

啤酒发酵过程建模研究综述

张彦青¹, 张国正², 郑 昕³, 张五九¹

(1. 中国食品发酵工业研究院, 北京 100027; 2. 深圳金威啤酒酿造有限公司, 广东 深圳 518101;

3. 深圳金威啤酒有限公司, 广东 深圳 518019)

摘 要: 简述了啤酒发酵过程建模的研究进展, 详述了常见的 3 种建模方法及在啤酒发酵方面的应用, 并比较了 3 种方法的特点。

关键词: 啤酒; 发酵; 模型

中图分类号: TS262.5; TS261.4; TP27

文献标识码: A

文章编号: 1001- 9286(2008)04- 0098- 03

Review of Modelling of Beer Fermentation Process

ZHANG Yan-qing¹, ZHANG Guo-zheng², ZHENG Xin³ and ZHANG Wu-jiu¹

(1. China National Research Institute of Food and Fermentation Industry, Beijing 100027; 2. Shenzhen Kingway Brewery Co. Ltd., Shenzhen, Guangdong 518101; 3. Shenzhen Kingway Beer Co. Ltd., Shenzhen 518019)

Abstract: The research progress in modelling of beer fermentation process was introduced. The three common modelling methods and their utilization in beer fermentation field were illustrated. Besides, the characteristics of the three methods were compared.

Key words: beer; fermentation; model

啤酒发酵过程是一个非常复杂的非线性过程, 模型的输入和输出都是呈多变量特点, 优化目标也不是单一指标, 而要综合考虑全局指标。影响啤酒发酵的因素很多, 如麦汁组分、酵母活力、麦汁充氧、发酵过程参数控制等。如果都考虑这些影响因素, 则模型的输入端少则也有几百个变量。影响啤酒品质的因素也呈现相同的特点, 品质优秀的啤酒需要每个指标都恰到好处, 达到协调。因此, 啤酒发酵建模的难度较大, 形式复杂。总体来讲, 啤酒发酵模型可以分为 3 大类型: 结构模型、非结构模型(经验模型)和“黑箱”模型。还有一些学者运用以上 3 种基本模型进行混合建模。

1 啤酒发酵过程建模进展

人们对啤酒发酵过程动力学的研究进行了多年, 取得了卓有成效的工作。1994 年 Douglas A Gee 在已知酵母生化代谢途径的基础上建立了一个啤酒发酵模型。这个模型可以分解为一个生长模型、一个氨基酸模型和一个风味模型。此研究的特色是充分考虑了啤酒发酵过程的生化知识, 但模型的形式比较复杂, 对于优化控制比较困难^[1]。1998 年, B. de Andr s-Toro 等人建立了一组模型方程, 其先在实验室规模上恒温发酵, 建立模型参数与温度的方程(热力学方程), 然后按照大生产工艺条件进行小试实验, 最后运用非线性回归的方法建立过程

模型^[2]。2001 年, G. E. Carrillo-Ureta 等人选择了一个动力学模型来进行过程的部分模拟和优化, 这个模型由 Andr s-Toro 等人于 1998 年提出和发表, 它是在实验室经过多次研究后得出的。此模型显示了较好的分析结果, 值得注意的是它考虑了发酵过程的真实情况, 例如麦汁和酵母特性。然后作者用遗传算法来优化这组模型方程。整个优化过程的价值函数包含了乙醇、乙酸乙酯、双乙酰的含量及过程温度的限制, 最终得到了一条优化后的发酵过程升温曲线^[3]。2003 年, R. Alex Speers 等人建立了一个大生产啤酒发酵的非线性模型, 该模型在跟踪了 7 个不同发酵条件的发酵过程并且记录了 5 个发酵过程参数包括麦汁浓度、时间、麦汁体积、酵母添加量、酵母代数和发酵温度后, 最后建立了一个非线性回归方程, 并且用此方程来评估发酵性能^[4]。2003 年, 法国的 Ioan Cristian Trelea 等人以缩短啤酒发酵周期为目的优化了啤酒发酵中风味物质的产生量, 他们所考虑的啤酒风味物质主要有 2 个高级醇(异戊醇、苯乙醇)、3 个酯(乙酸乙酯、己酸乙酯、乙酸异戊酯)和 1 个联二酮(双乙酰)。在 9 次实验室规模实验的基础上, 以最终风味成分作为评价指标, 当用所建立的模型优化发酵工艺后, 在取得相同风味物质的情况下, 优化后工艺比优化前工艺发酵时间缩短了 40 h 以上^[5]。

