



DOI:10.13364/j.issn.1672-6510.20240203

网络首发日期: 2025-05-08; 网络首发地址: <http://link.cnki.net/urlid/12.1355.N.20250507.1800.001>

## 基于 CNN-BiLSTM-AM 的发酵过程多时间步 预测方法及其应用研究

韩炫州<sup>1,3</sup>, 韩雪莉<sup>1,3</sup>, 徐超<sup>3</sup>, 郑宇<sup>1,2</sup>, 夏建业<sup>3</sup>

(1. 天津科技大学生物工程学院, 天津 300457; 2. 合成生物学海河实验室, 天津 300308;

3. 中国科学院天津工业生物技术研究所智能生物制造中心, 天津 300308)

**摘要:** 合成生物学技术极大提升了菌株改造效率, 然而传统发酵优化方法依赖于专家经验且需要反复试错, 开发效率低, 难以满足大量高产菌种对应发酵工艺优化的需求。基于数据和模型驱动的智能发酵优化方法可大幅提升发酵工艺优化的效率, 然而缺乏成熟可靠的智能化模型严重限制了发酵工艺优化智能化的发展。针对以上问题, 本研究提出一种基于卷积神经网络(convolutional neural network, CNN)、双向长短期记忆网络(bidirectional long short-term memory, BiLSTM)、注意力机制(attention mechanism, AM)多模型整合的发酵过程多时间步预测方法(命名为 CNN-BiLSTM-AM)并应用于发酵过程预测。首先, 对提出的整合模型进行超参数优化, 提高模型的预测精度; 其次, 通过消融实验和与各分模型的对比, 对整合模型进行验证; 最后, 分别利用青霉素发酵数据集和左旋多巴发酵数据集进行模型应用。结果表明, 本文模型在 10 个时间步长下, 预测的决定系数大于 0.9, 能够利用已获得的发酵过程数据成功预测产物浓度多时间步后的变化。

**关键词:** 发酵过程优化; 智能化模型; 多时间步预测; 多模型整合

中图分类号: Q815; TP399

文献标志码: A

文章编号: 1672-6510(2026)01-0020-09

## A Multi-Step Prediction Method for Fermentation Process Based on CNN-BiLSTM-AM and Its Application

HAN Xuanzhou<sup>1,3</sup>, HAN Xueli<sup>1,3</sup>, XU Chao<sup>3</sup>, ZHENG Yu<sup>1,2</sup>, XIA Jianye<sup>3</sup>

(1. College of Biotechnology, Tianjin University of Science and Technology, Tianjin 300457, China;

2. Haihe Laboratory of Synthetic Biology, Tianjin 300308, China; 3. Intelligent Biomanufacturing Center,

Tianjin Institute of Industrial Biotechnology, Chinese Academy of Sciences, Tianjin 300308, China)

**Abstract:** Synthetic biology technology has greatly improved the efficiency of strain modification. However, traditional fermentation optimization methods rely on expert experience and require repeated trial and error, which has low development efficiency and cannot meet the demand for optimization of fermentation processes corresponding to a large number of high-yield strains. Data- and model-driven intelligent fermentation optimization methods can greatly improve the efficiency of fermentation process optimization. However, the lack of mature and reliable intelligent models severely limits the development of intelligent fermentation process optimization. In response to the above issues, this study proposes a multi-time step prediction method for fermentation processes based on the integration of convolutional neural network (CNN), bidirectional long short-term memory (BiLSTM) and attention mechanism (AM), named CNN-BiLSTM-AM model and applies it to fermentation process prediction. First, the proposed integrated model was optimized for hyperparameters to improve the model's predictive accuracy. Second, the integrated model was validated through ablation experiments and comparisons with each sub-model. Finally, the model was applied using penicillin fermentation data and levodopa fermentation data. The study

收稿日期: 2024-10-10; 修回日期: 2024-11-29

基金项目: 天津市重点研发计划项目(25ZXWCSY00190); 山西省重点研发项目(202202140601018); 合成生物学海河实验室项目(22HHSWSS00013)

作者简介: 韩炫州(1999—), 男, 天津人, 硕士研究生; 通信作者: 夏建业, 研究员, xiajy@tib.cas.cn

found that at ten time steps, the determination coefficient was greater than 0.9, and the changes in product concentration at multiple future time steps have been successfully predicted using the obtained fermentation process data.

**Key words:** optimization of fermentation process; intelligent model; multi time step prediction; multi model integration

#### 引文格式:

韩炫州,韩雪莉,徐超,等. 基于 CNN-BiLSTM-AM 的发酵过程多时间步预测方法及其应用研究[J]. 天津科技大学学报, 2026, 41(1): 20-28.

HAN X Z, HAN X L, XU C, et al. A multi-step prediction method for fermentation process based on CNN-BiLSTM-AM and its application[J]. Journal of Tianjin university of science and technology, 2026, 41(1): 20-28.

合成生物学的飞速发展使高产菌株的快速开发成为可能,极大地提高了菌株的改造效率。然而,合成生物学创新成果的产业化离不开发酵过程优化与放大过程。发酵过程是否成功仍然是生物制造过程能否产业化的关键<sup>[1-2]</sup>,传统发酵优化方法通常依赖于专家经验和反复试错,需要大量的实验和实践,已难以实现与合成生物学高效菌种构建相配套的高通量发酵工艺开发。因此,亟需开发现代化、更高效的发酵优化方法。

