

Sử dụng mô hình học sâu dự đoán hàm lượng vi chất của thực phẩm sau chế biến

Nguyễn Hoàng Vũ¹, Đào Ngọc Bích², Trần Thanh Hương², Phạm Minh Triền^{2*}

¹Trường THCS và THPT Nguyễn Tất Thành, Trường Đại học Sư phạm Hà Nội, 136 Xuân Thủy, phường Dịch Vọng Hậu, quận Cầu Giấy, Hà Nội, Việt Nam

²Trường Đại học Công nghệ, Đại học Quốc gia Hà Nội, 144 Xuân Thủy, phường Dịch Vọng Hậu, quận Cầu Giấy, Hà Nội, Việt Nam

Ngày nhận bài 15/1/2024; ngày chuyển phản biện 18/1/2024; ngày nhận phản biện 7/2/2024; ngày chấp nhận đăng 12/2/2024

Tóm tắt:

Hiểu rõ hàm lượng dinh dưỡng trong thực phẩm sau khi chế biến có ý nghĩa quan trọng đối với ngành công nghiệp chế biến thực phẩm. Việc lựa chọn phương pháp chế biến phù hợp cho phép người dùng giữ lại được những vi chất bổ dưỡng tốt cho sức khỏe. Thực tế, việc thu thập thông tin vi lượng của thực phẩm trước và sau chế biến đặt ra nhiều thách thức do sự biến đổi sinh học, sự tương tác của các thành phần trong món ăn. Cách tiếp cận hiện nay là thu thập dữ liệu từng thành phần dinh dưỡng trước và sau khi chế biến. Sau đó, các mô hình học máy thông thường sẽ sử dụng dữ liệu này để đưa ra kết quả dự báo tốt nhưng độ ổn định còn hạn chế. Do đó, nghiên cứu này đề xuất sử dụng mô hình học sâu để huấn luyện trên bộ dữ liệu với 27 thành phần dinh dưỡng thay đổi qua hai quá trình chế biến nhiệt ẩm (luộc) và nhiệt khô (chiên) trích xuất từ bộ dữ liệu tham chiếu tiêu chuẩn của Hoa Kỳ. Kết quả cho thấy mô hình dự báo chính xác và cải thiện độ ổn định dự báo thêm 8,6%. Nghiên cứu cũng cho thấy tiềm năng trong việc nghiên cứu, cải tiến các mô hình học sâu trong dự báo thành phần dinh dưỡng sau chế biến trong các quy trình chế biến thực phẩm.

Từ khóa: chế biến thực phẩm, hàm lượng vi chất dinh dưỡng, học sâu, mô hình dự đoán.

Chỉ số phân loại: 1.2, 2.10

1. Đặt vấn đề

Trong thế giới mà con người ngày càng nhận thức và đề cao các giá trị về sức khỏe, một chế độ dinh dưỡng chính xác, hợp lý trở thành yếu tố không thể thiếu trong việc định hình một lối sống lành mạnh. Tuy nhiên, quá trình tính toán hàm lượng dinh dưỡng đầy đủ và phù hợp vẫn gặp nhiều khó khăn cho những người nội trợ vì giá trị dinh dưỡng của thực phẩm không chỉ phụ thuộc vào thành phần nguyên liệu thô và khối lượng tiêu thụ mà còn phụ thuộc vào cách chế biến. Đặc biệt, trong quá trình chế biến, thực phẩm có thể biến đổi về mặt kết cấu lẫn hàm lượng dinh dưỡng một cách đáng kể. Điều này là do một số thành phần hoá học trong thực phẩm chưa được xử lý hoàn toàn, cộng với các cơ chế biến đổi hoá lý của thực phẩm diễn ra trong quá trình chế biến [1].

Các mô hình hiện tại được sử dụng để tính toán thành phần dinh dưỡng sau quá trình chế biến bao gồm mô hình động học phản ứng và hệ số lưu giữ (RF). Tuy nhiên, các phương pháp này đều có những hạn chế nhất định. Các mô hình động học phản ứng thường dùng để tìm hiểu về mối liên hệ giữa lượng dinh dưỡng, thời gian và nhiệt độ thường đòi hỏi phải thu thập lượng dữ liệu lớn và tốn kém. Việc này không chỉ mất nhiều thời gian mà còn đối mặt với khó khăn khi hóa chất trong thực nghiệm có thể bị phân hủy một cách

nhanh chóng [2]. Trong khi đó, các phương pháp tính hàm lượng dinh dưỡng dựa trên hệ số lưu giữ thường đánh giá thấp hoặc cao hơn hàm lượng dinh dưỡng thực tế do mỗi hệ số lưu giữ đơn lẻ đại diện cho nhiều loại thực phẩm và cách thức chế biến khác nhau [3]. Để khắc phục những hạn chế trên, nhóm nghiên cứu đề xuất sử dụng phương pháp học máy để ước lượng giá trị dinh dưỡng sau chế biến. Do phương pháp này có khả năng tự học cách thức mà thực phẩm biến đổi từ trạng thái sống đến khi được nấu chín dựa trên dữ liệu thu được từ nhiều loại thực phẩm khác nhau và qua các cách chế biến đa dạng.