人们对啤酒发酵过程动力学研究多集中在小试规

收稿日期: 2008- 01- 14

作者简介: 张彦青(1980-), 男, 工程师, 在读博士, 中国食品发酵工业研究院酿酒部中心主任。

模实验基础上, 模型一般分为结构模型和非结构模型, 即考虑了微生物发酵过程特点的模型和单纯用数据来拟合的模型。相对来讲, 这些模型的形式都很复杂, 涉及的参数很多, 优化过程比较麻烦。一般采取的优化步骤是在恒温发酵的条件下根据热力学 Arrhenius 方程建立参数与温度的关系, 最终得到一条优化温度曲线。

神经网络以其良好的非线性拟合能力和预测能力, 在 20 世纪 90 年代就被应用到啤酒发酵过程建模的各个方面。1993 年, 加拿大的 Tony D Amore 等人建立了 1 个 3-3-7 结构神经网络, 用来预测发酵过程中乙醇的浓度。模型的 3 个输入神经元为氨基氮浓度、起始氧浓度和起始活细胞数, 7 个输出神经元为发酵间隔 24 h 的乙醇浓度, 直至发酵第 7 天。他们还建立了 1 个 8-3-7 结构神经网络, 用来预测发酵过程中 SO_2 的浓度。8 个输入神经元为自由氨基氮浓度、起始氧浓度、活细胞数、起始 DMS 和 SO_2 浓度、麦芽糖和麦芽三糖浓度、麦汁浓度。7 个输出神经元为发酵间隔 24 h 的 SO_2 浓度, 直至发酵第 7 天。网络用 18 组“输入”、“输出”数据训练^[6]。1999 年, 法国的 I.C.Trelea 等人在发酵动力学基础上建立了 1 个只有 2 个输入的神经网络模型, 用来在线预测发酵过程中产生的 CO_2 量^[7]。2000 年, 巴西的 L. F. M. Zorzetto 等人在建立完全“黑箱”模型和微生物生长速率模型的基础上, 建立了一个混合模型。混合模型能够更加准确地描述过程特点^[8]。2001 年, 法国的 Ioan Cristian Trelea 等人研究了实验室基础上的 3 种动力学模型: 发酵过程生物学基础上的知识模型, 实验数据曲线基础上的经验模型和人工神经网络基础上的黑箱模型。在神经网络模型研究中, 有 4 个网络输入, 分别是初始总 CO_2 中释放的部分、初始麦汁温度、初始酵母浓度和初始压力。中间层有 3 个神经元, 输出函数为 sigmoid 函数。函数预测的是一段时期之后 CO_2 的释放量, 训练网络的时间间隔是 5 h^[9]。2001 年, 芬兰的 Jermu Pollanen 等人利用神经网络建立模型开发了 1 个能预测发酵时间的系统, 其平均误差为 10%, 能够提前发现将要出现的问题。他们设计了前向反馈神经网络。网络结构为输入层 12 个单元, 其中有 7 个在每批发酵过程中是固定的, 它们是原料性质、酵母活力和代数、罐容量。剩下的 5 个随发酵时间的变化而变化, 它们包括发酵时间、测定的平均发酵速度、比重、取样时间与间隔时间差。中间隐含层为 6 个单元。输出层为 1 单元, 为每一个间隔时间的比重。采用 36 个训练样本, 训练方法为 BP 算法^[10]。此研究的特点是直接利用大生产数据, 因此有较好的生产实用性。

2 3种基本模型及其在啤酒发酵建模过程中的应用

2.1 结构模型

Douglas A Gee 在 1994 年建立了一个生长模型, 此模型充分考虑了酵母生化代谢途径, 但模型的形式比较复杂, 属于典型的结构模型^[1]。由试验得到了精确的模型参数。结果证明, 此模型比较精确地描述了分批啤酒发酵的动力学特征。生长模型分为两个方面: 糖消耗模型和氨基酸消耗模型。

2.1.1 糖消耗模型

葡萄糖:

$$\frac{dG}{dt} = -\mu_1 X \quad (1)$$

麦芽糖:

$$\frac{dM}{dt} = -\mu_2 X \quad (2)$$

麦芽三糖:

$$\frac{dN}{dt} = -\mu_3 X \quad (3)$$

比生长速率为:

$$\mu_1 = \frac{\mu_G G}{K_G + G} \quad (4)$$

$$\mu_2 = \frac{\mu_M M}{K_M + M} \times \frac{K'_G}{K'_G + G} \quad (5)$$

$$\mu_3 = \frac{\mu_N N}{K_N + N} \times \frac{K'_G}{K'_G + G} \times \frac{K'_M}{K'_M + M} \quad (6)$$