随着大数据技术的不断进步,数据分析在各个领域扮演越来越重要的角色。时序数据分析在发酵过程优化中起着关键作用。发酵过程时序数据是指随着发酵时间变化而收集的表征发酵过程特征的各变量数据,它包含了发酵过程中各种特征参数随时间变化的信息,对时序数据进行建模和优化可以帮助研究人员深入理解发酵过程,并提高生产效率和产品质量。时序数据的建模优化方法多种多样,其中一种常用的方法是基于统计模型的方法。这种方法通过对时序数据进行统计分析,提取出数据的趋势、周期性和相关性等特征,构建相应的数学模型。对于时序数据而言,常用的统计模型包括自回归模型(autoressive model, AR)<sup>[3]</sup>、自回归移动平均(autoressive moving average, ARMA)<sup>[4]</sup>。随着大数据时代的到来,过程数据的数量和复杂性增加,使用上述相对简单的统计模型很难建立可靠的时序数据模型<sup>[5]</sup>。具有多个隐藏层的神经网络模型有效解决了这一难题,并将该模型应用于发酵工业过程的模型开发中<sup>[6-7]</sup>。然而,这些静态的神经网络模型不适合处理具有时间特征的数据,需要找到一种能够考虑时间序列特征和变量之间相关性的模型<sup>[8]</sup>。Chandra 等<sup>[9]</sup>讨论了 7 种不同神经网络模型在不同时序数据集上的预测效果,结果表明基于 RNN 的模型可以更好地针对时间序列数据进行建模,并有效地应用于发酵工业过程监控<sup>[10-11]</sup>。但是,上述模型仅实现了发酵过程的软测量,无法提供未来时间点的具体数值预测。实

现对未来时间点的发酵过程变量的准确预测,将有助于基于预测模型进行发酵过程的实时优化,从而减少发酵过程优化对专家经验的依赖,实现高效发酵工艺优化。

本文将多个分模型组合并利用各分模型的特点进行整合,以获得发酵过程时序数据的准确预测。Lu 等<sup>[12]</sup>将卷积神经网络(convolutional neural network, CNN)、双向长短期记忆网络(bidirectional long short-term memory, BiLSTM)、注意力机制(attention mechanism, AM)模型整合,实现对股票时序数据未来时间点的精准预测,本文借鉴这一方法并将其用于发酵工艺优化建模,旨在实现发酵产物浓度未来时间点的准确预测。

## 1 材料与方法

### 1.1 数据集

#### 1.1.1 仿真青霉素数据集

IndPenSim 是 Goldrick 等<sup>[13-14]</sup>开发的工业规模青霉素发酵动力学模型。在本研究中,使用 IndPenSim 生成的 30 批仿真青霉素数据集进行实验,其中 24 批作为训练集,4 批作为测试集,2 批作为验证集。表 1 展示了时间步为 0.2 h 的多步预测模型所需过程变量。表 1 中前 23 个变量作为模型的输入变量,青霉素质量浓度作为模型预测的输出变量。

#### 1.1.2 大肠杆菌产左旋多巴发酵过程数据集

左旋多巴数据集为大肠杆菌产左旋多巴的发酵过程数据集,共 7 批数据。在 7.5 L 生物反应器进行实验,通过数据采集技术,得到采样时间步为 1 min 的发酵过程融合数据,用于发酵过程多步预测模型的训练和验证。左旋多巴数据集中 5 批数据作为训练集,1 批数据作为测试集,1 批数据作为验证集。表 2 展示了模型所需的过程变量,表中前 16 个变量作为模型输入变量,左旋多巴质量浓度作为模型预测的输出变量。

表 1 工业青霉素发酵工艺的过程变量

Tab. 1 Process variables in industrial penicillin fermentation

编号	变量名	单位	编号	变量名	单位	编号	变量名	单位	编号	变量名	单位
1	通气量	L/h	7	加热水流量	L/h	13	体积	L	19	苯乙酸流量	L/h
2	转速	r/min	8	注入水流量	L/h	14	质量	kg	20	油流量	L/h
3	补糖速率	L/h	9	压力	bar	15	pH		21	氧气摄入速率	g/min
4	酸流量	L/h	10	泵流量	L/h	16	温度	K	22	尾气中氧气含量	%
5	碱流量	L/h	11	底物浓度	g/L	17	产热	kJ	23	二氧化碳释放速率	g/min
6	冷凝水流量	L/h	12	溶解氧	mg/L	18	尾气中二氧化碳含量	%	24	青霉素质量浓度	g/L

表 2 左旋多巴发酵工艺的过程变量

Tab. 2 Process variables in Dopa fermentation

编号	变量名	单位	编号	变量名	单位	编号	变量名	单位
1	转速	r/min	7	质量	kg	13	尾气中氧气体积分数	%
2	温度	℃	8	碱泵流速	%	14	尾气中氮气体积分数	%
3	通气量	L/min	9	空气中二氧化碳体积分数	%	15	氧气摄入速率	mmol/(L·h)
4	溶解氧	%	10	空气中氧气体积分数	%	16	二氧化碳消耗速率	mmol/(L·h)
5	pH		11	空气中氮气体积分数	%	17	左旋多巴质量浓度	g/L
6	补糖质量	kg	12	尾气中二氧化碳体积分数	%			

1.2 多步预测模型的构建

采用模型线性堆叠的方法构建基于 CNN-BiLSTM-AM 的发酵多步预测模型,用于对未来时间点的发酵过程变量进行预测,其结构图如图 1 所示。CNN 模块通过卷积操作对输入的数据进行特征提取,捕捉发酵过程中参数的变化趋势,从而更好地进行产物浓度或过程参数的预测。BiLSTM 模块用于对发酵过程中的时序数据进行建模,并通过双向的数据处理方式,提高模型的预测准确性。AM 模块则通过动态分配不同时间步上不同元素的权重,提升模型的

预测精度。

1.3 数据集的预处理

使用时间步数为  $T$  的滑动输入窗口对原始的发酵数据进行划分,假设当前时刻为  $t$ , 预测窗口的时间步数为  $h$ , 当前时刻的输入窗口内的过程变量数据  $\{X_{t-T+1}, X_{t-T+2}, \dots, X_t\}$  为输入  $I_t$ , 与之相邻的后  $h$  个时间步构成的输出窗口中的产物浓度  $\{y_{t+1}, \dots, y_{t+h}\}$  为输出  $O_t$ , 每组数据之间的间隔为 1 个时间步, 数据划分具体过程如图 2 所示。基于该方法对数据划分进行优化,从而实现发酵变量的多步预测。