Các phương pháp học máy tuy mới bắt đầu được sử dụng trong lĩnh vực khoa học thực phẩm nhưng đã cho thấy kết quả đầy tiềm năng. Các nghiên cứu sử dụng hướng tiếp cận bằng các mô hình học máy đã và đang cho thấy khả năng dự đoán chính xác hơn trong nhiều tình huống khác nhau sau khi được huấn luyện với các bộ dữ liệu chuyên biệt. Tổng hợp các kết quả nghiên cứu gần đây về dự đoán thuộc tính và đặc tính của thực phẩm sử dụng các mô hình phân loại minh họa rõ nét sự đa dạng trong các ứng dụng của hướng nghiên cứu này. Cụ thể, các mô hình học máy được áp dụng để dự đoán các đặc tính cảm quan của thực phẩm về mặt vị giác như: vị đắng [4, 5]; vị ngọt [6, 7] và mùi thơm [8] dựa trên cấu trúc phân tử. Đối với nhóm bài toán xác định hàm lượng dinh dưỡng, nhiều mô hình học máy khác nhau cũng

*Tác giả liên hệ: Email: trienpm@vnu.edu.vn

Using deep learning model to predict micronutrients in food after processing

Hoang Vu Nguyen¹, Ngoc Bich Dao²,
Thanh Huong Tran², Minh Trien Pham^{2*}

¹Nguyen Tat Thanh Secondary and High School, Hanoi National University of Education,
136 Xuan Thuy Street, Dich Vong Hau Ward, Cau Giay District, Hanoi, Vietnam

²University of Engineering and Technology, Vietnam National University - Hanoi,
144 Xuan Thuy Street, Dich Vong Hau Ward, Cau Giay District, Hanoi, Vietnam

Received 15 January 2024; revised 7 February 2024; accepted 12 February 2024

Abstract:

Understanding the nutritional content of food after processing is important for the food processing industry. Choosing the appropriate processing method allows users to retain healthy micronutrients. In fact, collecting nutrient information of food before and after processing poses many challenges due to biological changes and interactions of nutritional components. Currently, the approach is to collect data on each nutritional component before and after processing. Conventional machine learning models will then use this data to produce good prediction results but with limited stability. Therefore, we proposed to use a deep learning model to conduct training on a data set with 27 nutritional components that change through two processing processes, boil and fry, extracted from a standard reference data set of the United States. The results show accurate prediction and improve the stability by 8.6%. The study shows the potential of improving deep learning models in predicting post-processing nutritional composition in food processing.

Keywords: deep learning, food nutrients profile, food processing, prediction model.

Classification numbers: 1.2, 2.10

đã được nghiên cứu và phát triển để giải quyết các đặc tính khác nhau. Mô hình P_NUT sử dụng phương pháp xử lý ngôn ngữ tự nhiên (NLP) để dự đoán hàm lượng các chất đa lượng, bao gồm chất béo, chất đạm và tinh bột của thực phẩm dựa trên văn bản mô tả về thực phẩm đó [9]. Một phiên bản mới hơn của mô hình này thậm chí còn có thể dự đoán hàm lượng chất béo, chất đạm và tinh bột từ một công thức nấu ăn [10]. Trong khi đó, các nhà nghiên cứu thuộc Bộ Nông nghiệp Hoa Kỳ đã dự đoán hàm lượng của 3 thành phần dinh dưỡng được gán nhãn (tinh bột, đạm và natri) trong thực phẩm đã chế biến từ danh sách các nguyên liệu [11].

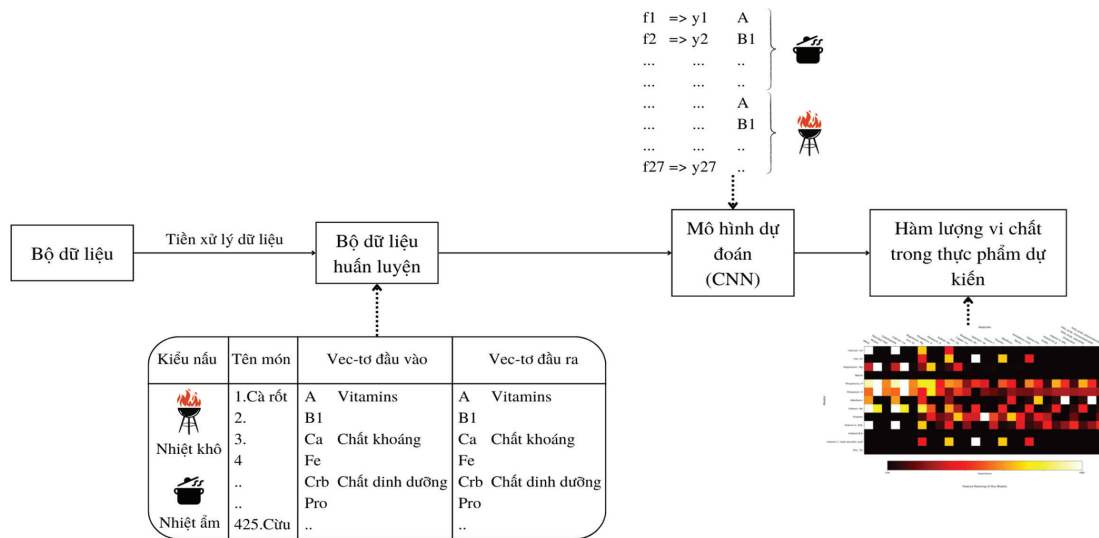
Trong chế biến thực phẩm, việc phân loại thực phẩm theo mức độ chế biến dựa trên thông tin thành phần là một lĩnh vực nghiên cứu quan trọng [12]. Các nghiên cứu đã sử dụng hệ thống phân loại NOVA [13] để nhận diện một số thành phần từ thực phẩm tươi sống đến thực phẩm chế biến công nghiệp, từ những loại ít qua chế biến đến những loại có quy trình chế biến phức tạp. Sự ra đời của các bộ dữ liệu chất lượng cao cho quá trình huấn luyện và kiểm thử mô hình đóng vai trò không nhỏ đối với sự tiến bộ của các nghiên cứu hiện nay.