温度对比生长速率的影响由下式给出:

$$\mu_i = \mu_{i0} \exp[-E_{\mu_i}/RT^2], \quad i=G, M, N \quad (7)$$

$$K_i = K_{i0} \exp[-E_{K_i}/RT^2], \quad i=G, M, N \quad (8)$$

$$K'_i = K'_{i0} \exp[-E_{K'_i}/RT^2], \quad i=G, M \quad (9)$$

生物量生成量:

$$\frac{dX}{dt} = \mu_X X \quad (10)$$

这里:

$$\mu_X = [Y_{XG}\mu_1 + Y_{XM}\mu_2 + Y_{XN}\mu_3] \quad (11)$$

乙醇生成量:

$$E = E_0 + Y_{EG}(G_0 - G) + Y_{EM}(M_0 - M) + Y_{EN}(N_0 - N) \quad (12)$$

温度:

$$\frac{dT}{dt} = \frac{1}{\rho C_p} [-X(H_{FG}\mu_1 + H_{FM}\mu_2 + H_{FN}\mu_3) - \mu(T - T_c)] \quad (13)$$

2.1.2 氨基酸消耗模型

酵母细胞吸收氨基酸的主要用途是合成结构和功能蛋白。细胞生长速度越快, 需要的氨基酸也越多。因此, 酵母吸收氨基酸的速度在模型中是与酵母生长速度成正比的。但是酵母生长速度受到培养基中氨基酸量的限制。速度表达式为:

$$\frac{d[AA]}{dt} = -Y_{AA/X} \frac{[AA]}{K_{AA} + [AA]} \times \frac{dX}{dt} \quad (14)$$

发酵初期对氨基酸的吸收有一个延迟期, 可能原因

是转移氨基酸通过细胞膜的酶在发酵初期细胞中的含量还没有达到一定量。由于对于每一组数据它的延迟时间是相对固定的,在建立模型时把它作为顺序为第一的指数延迟期,它的时间常数在每次发酵中都是相同的。

3 种要考虑的氨基酸为亮氨酸(L)、异亮氨酸(I)和缬氨酸(V)。这 3 种氨基酸的模型方程为:

$$\frac{dL}{dt} = -Y_{LX} \frac{dX}{dt} \times \frac{L}{K_L + L} D \quad (15)$$

$$\frac{dI}{dt} = -Y_{IX} \frac{dX}{dt} \times \frac{I}{K_I + I} D \quad (16)$$

$$\frac{dV}{dt} = -Y_{VX} \frac{dX}{dt} \times \frac{V}{K_V + V} D \quad (17)$$

这里:

$$D = 1 - e^{-1/\tau_d} \quad (18)$$

为了得到数据来拟合啤酒发酵模型,进行了 3 次分批发酵实验。每次发酵的麦汁浓度都不相同,发酵温度为 10.5、12 和 14.5,每 12 h 记录温度数据。最后证明,建立的啤酒发酵结构模型能精确地描述糖和氨基酸的吸收。这个模型可以用来预测发酵过程中发酵度的变化,进行在线估计和控制研究,以及过程优化研究等。

2.2 非结构模型 经验模型

R. Alex Speers 等人利用 Gompertz 设计的微生物生长预测模型来构建啤酒发酵过程中糖度下降模型^[4]。Gompertz 基础模型是:

$$N_t = N_{\infty} \times \exp\{-\exp[B \times (t - M)]\} \quad (19)$$

N_t 表示任何时间 t 发酵液总体密度, B 表示绝对生长速度达到最大时间即 M 时间的生长速度。一个对这个模型的改进模型是:

$$\text{Log}(N_t) = N_0 + D \exp\{1 + \exp[-B \times (t - M)]\} \quad (20)$$

N_0 表示起始时间发酵液总体密度, D 表示 N_0 和 N_t 之间的对数循环次数, B 表示指数生长速度达到最大时间,即 M 时间的生长速度。第 3 个被普遍接受的微生物生长模型是对数模型:

$$N_t = N_0 + D / \{1 + \exp[-B \times (t - M)]\} \quad (21)$$

这些模型的适用性可以直接用发酵过程中的总酵母数来验证,也可以改变成下面的半经验模型:

$$P_t = P_{\infty} \times \exp\{-\exp[B \times (t - M)]\} \quad (22)$$

$$\text{Log}(P_t) = P_{\infty} + PD \exp\{1 + \exp[-B \times (t - M)]\} \quad (23)$$

$$P_t = P_0 / \{1 + \exp[-B \times (t - M)]\} + P_{\infty} \quad (24)$$

P_0 表示发酵过程中发酵液浓度的变化, P_t 和 P_{∞} 分别表示 t 时间和发酵达到平衡时的发酵液浓度。

根据大生产发酵过程的实际实验数据,估计模型的有关参数(P_0 、 P_{∞} 、 D 和 M)。由此可以得到发酵麦汁糖度随时间下降的对数曲线,并得到了 95 % 的置信区间。预测区间使得我们评估整个发酵过程,看看是否超出了期望范围,找出潜在问题。这样能为整个发酵过程提供决策。例如该技术可以用来在新品种发酵或高浓发酵