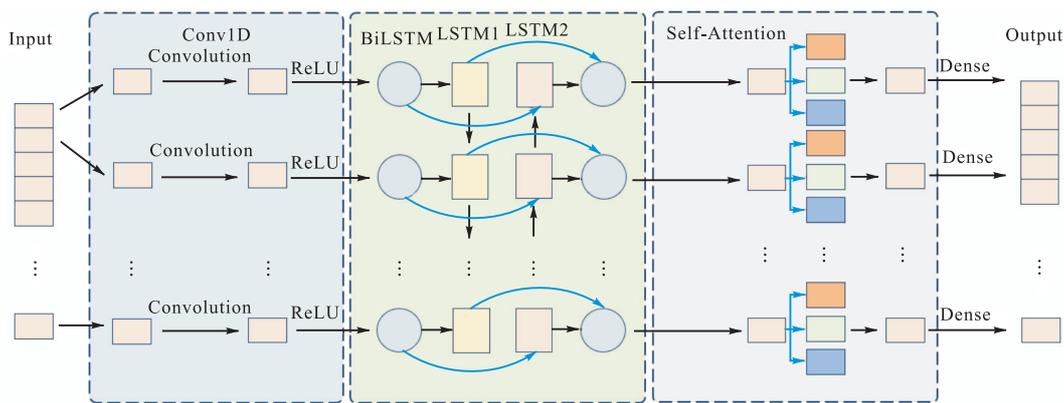


图 1 CNN-BiLSTM-AM 模型结构图

Fig. 1 Structure diagram of CNN-BiLSTM-AM model

1.4 模型的训练流程

基于 CNN-BiLSTM-AM 的多步预测模型训练流程图如图 3 所示, 经过上述训练流程后, 模型训练完成, 最后利用测试集的数据评估模型的预测效果。

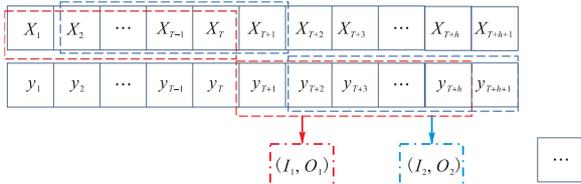
1.5 模型评价指标

为了评价模型的预测效果, 采用均方根误差 (RMSE, 用符号  $E_{RMS}$  表示) 和决定系数 ( $R^2$ ) 作为评价指标, 计算公式为

$$E_{\text{RMS}} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (\hat{y}_i - y_i)^2} \quad (1)$$

$$R^2 = 1 - \frac{\left( \sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2 \right) / n}{\left( \sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y}_i)^2 \right) / n} \quad (2)$$

其中:  $\hat{y}_i$  为模型的预测值,  $y_i$  为真实值,  $\bar{y}_i$  为平均值。  $R^2$  的取值范围为  $[0, 1]$ , 值越接近 1, 说明模型预测越准确。 RMSE 越小, 说明预测越准确。



注:红色虚线框为  $T$  时刻的模型输入与输出,分别为  $I_1$  和  $O_1$ ;蓝色虚线框为  $T+1$  时刻的输入与输出,分别为  $I_2$  和  $O_2$ 。

图 2 多步预测模型数据划分示意图

Fig. 2 Schematic diagram of data partitioning of multi-step prediction model

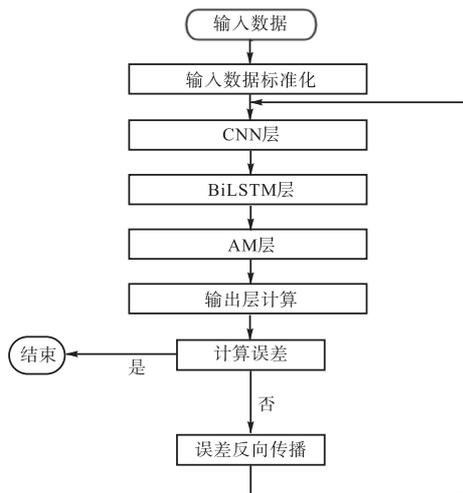


图 3 CNN-BiLSTM-AM 模型训练流程图

Fig. 3 Flow chart of CNN-BiLSTM-AM model training

## 1.6 运行环境

所有模型方法均使用 Python 语言和 Keras 框架实现,所有实验均在 Intel Core i7-12700H 2.3 GHz, Windows 11 的运行环境下进行。

## 2 结果与分析

### 2.1 整合模型的优化与验证

#### 2.1.1 整合模型超参数优化

为了增强整合模型捕获发酵数据集中多变量之间关系的能力,对其超参数(输入时间步长、卷积核数量、卷积核大小和 BiLSTM 单元数)进行优化。将

需要优化的超参数限制在给定空间(表 3),并在该空间内逐一匹配各参数的值进行训练,以获得最优组合。当优化某一参数时,其他超参数根据文献报道的超参数值及已优化完成的值进行设定<sup>[12]</sup>。通过在 10 个不同的时间步长下对模型预测结果的平均指标进行分析,发现输入时间步长、卷积核数量、卷积核大小和 BiLSTM 单元数分别为 20、64、1、64 时,模型的预测精度最高(图 4),其中  $R^2$  均值为 0.931, RMSE 均值为 0.245。

表 3 模型结构的超参数网格及最优值

Tab. 3 Hyperparameter types and optimal values for the model architecture

超参数	搜索空间	最优值
CNN 卷积核大小	{1, 2, 3}	1
CNN 卷积核数量	{32, 64, 128}	64
BiLSTM 单元数	{32, 64, 128}	64
输入时间步长	{10, 15, 20, 25, 30}	20

为了验证整合模型超参数优化的效果,对超参数优化前后的模型预测性能进行对比,结果如图 5 所示。整合模型经过超参数优化后,各时间步长的性能都有大幅提升,并且时间步长越大,提升越明显。该结果表明,整合模型的超参数优化有效提高了模型对发酵产物预测的精度。

#### 2.1.2 消融实验

为探究模型中各子模型对整体模型预测性能的影响,对模型进行消融实验。优化后的多步预测整合模型由 CNN、BiLSTM 和 AM 构成。因此,在消融实验的设计中,分别去掉 CNN 模块、AM 模块和 BiLSTM 的双向学习机制,选择 3 个不同的子模型组合 BiLSTM-AM、CNN-BiLSTM 和 CNN-LSTM-AM。同时,还考虑了预测窗口时间步数的影响,其中预测窗口时间步数选取 4 个,分别为 1、5、10、15。采用  $R^2$  和 RMSE 作为模型性能的评价指标,消融实验结果如图 6 所示。