Một điểm chung của phần lớn các nghiên cứu trong thời gian gần đây chính là sự phức tạp trong tương tác giữa các thành phần hóa học của thực phẩm. Điều này đã thúc đẩy nhóm nghiên cứu đề xuất sử dụng mô hình học sâu để có thể hiểu rõ hơn về các thay đổi trong thành phần thực phẩm qua các phương pháp chế biến khác nhau. Từ đó, nhóm nghiên cứu đã phát triển mô hình học sâu để dự đoán 27 thành phần và hàm lượng 13 loại vi lượng của thực phẩm sau khi chế biến. Bằng cách chế biến từng loại thực phẩm đơn lẻ với 2 phương pháp chế biến thực phẩm chính là luộc và chiên từ kho dữ liệu thực phẩm (FDC), nhóm nghiên cứu đã tiến hành huấn luyện mô hình cho từng chất dinh dưỡng với mỗi quá trình.

2. Đối tượng và phương pháp nghiên cứu

Nhóm nghiên cứu đã sử dụng 820 loại thực phẩm từ bộ dữ liệu Tham chiếu tiêu chuẩn (SR) [14]. Bộ dữ liệu SR chứa dữ liệu thành phần cho cả mẫu thực phẩm sống và nấu chín của các thành phần đơn lẻ thường được dùng cho các nghiên cứu về sức khỏe cộng đồng, như đánh giá lượng chất dinh dưỡng tiêu thụ với mục đích giám sát dinh dưỡng quốc gia, trong việc tạo thực đơn bữa ăn tại các trường học và nhà trẻ, phát triển sản phẩm của các nhà sản xuất. Bộ dữ liệu có tới 232 hợp chất, bao gồm các chất (vitamin, axit amin, axit béo,...) và các chất tổng hợp hoặc nhóm chất (chất béo tổng hợp, đạm...) cho mỗi loại thực phẩm. Tuy nhiên, trong bài báo này, chỉ những chất dinh dưỡng đặc trưng có trong hơn 80% các loại thực phẩm được lựa chọn để nghiên cứu. Như vậy, đầu vào của mô hình dự đoán là 27 thành phần cho mỗi loại thực phẩm gồm: 9 loại vitamin; 10 loại khoáng chất; nước; 7 loại đạm, tinh bột và các loại chất béo khác nhau.

Dữ liệu này được sử dụng để huấn luyện các mô hình dự đoán với tập hợp các đặc trưng đầu vào cho mỗi mô hình là hàm lượng của 27 thành phần trong thực phẩm sống và đầu ra là hàm lượng của 13 vi chất dinh dưỡng trong thực phẩm đã nấu. Phương pháp tiền xử lý StandardScaler được áp dụng cho cả hai phần dữ liệu này để đảm bảo rằng bộ dữ liệu có trung bình bằng 0 và độ lệch chuẩn bằng 1 được tính theo công thức (1). Điều này góp phần giúp các mô hình học hiệu quả hơn đối với các nhóm đặc trưng có cùng tỷ lệ.



Hình 1. Mô hình hệ thống tổng quát.

$$z = \frac{x - u}{s} \quad (1)$$

trong đó: z là giá trị chuẩn hoá; x là giá trị gốc ban đầu; u là giá trị trung bình; s là độ lệch chuẩn.

Mỗi phần tử trong tập dữ liệu sau khi chuẩn hoá theo công thức trên sẽ được ánh xạ sang một mảng ba chiều với chiều dài, chiều rộng và chiều sâu lần lượt là 9, 3 và 1. Ma trận này biểu diễn 27 thành phần dinh dưỡng trong dữ liệu đầu vào. Cuối cùng, mỗi ma trận trên được bổ sung thêm một chiều dữ liệu mang thông tin về số lượng thực phẩm trong danh sách nguyên liệu ban đầu. Từ đó xác định được mối tương quan giữa các chất dinh dưỡng trong tập dữ liệu, tạo cơ sở cho áp dụng mô hình học máy trong việc dự đoán sự biến đổi của hàm lượng vi chất qua các quá trình chế biến thực phẩm. Trong tập dữ liệu này, 15% dữ liệu được phân tách làm tập dữ liệu kiểm thử. Điều này giúp cho mô hình có khả năng đánh giá cả các dữ liệu chưa được huấn luyện và làm giảm nguy cơ quá khớp dữ liệu (overfitting).