时,决定酵母的使用量。

该技术还可以用来估计由麦汁引起的早期酵母絮凝趋势。目前,被怀疑麦汁通过小试发酵,观察发酵降糖曲线,因而得不到精确的分析结果,但由麦汁糖度值随时间的变化曲线模型可以得到较精确的由麦汁引起的早期酵母絮凝趋势。

这个模型还可以用来作为衡量酵母活力很好的标准。酵母活力的最终检验是其发酵麦汁的能力。该模型能够准确描述和测量任何发酵过程中的变化,所以它可以衡量任何酵母活力的变化。

2.3 “黑箱”模型

“黑箱”模型仅仅根据输入值和输出值建立模型,一般以神经网络等手段建立模型。此类模型不考虑发酵过程的具体细节。下面以本人建立的预测发酵过程发酵度变化情况的模型来说明这类建模的特点^[14]。

2.3.1 发酵度模型的建立

啤酒发酵过程是一个复杂的生化反应过程,根据麦汁指标与发酵度相关性分析结果,选取主要影响因素建立神经网络模型,5 个输入神经元为原麦汁浓度、麦汁麦芽糖浓度、麦汁总氨基酸量、酵母代数和接种量。7 个输出神经元为发酵间隔 24 h 发酵度,直至发酵第 7 天。所用网络的拓扑结构为单隐含层,活化函数选择常用的 sigmoid 函数,学习算法为 BP 算法。

考虑到隐含层结点个数、学习速率、动量因子等对网络的协同作用,为了减少训练次数,采用均匀表安排训练网络,得出的最佳组合为网络的隐层含 3 个神经元,学习速率为 0.003,动量因子为 0.4。网络的目标值达到 0.5 时结束。

2.3.2 发酵度模型的仿真和预测

任取用于网络训练的 5 组数据进行仿真。由仿真结果可看出,第 1 天、第 2 天发酵度仿真的相对误差较大,为 8.94 %,其余的都较小,最大相对误差不超过 1.76 %。这说明从整体上看模型较好地拟合了数据。

神经网络的功能就是预测输出,为了检验上述模型的预测能力,选定了 2 组未参加训练的数据来预测其输出,并于真实实验数据做对比。由预测结果可以看出,模型能够比较准确地根据初始条件预测 7 d 的发酵度。

3 3 种基本模型在啤酒发酵过程中建模比较

Ioan Cristian Trelea 等人研究了发酵过程生物学知识基础上的结构模型、实验曲线基础上的经验模型和人工神经网络基础上的黑箱模型在啤酒发酵过程中的建模情况^[9]。模型考虑了发酵温度、罐压和起始酵母浓度,预测了麦汁密度、残糖浓度、乙醇浓度和 CO_2 释放。模型在以下几个方面进行了比较:预测精度、鲁棒性、推广能

(下转第 104 页)

2.3 气相色谱检测促进剂中的挥发酸

通过促进剂的峰谱与标准酸峰谱的比较可知, 促进剂中主要含有乳酸。根据面积内标法得出促进剂中乳酸含量。当 pH 值为 5.5 时,乳酸含量为 0.15 mg/mL。

2.4 乳酸菌鉴定

根据其生理生化特征和 16S 序列分析, 确定该乳酸菌为乳杆菌属(*Lactobacillus* sp.)。

3 结论

该沼气发酵促进剂能够使沼气池在偏低温条件下的沼气产量明显增加, 对厌氧消化的促进作用明显, 具有推广应用的潜力。当然, 促进剂要产生效果必须满足一些基本的前提条件。例如, 使用本产品前沼气池中沼气发酵菌的生理状态必须正常, 促进剂对“酸中毒”的沼气池无法产生作用。另外, 使用过程中用户必须保证对气池进行有效的管理, 包括原料的正常添加等等。

该促进剂的缺点是作用时间不够长, 只有 1 个月左右。另外, 该菌剂的作用机理尚不明确, 有待进一步研究。

致谢: 本研究项目得到泸州老窖股份公司和四川省农村能源办公室支持。

参考文献:

- [1] 中华人民共和国农业部.全国农村沼气工程建设规划 (2006- 2010 年)[EB/OL]. (2007- 03)[2007- 05- 20].http://www.agri.gov.cn/xztz/P020070418570346665578.doc
- [2] 刘树民,韩靖玉,岳海军.中国北方寒冷地区沼气的综合开发利用[J].内蒙古农业大学学报,2002, 23(4): 84- 56.
- [3] 刘英,胡启春, 吴力斌.世界沼气技术研究与应用进展简述[J].中国沼气,2003, 21: 86- 90.
- [4] 赵斌, 何绍江.微生物学实验[M]. 北京: 科学出版社,2002. 258- 259.
- [5] 张无敌,宋洪川.实验型水压式厌氧消化装置[P].中国专利: ZL00244796.7, 2001- 11- 21.
- [6] 张无敌.沼气发酵残留物利用基础[M].昆明: 云南科技出版社,2002.86- 92.
- [7] 江蕴华,余晓华.利用火焰颜色判断沼气中甲烷含量[J]. 中国沼气,1983,(3): 28.
- [8] 胡家元.气相色谱法测定饮料酒中的低沸点有机酸[J].分析测试通报,1992,11(5): 88- 89.
- [9] Wen-xue Zhang , Zong-wei Qiao, Toru Shigematsu etc. Analysis of the bacterial community in zaopei during production of Chinese luzhou-flavor liquor [J].Journal of the Institute of Brewing.,2005, 111(2): 217.

10.13333/j.cnki.jn.2008.04.014

(上接第 100 页)

力(内插和外插)、参数识别的稳定性、参数值的可解释性。在实验次数较少的情况下(操作条件变化下做 10 次实验), 包括过程知识的模型和神经网络模型精度一样, 但其远比神经网络模型可靠。CO₂ 释放量的预测精度为 5 %, 乙醇为 10 %, 残糖为 20 %。笔者最后得出, 数据少时用一般模型, 数据多时用神经网络模型。

参考文献:

- [1] Douglas A Gee, W. Fred Ramirz. A flavour model for beer fermentation[J]. J. Inst. Brew., 1994, 100: 321- 329.
- [2] B. de Andr  s-Toro, J. M. Gir  n-Sierra, J. A. L  pez-Orozco, C. Fern  ndez-Conde, J. M. Peinado, F. Garc  a-Ochoa. A kinetic model for beer production under industrial operational conditions[J]. Mathematics and Computers in Simulation, 1998,48: 65- 74.
- [3] G. E. Carrillo-Ureta, P. D. Roberts, V. M. Beccerra, Genetic algorithms for optimal control of beer fermentation[A]. Proceedings of the 2001 IEEE International Symposium on Intelligent Control[C]. Mexico City, Mexico, 2001. 391- 396.
- [4] R. Alex Speers, Peter Rogers, Bruce Smith. Non-linear modeling of industrial brewing fermentations[J]. J. Inst. Brew., 2003, 109: 229- 235.

- [5] Ioan Cristian Trelea, Mariana Titica, Georges Corrieu. Dynamic optimization of the aroma production in brewing fermentation [J]. Journal of Process Control, 2004,(14) : 1- 16.
- [6] Tony D'Amore, Guy Celotto, Glen D. Austin, Graham G. Stewart. Neural network modeling: applications to brewing fermentations[J]. EBC Congress, 1993.221- 231.
- [7] I. C. Trelea, B. Perret. On-line estimation and prediction of density and ethanol evolution in the brewery[J]. MBAA TQ, 2000,37(2): 173- 181.
- [8] L. F. M. Zorzetto, R. Maciel Filho, M. R. Wolf-Maciel. Process modeling development through artificial neural networks and hybrid models[J]. Computers and Chemical Engineering, 2000,24: 1355- 1360.
- [9] Ioan Cristian Trelea, Mariana Titica, Sophie Landaud, Eric L  trille, Georges Corrieu, Arlette Cheruy. Predictive modeling of brewing fermentation: from knowledge-based to black-box models[J]. Mathematics and Computers in Simulation, 2001,56: 405- 424.
- [10] Jermu P  ll  nen, Jukka Kronl  f. Automation'2001 seminar days[J]. SAS Julkaisusarja. 2001, (24): 246- 251.
- [11] 张彦青,张五九.基于神经网络的大生产规模啤酒发酵过程建模[J].食品与发酵工业,2007,(9) : 43- 48.