由图 6 可知,整合模型移除了某个特定模块后,模型的性能都有所下降,表明 CNN 的特征提取、AM 的注意力计算和 BiLSTM 的双向机制对模型预测精度具有重要作用。在低目标时间步长 ( $T+1$ ) 的预测结果中,去除 CNN 模块的 BiLSTM-AM 模型预测精度最低,去除 AM 模块的 CNN-BiLSTM 模型预测精度最高,  $R^2$  分别为 0.933 和 0.953。这说明在低目标时间步长下,相较于 AM 的动态分配权重, CNN 的数据特征提取更为重要。在高目标时间步长 ( $T+15$ ) 的预测结果中,去除 AM 模块的 CNN-BiLSTM 模型预

测精度最低,而去除 CNN 模块的 BiLSTM-AM 模型预测精度最高,  $R^2$  分别为 0.883 和 0.895。这说明在高目标时间步长下, AM 模块的作用大于 CNN。在  $T+1$  和  $T+5$  两个较低目标时间步长下,去除双向机制的 CNN-LSTM-AM 模型性能没有明显改变。但是,在  $T+10$  和  $T+15$  两个较高目标时间步长下,双向机制表现出极为重要的作用,相较于整合模型,  $R^2$  分别

下降了 0.010 和 0.011。

综上所述,在预测较少步数下,整合模型的 CNN 模块更为重要;在预测较多步数下,整合模型的 AM 模块更为重要;相较于低目标时间步长, BiLSTM 的双向机制在较高的目标时间步长下更为重要。实验结果表明, CNN-BiLSTM-AM 模型的各个模块都不可或缺,且相互之间存在高度关联和依赖。

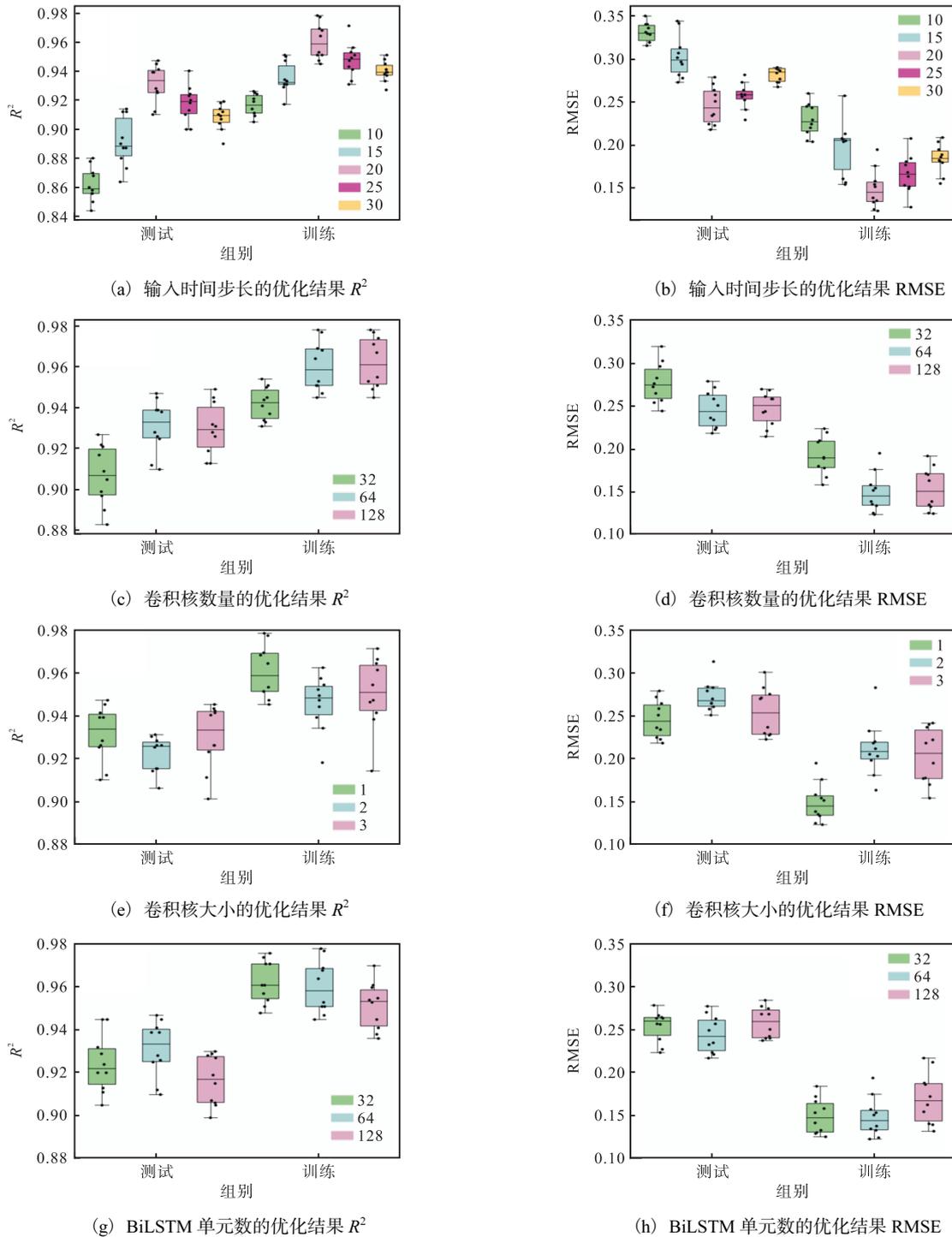


图 4 整合模型的超参数优化结果  
Fig. 4 Hyperparameter optimization results for integrated models