Hình 1 mô tả lược đồ bài toán tổng quát cũng như phương pháp thực hiện của nhóm. Các thực phẩm thu thập từ bộ dữ liệu SR của kho dữ liệu FDC được phân loại theo cặp (sống, chín) và theo phương thức chế biến món ăn. Các phương pháp nấu ăn như đun sôi và hấp được xem là quy trình nhiệt ẩm, trong khi nướng và quay được xem là quy trình nhiệt khô. Mỗi thực phẩm sau đó được liên kết với 27 thành phần dinh dưỡng khác nhau. Mô hình học được huấn luyện dựa trên dữ liệu thành phần dinh dưỡng với đặc trưng đầu vào là thành phần của thực phẩm sống. Mỗi chất dinh dưỡng trong thực phẩm đã chế biến đều được huấn luyện riêng. Việc huấn luyện mô hình được thực hiện riêng lẻ cho mỗi cách thức nấu ăn, tức là 13 mô hình cho phương pháp nhiệt ẩm và 12 mô hình cho phương pháp nhiệt khô (mô

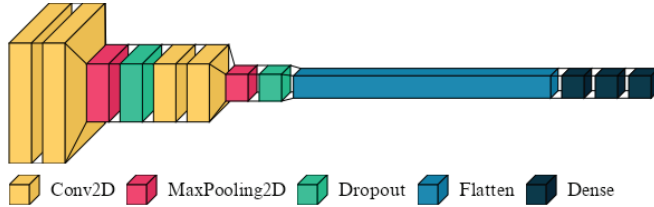
hình dự đoán vitamin C không được tính vì vitamin C không có trong thịt cũng như hầu hết tất cả thực phẩm dùng cho mô hình nhiệt khô). Mô hình tốt nhất là mô hình có sai số nhỏ nhất, tức là sai số toàn phương trung bình (RMSE) thấp nhất. Cuối cùng, hàm lượng thành phần dinh dưỡng dự đoán của mô hình sẽ được đối chiếu với hàm lượng thành phần dinh dưỡng thực tế để đánh giá hiệu suất, độ chính xác và tính ổn định của mô hình.

3. Mô hình đề xuất

Mô hình mạng nơron tích chập (CNN) được thiết kế nhằm tự động học các đặc trưng quan trọng từ hình ảnh và ánh xạ chúng vào các tham số quan trọng như trọng số và độ lệch. Cách tiếp cận này cho phép mô hình tự động trích xuất thông tin về hàm lượng chất dinh dưỡng thức ăn trước và sau quy trình chế biến từ đó đưa ra các dự đoán. Mô hình này không chỉ cho thấy tiềm năng cho việc tự động hóa quy trình tính toán hàm lượng chất dinh dưỡng mà còn cung cấp cơ sở cho việc nghiên cứu về ảnh hưởng của quy trình chế biến đến giá trị dinh dưỡng của thực phẩm [15].

Mô hình bao gồm hai lớp tích chập liên tiếp sử dụng bộ lọc kích thước 5×5 với padding 'Same' để giữ kích thước đầu ra ổn định, tiếp theo là hai lớp tích chập khác sử dụng bộ lọc kích thước 3×3 cũng với padding 'Same'. Mỗi lớp tích chập này theo sau bởi một hàm kích hoạt phi tuyến tính ReLU. Để giảm thiểu vấn đề overfitting, mô hình sử dụng hai lớp Dropout với tỷ lệ 0,25 sau các khối tích chập đầu tiên và tăng lên 0,5 cho các lớp phía sau. Tích hợp cùng với các lớp tích chập là hai lớp MaxPooling với bộ lọc 2×2 , giúp giảm kích thước không gian mà vẫn giữ được thông tin quan trọng. Kết thúc phần tích chập, mô hình sử dụng lớp Flatten để chuyển đổi dữ liệu từ dạng tensor nhiều chiều sang dạng

vector một chiều. Điều này chuẩn bị cho quá trình phân loại hoặc hồi quy ở các lớp Dense tiếp theo, với lớp đầu tiên có 128 nút và lớp thứ hai có 64 nút, cả hai đều sử dụng hàm kích hoạt ReLU và lớp Dropout để tránh overfitting. Mô hình kết thúc với một lớp Dense đơn lẻ có hàm kích hoạt Softmax (hình 2).



Hình 2. Cấu trúc mô hình mạng nơron tích chập đề xuất sử dụng trong nghiên cứu này.

Nhóm nghiên cứu đã huấn luyện các mô hình để dự đoán hàm lượng của 13 vi chất dinh dưỡng trong tập dữ liệu đã được chuẩn hóa. Trong số đó, có 7 loại vitamin, cụ thể là vitamin B1 (thiamin), vitamin B2 (riboflavin), vitamin B3 (niacin), vitamin B-6 (pyridoxine), vitamin C (acid ascorbic), vitamin A và 7 loại khoáng chất, cụ thể là canxi, sắt, kali, photpho, magiê, natri và kẽm. Nhóm nghiên cứu đã triển khai các mô hình độc lập dựa trên hai nhóm phương pháp chế biến (nhiệt ẩm hoặc nhiệt khô) vì đó là những phương pháp chế biến cơ bản và thường được sử dụng trong thực tế. Tất cả mô hình đều nhận đầu vào giống nhau là thành phần của thực phẩm sống. Các bộ mô hình sau đó được huấn luyện và kiểm tra trên các dữ liệu đã được chuẩn hóa như trình bày ở phần trên.

