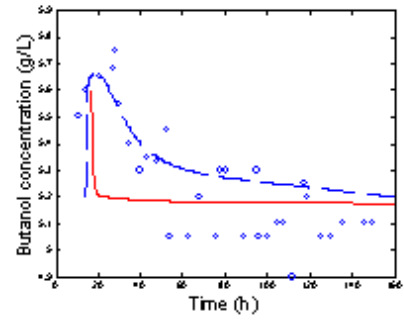
(c)



(d)



(e)



(f)

شکل (5) پروفایل غلظتها نسبت به زمان آ داده های صنعتی، -- مدل ریاضی، - مدل ترکیبی

[3]. Qian Y., P. Tessier, 'Application of fuzzy relational modeling to industrial product quality control', Chem. Eng. Technol., 18, 1-7, 1995

[4]. Lee B. et al, 'Incorporating qualitative knowledge in enzymatic kinetic models using fuzzy logic', Biotech. and Bioeng., 62(6), 722-729, 1999

۶- مراجع

[1]. Yamahava T., Proc. 2<sup>nd</sup> IFSA Congress, Tokyo, Japan, 1987

[2]. Qian Y., P. Tessier, and Dumont G., 'Fuzzy logic modeling and optimization of wood chip refiner', TAPPI J., 77(2)181-186, 1994



- [5]. Zang P. and Y. Qian, 'Fuzzy modeling and flow sheeting of imprecise units', *Comp. and Chem. Eng.*, 22 Suppl., S1013-S1016, 1998
- [6]. Mulchandani A. and B. Volesky, 'Modelling of the Acetone-Botanol fermentation with cell retention', *Canadian J. of Chem. Eng.*, 64, 625-631, 1986
- [7]. Sugeno M., 'An introductory survey of fuzzy control', *Inform. Sci.* 36, 59-83, 1985
- [8]. . Michalewicz Z., 'Genetic algorithms+ Data Structure=Evolution Program', Springer, New York., (1992)
- [9]. Fonseca C.M. and P.J. Feleming, 'Genetic algorithm for multi-objective optimization, formulation, discussion and jeneralization', in *Proc. Of the fifth Int. Conf. Genetic Algorithms*, S. Forest, Ed.. San Mateo, CA 416-423, 1993