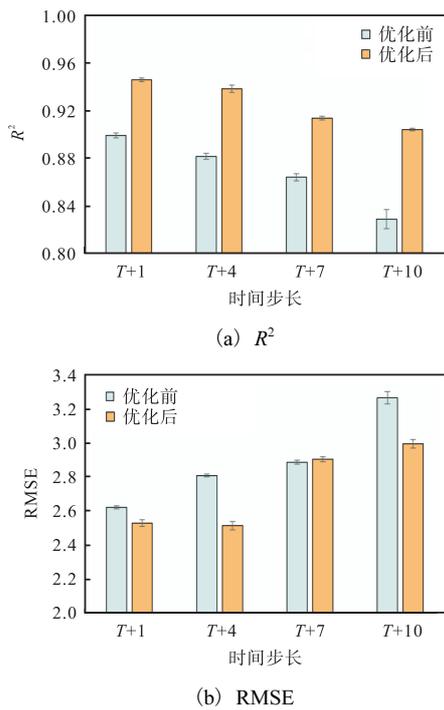


图5 整合模型优化前后结果

Fig. 5 Comparison of integrated model before and after optimization

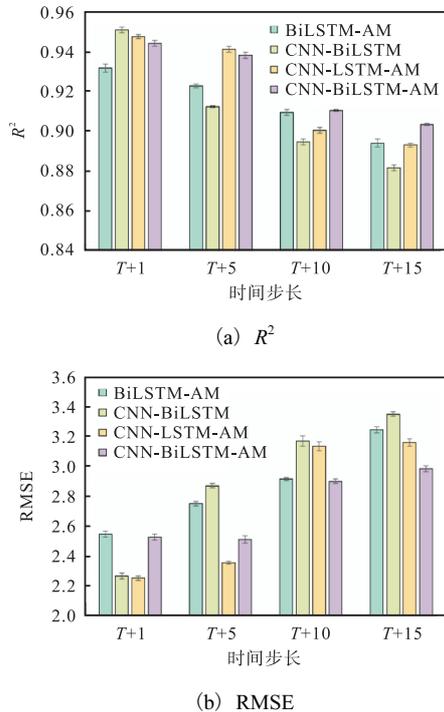


图6 模型消融实验结果

Fig. 6 Ablation experimental results of the model

### 2.1.3 整合模型与各分模型的对比

为了验证整合模型与各分模型相比是否具有更好的性能,分别单独使用 CNN、BiLSTM 和 AM 这 3 个分模型对仿真青霉素数据集进行多步预测,并对模

型的指标进行对比。表 4 给出了各分模型的详细超参数信息,使用  $R^2$  和 RMSE 作为模型指标进行评价,结果如图 7 所示。

表 4 各分模型的超参数信息

Tab. 4 Hyperparameter information of each sub models

模型	超参数名称	初设值
CNN	卷积核大小	1
	卷积核数量	64
	激活函数	ReLU
BiLSTM	单元	64
	激活函数	tanh and sigmoid
AM	激活函数	sigmoid
整合模型	优化器	Adam
	学习率	0.001
	批大小	64

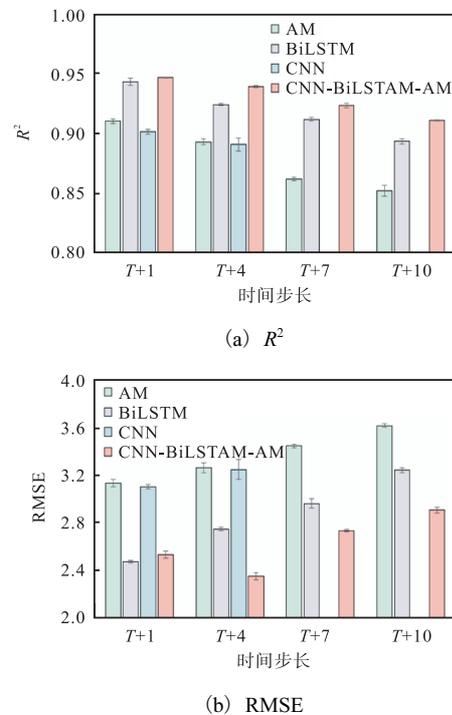


图7 各分模型在进行仿真青霉素数据集模拟的对比

Fig. 7 Comparison of various sub models in simulated penicillin dataset

由图 7 可知,AM 和 BiLSTM 在各个步长均具有成功拟合数据的能力,但 BiLSTM 可以考虑到发酵数据中的时间依赖性和长期依赖关系,因此对发酵过程时序数据预测而言,BiLSTM 模型效果远好于 AM 模型,各步长的  $R^2$  值分别高 0.033、0.031、0.050 和 0.041。CNN 模型只能提供特征提取的能力,在高步长下无法拟合数据。与 3 个分模型相比,CNN-BiLSTM-AM 整合模型具有更好的预测效果,这说明整合模型能够弥补各个分模型的不足,从而提高了模型的预测能力。