4. Kết quả

4.1. Thiết lập thực nghiệm

Để tiến hành đánh giá hiệu suất của mô hình CNN đề xuất, nhóm đã triển khai thuật toán theo lược đồ ở trên bằng ngôn ngữ lập trình Python. Bộ mô hình đã được khởi chạy 25 lần để đánh giá hiệu suất, mỗi lần chạy được đánh giá thông qua giá trị RMSE so với dữ liệu gốc như trong công thức (2). Mô hình với RMSE thấp nhất trong mỗi bộ mô hình đánh dấu khả năng dự báo chính xác nhất được lựa chọn để so sánh với giá trị cơ sở (USDA RF - Phương pháp xác định hàm lượng dinh dưỡng sử dụng hệ số lưu giữ xây dựng bởi Bộ Nông nghiệp Hoa Kỳ). Để so sánh khả năng dự báo, nhóm sử dụng hệ số xác định R^2 giữa các bộ mô hình như trong công thức (3). Công thức của các độ đo đánh giá được mô tả sau đây:

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

$$R^2 = 1 - \frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2}{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2} \quad (3)$$

trong đó: n là số lượng mẫu trong tập dữ liệu; y_i là giá trị thực tế của mẫu thứ i ; \hat{y}_i là giá trị dự đoán tương ứng của mẫu thứ i ; \bar{y} là giá trị trung bình của các giá trị thực tế y_i .

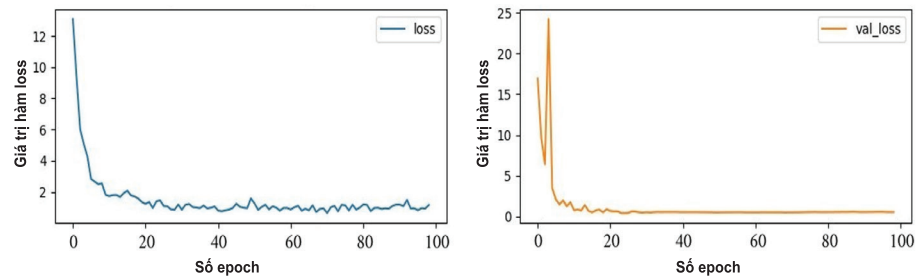
Quá trình học của các mô hình được đánh giá thông qua đồ thị kết quả của hàm mất mát trên tập huấn luyện và trên tập dữ liệu kiểm thử theo epoch. Hàm mất mát giúp đánh giá mức độ sai lệch giữa dự đoán của mô hình và dữ liệu gốc. Mô hình học hiệu quả sẽ cho giá trị hàm mất mát giảm khi epoch tăng.

4.2. Đánh giá hiệu suất của mô hình mạng nơron tích chập cho 2 quá trình chế biến sử dụng phương thức nhiệt khô và nhiệt ẩm

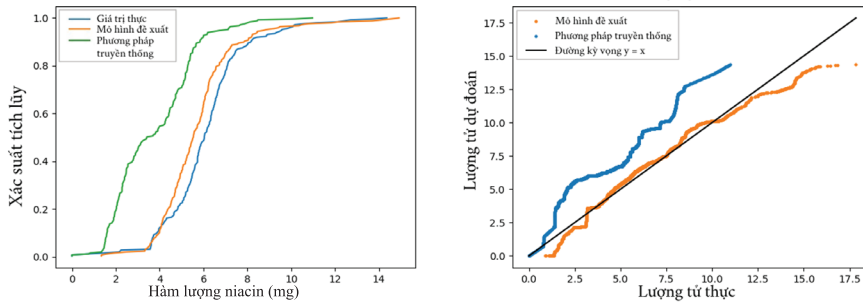
Trong phần này, nhóm nghiên cứu tập trung vào khám phá sâu hơn về quá trình học của các mô hình đối với mỗi phương thức chế biến, đánh giá sự phân bố của dữ liệu đầu ra, từ đó đưa ra những nhận xét và kết luận chính xác, toàn diện về hiệu suất của chúng.

4.2.1. Mô hình nhiệt khô

Hình 3 cung cấp tổng quan về sự biến động hàm mất mát của quá trình huấn luyện và hàm mất mát của quá trình kiểm thử theo các epoch của bộ mô hình dự đoán điển hình khi dự đoán hàm lượng niacin. Phân tích chi tiết của các đường thể hiện hàm mất mát giúp hiểu rõ hơn về quá trình học của từng mô hình và sự thay đổi trong dữ liệu đầu ra. Về tổng quan, mô hình cho thấy khả năng học tương đối hiệu quả thể hiện qua việc hàm mất mát ở epoch cuối cùng của cả quá trình huấn luyện và quá trình kiểm thử đều giảm so với epoch đầu tiên. Ở cả 2 quá trình huấn luyện và kiểm thử khi dự đoán niacin, hàm mất mát đều dao động tương đối mạnh ở những epoch đầu tiên và giảm dần ở quá trình huấn luyện về sau. Điều này cho thấy rằng hàm mất mát đã được tối thiểu hóa sau quá trình huấn luyện.



Hình 3. Hàm mất mát của quá trình huấn luyện (hình trái) và quá trình kiểm thử (hình phải) trong mô hình dự đoán niacin với phương pháp chế biến nhiệt khô.