## 2.2 整合模型的应用

### 2.2.1 整合模型在仿真青霉素数据集中的预测结果

采用优化后的模型参数和公开的青霉素数据集对模型进行训练,并对产物青霉素质量浓度进行预

测。为了合理评估测试集的预测效果,采用4批数据进行测试,实验结果如图8所示。多步预测模型在仿真青霉素数据集的预测评价结果如图9所示。

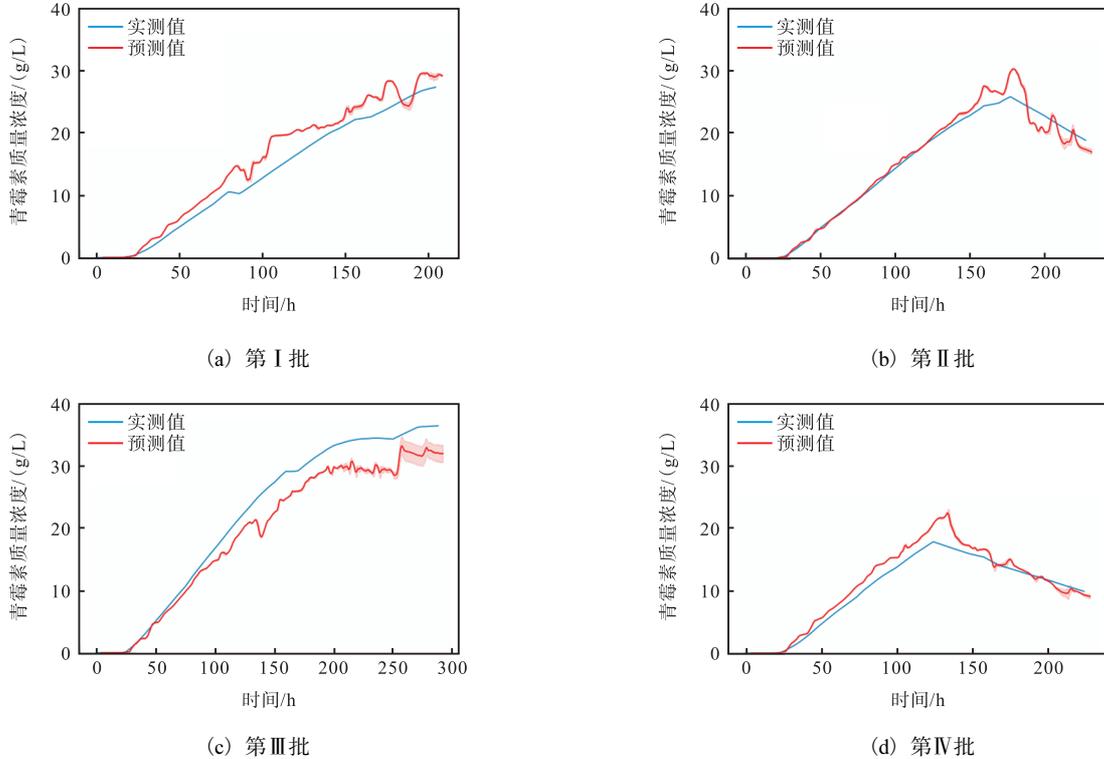


图8 多步预测模型在仿真青霉素数据集上  $T+10$  时间步长的4个发酵批次的预测效果

Fig. 8 Prediction performance of multi-step prediction model on four fermentation batches with  $T+10$  time step in simulated penicillin dataset

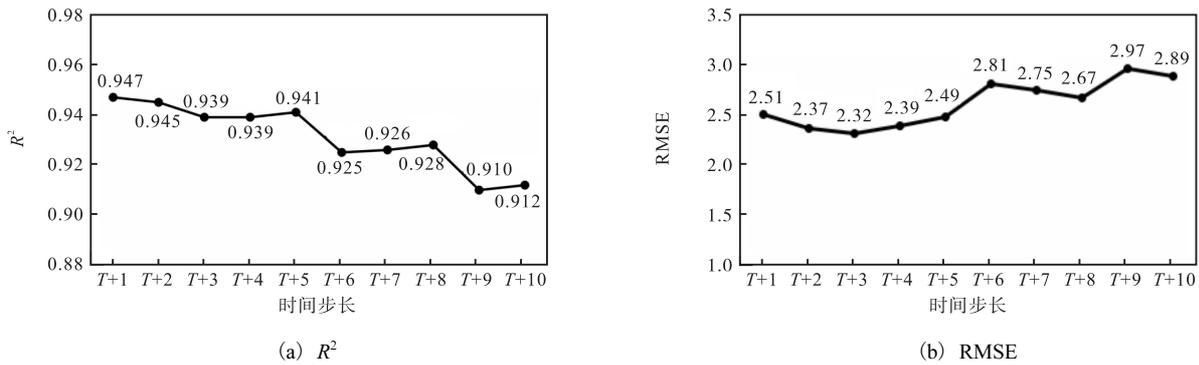


图9 多步预测模型在仿真青霉素数据集的预测评价结果

Fig. 9 Prediction evaluation indicators of multi-step prediction model in simulated penicillin dataset

由图8可以看出,该模型在4批不同的发酵数据上预测效果较为稳定,并展现出较高的  $R^2$  以及较低的 RMSE。根据评价指标还可以发现(图9),随着模型目标时间步长的增加,模型的  $R^2$  逐渐降低, RMSE 逐渐上升,预测效果逐渐变差。这是因为随着目标时间步长增加,模型需要预测更远的未来数据点,这就涉及更多的不确定性,模型的复杂度也随之提高,使

模型的预测变得更加困难。总体分析,模型对10个时间步的预测仍具有较好的准确性,其中  $R^2$  均值为0.931, RMSE 为2.617。

### 2.2.2 整合模型在左旋多巴数据集中的预测效果

为了验证 CNN-BiLSTM-AM 模型在真实发酵数据上的有效性,采用优化后的模型参数和左旋多巴数据集对模型进行训练并测试,最终对产物左旋多巴质

量浓度进行预测,结果如图 10 所示,预测评价结果如图 11 所示。

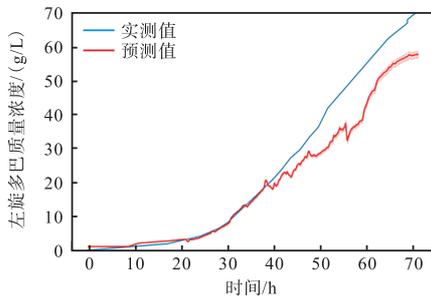


图 10 多步预测模型在左旋多巴数据集中  $T+10$  的预测结果  
Fig. 10 Prediction results of multi-step prediction model at  $T+10$  time-step in Dopa dataset

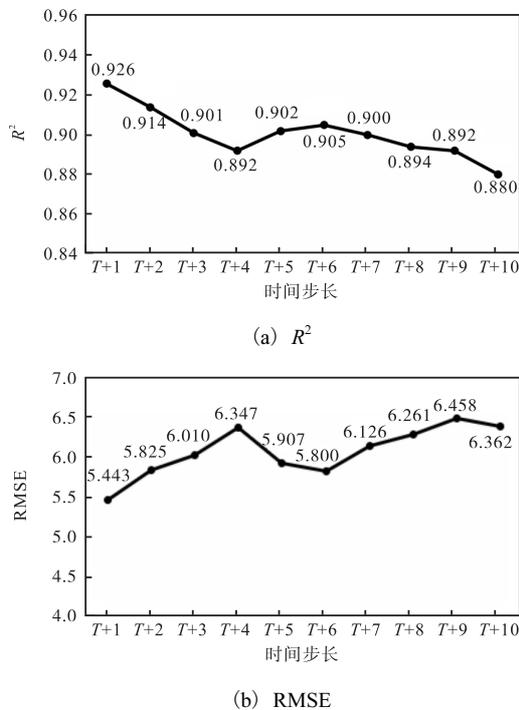


图 11 多步预测模型在左旋多巴数据集的预测评价结果  
Fig. 11 Prediction evaluation indicators of multi-step prediction model in Dopa dataset

该模型基于左旋多巴发酵数据的过程变量对未来时间点的左旋多巴质量浓度进行多步预测,预测效果较好且不存在过拟合现象,10 个步长的  $R^2$  均值为 0.901, RMSE 为 6.025。CNN-BiLSTM-AM 模型不仅在仿真数据集上实现了有效的多步预测,而且在数据质量较低、样本数量有限(仅 7 批)的真实数据集上也能成功拟合数据,显示出其在小样本发酵数据集上的应用潜力和良好的多步预测性能。随着模型预测目标时间步长的增加,其预测准确性逐渐降低。基于智能化模型的预测让发酵工作人员可以更加便捷地预判未来产物浓度的趋势,从而对发酵过程进行快速

调控。

### 2.3 整合模型的对比

为了全面评估该模型的性能,将其与 Seq2Seq 模型进行比较分析,Seq2Seq 的超参数信息见表 5。采用左旋多巴数据集进行训练并测试,并选择目标时间步长为[1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10],对产物左旋多巴质量浓度进行预测,用  $R^2$  和 RMSE 作为模型性能的评价指标,结果如图 12 所示。

表 5 Seq2Seq 模型的超参数信息

Tab. 5 Hyperparameter information of Seq2Seq model

超参数	初设值
编码器-LSTM 单元	64
解码器-LSTM 单元	64
激活函数	ReLU
优化器	Adam
学习率	0.001
批大小	64

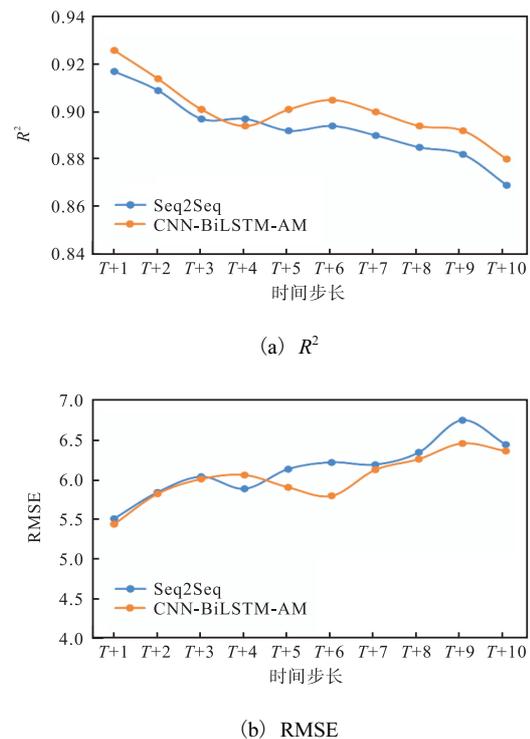


图 12 CNN-BiLSTM-AM 与 Seq2Seq 模型性能对比图  
Fig. 12 Comparison of performance between CNN-BiLSTM-AM and Seq2Seq models

Seq2Seq 模型在左旋多巴数据集有着较好的多步预测效果,在 10 个不同预测时间步数下,测试集的  $R^2$ 、RMSE 平均值分别为 0.893 和 6.137。然而,与 Seq2Seq 模型相比,几乎在所有时间步长下, CNN-BiLSTM-AM 模型都有更好的预测效果,  $R^2$  和 RMSE 平均值分别提高 0.008、0.110。这表明 CNN-BiLSTM-AM 模型在发酵预测方面具有优势。

### 3 结论与展望

本研究将一种基于 CNN-BiLSTM-AM 的模型方法用于发酵工艺过程中产物的多步提前预测。首先,使用滑动窗口法对发酵数据进行划分,生成输入-输出数据对,使模型可以对未来时间点的产物质量浓度进行预测。其次,采用仿真青霉素数据集探究整合模型结构的超参数对预测性能的影响。结果显示,当输入时间步长、卷积核数量、卷积核大小和双向长短期记忆网络单元数分别为 20、64、1、64 时,整合模型的预测精度最高,其中  $R^2$  均值为 0.931, RMSE 均值为 2.617。对整合模型进行超参数优化后,模型的性能得到了明显的提升。最后,将优化后的整合模型应用于真实发酵数据集并评估预测效果。结果显示,该模型在真实数据集中也能够准确地提前预测多步发酵过程中产物质量浓度的变化,  $R^2 > 0.88$ 。通常当  $R^2 > 0.7$  时,人工智能预测被认为是准确的。这进一步证明了该模型在发酵过程工艺优化和控制中的可行性。

在发酵过程的智能化预测领域中,本研究构建的 CNN-BiLSTM-AM 多步预测模型在预测 10 个时间步长时展现出了较好的性能。尽管如此,深度学习模型因其“黑箱”特性而广受诟病,理解模型的决策过程对于确保生产安全和优化工艺至关重要<sup>[15]</sup>。此外,模型的复杂性导致了较高的计算成本和较长的训练时间,以及对大量数据的依赖,这些因素可能会限制模型在工业发酵领域的应用<sup>[16-18]</sup>。未来的研究可以探索构建一个能够适应多种菌种的通用预测模型,或者构建发酵过程的知识图谱,以增强模型的泛化能力和适应性<sup>[1]</sup>。这将有助于提升模型的可解释性,降低对数据的依赖,缩短训练周期,从而使模型更加高效和实用。