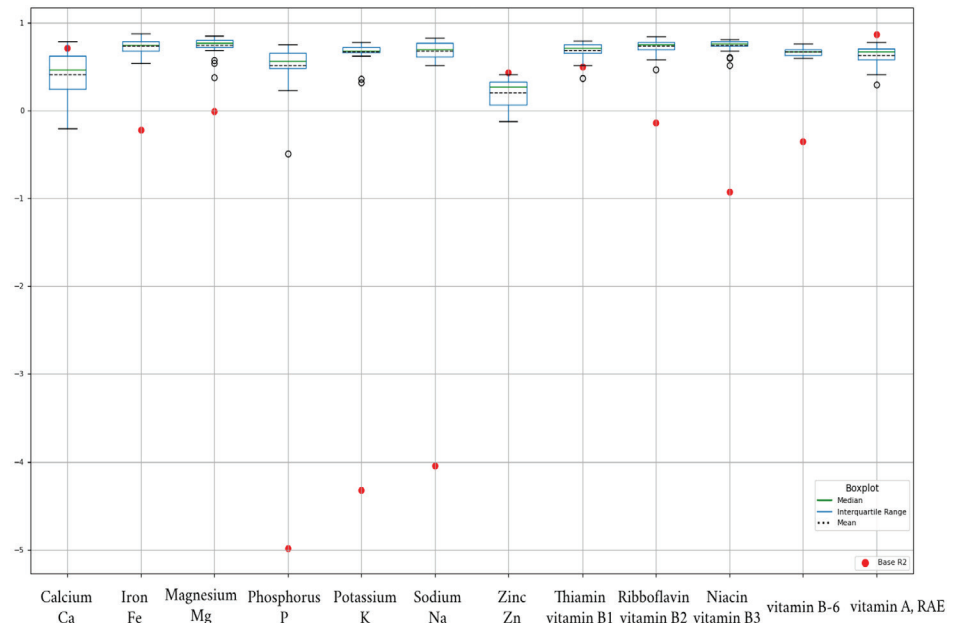


Hình 4. Biểu đồ hàm ECDF (hình trái) và Q-Q (hình phải) của hai mô hình dự đoán niacin đại diện cho quá trình nhiệt khô.

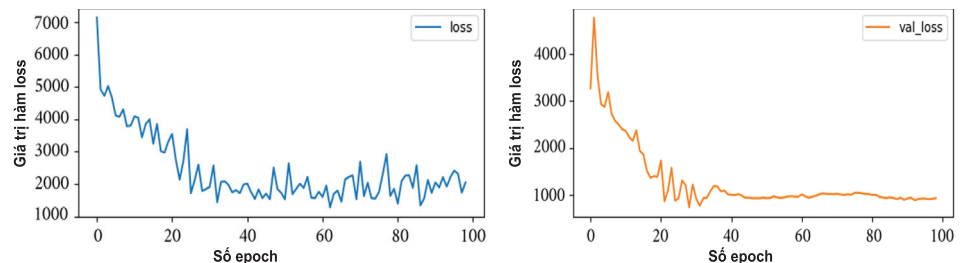
Hình 4 trình bày biểu đồ hàm ECDF và Q-Q (biểu đồ lượng tử - phân vị) của niacin. Những đồ thị này được thiết kế để so sánh sự phân bố của giá trị dự đoán và giá trị thực. Chênh lệch tuyệt đối giữa hai ECDF (thông số Kolmogorov-Smirnov) của giá trị thực và giá trị dự đoán là 0,16, trong khi của giá trị thực và phương pháp truyền thống là 0,54. Trên biểu đồ Q-Q, bộ số phân vị của giá trị dự đoán được phân bố gần đường thẳng kỳ vọng, trong khi bộ số phân vị của phương pháp truyền thống thường nằm cách xa đường thẳng. Từ những phân tích trên, có thể kết luận rằng, sự phân bố của giá trị dự đoán bởi mô hình học sâu cho hàm lượng niacin gần với sự phân bố của giá trị thực hơn so với phương pháp truyền thống.

Hình 5 trình bày R^2 của các mô hình dự đoán ở dạng biểu đồ hộp cùng với các giá trị R^2 tương ứng của phương pháp truyền thống. Nhìn chung, các mô hình dự đoán thể hiện R^2 trung bình cao hơn so với R^2 của phương pháp truyền thống với đa số các chất dinh dưỡng. Trong tổng số mô hình dự đoán hàm lượng 12 vi chất của mô hình nhiệt ẩm, đa số các hệ số xác định R^2 đều nằm trong khoảng (0, 1) và có độ ổn định về hiệu suất cao.

R^2 của phương pháp truyền thống có 8 giá trị âm và giá trị thấp nhất là của photpho với R^2 là -4,98. Điều này chỉ ra rằng, các phương pháp truyền thống không thể cung cấp dự đoán chính xác cho nhiều chất dinh dưỡng, đặc biệt là trong trường hợp của photpho. Sự chênh lệch lớn giữa R^2 của các mô hình học sâu và phương pháp học máy truyền thống là chỉ số khả quan về độ hiệu quả của mô hình học sâu trong việc dự đoán giá trị của các chất dinh dưỡng trong thực phẩm.



Hình 5. So sánh tổng thể R^2 của các mô hình dự đoán quá trình nhiệt khô và mô hình truyền thống của các chất dinh dưỡng.

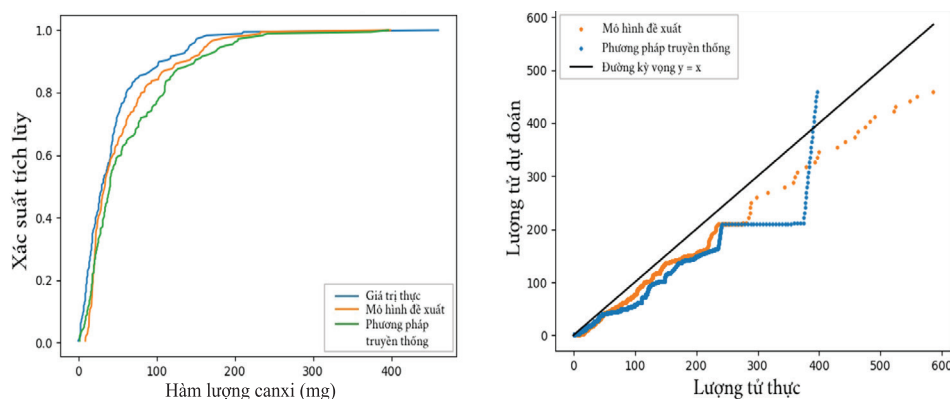


Hình 6. Hàm mất mát của quá trình huấn luyện (hình trái) và quá trình kiểm thử (hình phải) trong mô hình dự đoán canxi với phương pháp chế biến bằng nhiệt ẩm.

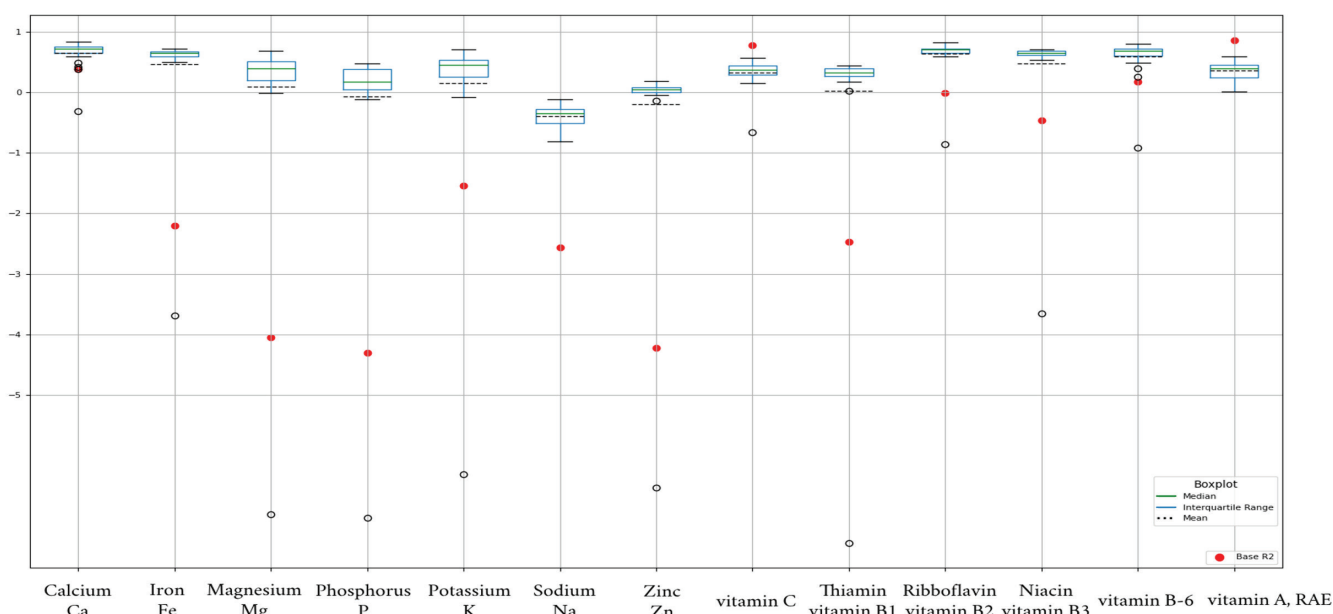
4.2.2. Mô hình nhiệt ẩm

Hình 6 trình bày đồ thị hàm mất mát theo epoch của mô hình dự đoán hàm lượng canxi. Hàm mất mát của mô hình dự đoán hàm lượng canxi giảm dần theo epoch, đặc biệt là trong 20 epoch đầu tiên hàm mất mát của quá trình huấn luyện và kiểm thử đều giảm mạnh trước khi ổn định ở các epoch sau. Từ đó cho thấy mô hình dự đoán hàm lượng canxi đạt hiệu suất huấn luyện cao và ổn định.

Thông số Kolmogorov-Smirnov so sánh hai ECDF của mô hình đề xuất và thực tế là 0,17, của phương pháp truyền thống và thực tế là 0,25. Biểu đồ Q-Q cho thấy, trong những số phân vị đầu tiên cả phương pháp truyền thống và dự đoán đều tuân theo đường thẳng kỳ vọng (hình 7). Tuy nhiên, ở các số phân vị sau, phương pháp truyền thống tiến xa đường thẳng kỳ vọng hơn so với dự đoán. Từ đó cho thấy sự phân bố các giá trị dự đoán bởi mô hình dự đoán canxi gần với thực tế hơn là phương pháp truyền thống.