#### 参考文献:

- [1] 夏建业,刘晶,庄英萍. 人工智能时代发酵优化与放大技术的机遇与挑战[J]. 生物工程学报,2022,38(11): 4180-4199.
- [2] CHAI W Y, TEO K T K, TAN M K, et al. Fermentation process control and optimization[J]. Chemical engineering & technology, 2022, 45(10): 1731-1747.
- [3] GEORGIEV T, RATKOV A. Mathematical modelling of fed-batch fermentation processes for amino acid production[J]. Mathematics and computers in simulation, 1997, 44(3): 271-285.
- [4] WARNES M R, GLASSEY J, MONTAGUE G A, et al. On data-based modelling techniques for fermentation processes[J]. Process biochemistry, 1996, 31(2): 147-155.
- [5] DU S, LI T, YANG Y, et al. An LSTM based encoder-decoder model for MultiStep traffic flow prediction [C]//IEEE. 2019 International Joint Conference on Neural Networks (IJCNN). New York: IEEE, 2019: 1-8.
- [6] GRAHOVAC J, JOKIC A, DOCID J, et al. Modelling and prediction of bioethanol production from intermediates and byproduct of sugar beet processing using neural networks[J]. Renewable energy, 2016, 85: 953-958.
- [7] DEL RIO-CHANONA E A, MANIRAFASHA E, ZHANG D, et al. Dynamic modeling and optimization of cyanobacterial C-phycoyanin production process by artificial neural network[J]. Algal research, 2016, 13: 7-15.
- [8] KE W, HUANG D, YANG F, et al. Soft sensor development and applications based on LSTM in deep neural networks[C]//IEEE. 2017 IEEE Symposium Series on Computational Intelligence (SSCI). Honolulu: IEEE Computer Society, 2017: 1-6.
- [9] CHANDIA R, GOYAL S, GUPTA R. Evaluation of deep learning models for multi-step ahead time series prediction[J]. IEEE Access, 2021, 9: 83105-83123.
- [10] JI C, MA F, WANG J, et al. Profitability related industrial-scale batch processes monitoring via deep learning based soft sensor development[J]. Computers & chemical engineering, 2023, 170: 108125.
- [11] PETSAGKOURAKIS P, SANDOVAL I O, BRADFORD E, et al. Reinforcement learning for batch bioprocess optimization[J]. Computers & chemical engineering, 2020, 133: 106649.
- [12] LU W, LI J, WANG J, et al. A CNN-BiLSTM-AM method for stock price prediction[J]. Neural computing and applications, 2021, 33(10): 4741-4753.
- [13] GOLDRICK S, DURAN-VILLALOBOS C A, JANKAUSKAS K, et al. Modern day monitoring and control challenges outlined on an industrial-scale benchmark fermentation process[J]. Computers & chemical engineering, 2019, 130: 106471.
- [14] BIROL G, ÜNDEY C, CINAR A. A modular simulation package for fed-batch fermentation: penicillin production

(下转第 60 页)

- 19.
- [25] ZHANG W, WONG K W, YU H, et al. An image encryption scheme using reverse 2-dimensional chaotic map and dependent diffusion[J]. Communications in nonlinear science and numerical simulation, 2013, 18(8): 2066–2080.
- [26] REHMAN A U, LIAO X F, ASHRAF R, et al. A color image encryption technique using exclusive-OR with DNA complementary rules based on chaos theory and SHA-2[J]. Optik, 2018, 159: 348–367.
- [27] ÖZKAYNAK F, YAVUZ S. Analysis and improvement of a novel image fusion encryption algorithm based on DNA sequence operation and hyper-chaotic system[J]. Nonlinear dynamics, 2014, 78: 1311–1320.
- [28] BELAZI A, EL-LATIF A A A, BELGHITH S. A novel image encryption scheme based on substitution-permutation network and chaos[J]. Signal processing, 2016, 128: 155–170.
- [29] CHAI X L, CHEN Y R, BROYDE L. A novel chaos-based image encryption algorithm using DNA sequence operations[J]. Optics and lasers in engineering, 2017, 88: 197–213.

责任编辑: 周建军

(上接第 28 页)

- [J]. Computers & chemical engineering, 2002, 26(11): 1553–1565.
- [15] XUA B, YANG G. Interpretability research of deep learning: a literature survey[J]. Information fusion, 2024, 115: 102721.
- [16] HUANG J C, GUO Q, LI X H, et al. A comprehensive review on the application of neural network model in microbial fermentation[J]. Bioresource technology, 2024, 416: 131801.
- [17] ZHANG Q, YANG L T, CHEN Z, et al. A survey on deep learning for big data[J]. Information fusion, 2018, 42: 146–157.
- [18] HU X, CHU L, PEI J, et al. Model complexity of deep learning: a survey[J]. Knowledge and information systems, 2021, 63: 2585–2619.

责任编辑: 郎婧

(上接第 36 页)

- sensors & bioelectronics, 2022, 201: 113891.
- [28] WANG C, ZHU K, SHI P, et al. Rapid and label-free detection of aflatoxin B1 using a rationally truncated aptamer and via circular dichroism measurement[J]. Chemical communications, 2022, 58(3): 4779–4782.
- [29] HE J, LI G, HU Y. Aptamer-involved fluorescence amplification strategy facilitated by directional enzymatic hydrolysis for bioassays based on a metal-organic framework platform: highly selective and sensitive determination of thrombin and oxytetracycline[J]. Microchimica acta, 2017, 184(7): 2365–2373.
- [30] WU Y, HAN J, XUE P, et al. Nano metal-organic framework(NMOF)-based strategies for multiplexed microRNA detection in solution and living cancer cells[J]. Nanoscale, 2015, 7(5): 1753–1759.
- [31] GUO J, LIU D, YANG Z, et al. A photoelectrochemical biosensor for rapid and ultrasensitive norovirus detection[J]. Bioelectrochemistry, 2020, 136: 107591.
- [32] HEO N S, OH S Y, RYU M Y, et al. Affinity peptide-guided plasmonic biosensor for detection of noroviral protein and human norovirus[J]. Biotechnology and bioprocess engineering, 2019, 24(2): 318–325.
- [33] 曲莉, 王洪艳, 李环, 等. 常规 RT-PCR 快速检测诺如病毒方法的建立[J]. 北华大学学报(自然科学版), 2020, 21(2): 188–190.
- [34] 魏海燕, 曾静, 马丹, 等. 实时 RT-LAMP 与实时荧光 RT-PCR 检测贝类中 G II 型诺如病毒的研究[J]. 检验检疫学刊, 2013, 23(3): 49–53.
- [35] 高珺珊, 薛亮, 左月婷, 等. 诺如病毒常见流行株胶体金免疫层析快速检测方法[J]. 微生物学通报, 2020, 47(8): 2665–2672.

责任编辑: 郎婧