Hình 7. Biểu đồ phân phối chuẩn, biểu đồ hàm ECDF (hình trái) và Q-Q (hình phải) của hai mô hình dự đoán canxi đại diện cho quá trình nhiệt ẩm.



Hình 8. So sánh tổng thể R^2 của các mô hình dự đoán quá trình nhiệt ẩm và mô hình truyền thống.

Hình 8 biểu diễn R^2 các mô hình dự đoán và các R^2 của phương pháp truyền thống tương ứng. Phương pháp truyền thống dự đoán tốt hơn mô hình CNN ở vitamin C và vitamin A. Tuy nhiên, phương pháp truyền thống có R^2 khá thấp, ví dụ như ở photpho với giá trị là -4,3.

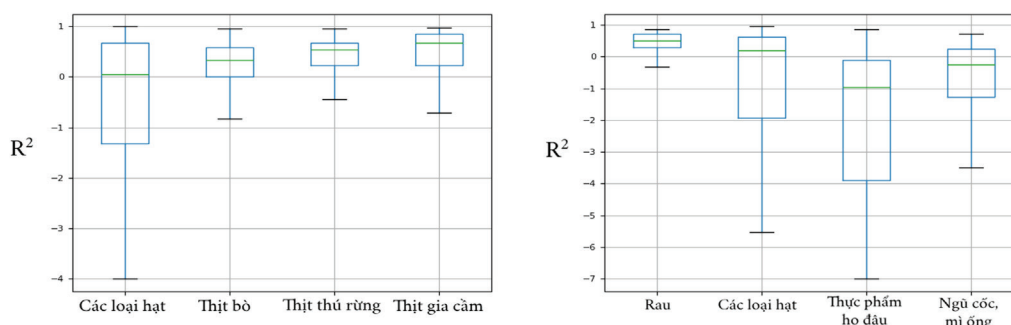
5. Bàn luận

Khi xét theo nhóm thực phẩm, trong các quá trình nhiệt khô các bộ mô hình đoán chính xác nhất với các loại thực phẩm gia cầm và đoán kém chính xác hơn với các loại hạt. Trong các quá trình nhiệt ẩm, các bộ mô hình đoán chính xác nhất cho rau và dự đoán kém chính xác hơn cho các thực phẩm họ đậu.

Trong quá trình nhiệt khô, các mô hình có hiệu suất dự đoán tốt nhất thuộc về nhóm gia cầm với giá trị R^2 tốt nhất là 0,98 và trung vị là 0,68. Đối với các quy trình nhiệt ẩm, mô hình có hiệu suất dự đoán tốt nhất thuộc về nhóm rau với giá trị R^2 tốt nhất là 0,86 và trung vị là 0,51. Theo hình 9 có thể

nhận thấy rằng, mô hình dự đoán học sâu hiệu quả hơn đối với nhóm thực phẩm có nguồn gốc từ động vật so với nhóm thực phẩm có nguồn gốc từ thực vật.

Để đánh giá tổng quát hơn về hiệu suất của mô hình thực nghiệm, nhóm nghiên cứu đã thực hiện so sánh hiệu suất của mô hình CNN đề xuất và mô hình USDA RF. Kết quả cho thấy, mô hình CNN dự đoán tốt hơn USDA RF cho các quá trình nhiệt khô và đặc biệt chỉ số RMSE tốt hơn khoảng 8,6% cho các quá trình nhiệt ẩm. Trong số các mô hình CNN đề xuất, mô hình của quá trình nhiệt khô dự đoán tốt hơn mô hình của quá trình nhiệt ẩm. Để đảm bảo tính khách quan và độ tin cậy, nhóm nghiên cứu đã thực hiện thí nghiệm trên cùng một bộ dữ liệu và số lần thực nghiệm như nhau. Kết quả của mỗi mô hình dự đoán của từng chất dinh dưỡng sau khi thực nghiệm được thống kê, tính toán giá trị trung bình cộng và độ lệch chuẩn, cũng như xác định giá trị tốt nhất, giá trị trung vị, để cung cấp cái nhìn toàn diện về hiệu quả của kiến trúc CNN đề xuất.



Hình 9. Biểu đồ hộp R^2 nhóm theo các nhóm thực phẩm khác nhau: nhiệt khô (trái) và nhiệt ẩm (phải).

Kết quả dự đoán của mô hình CNN về hàm lượng chất dinh dưỡng trong thực phẩm đã được so sánh với giá trị cơ sở của USDA, chi tiết các kết quả được thể hiện ở bảng 1. Qua phân tích, mô hình CNN thể hiện hiệu suất tốt hơn so với giá trị cơ sở đối với 11/13 chất dinh dưỡng. Các chất dinh

Một độ đo nữa cũng được sử dụng để đối chiếu khả năng dự đoán của mô hình CNN đề xuất và mô hình cơ sở của USDA là R^2 . Các kết quả thực nghiệm và so sánh đối chiếu được thể hiện ở bảng 2.

dưỡng mà mô hình CNN dự đoán tốt hơn bao gồm canxi, sắt, magiê, kali, photpho, natri, thiamin, riboflavin, niacin, vitamin B-6 với mô hình nhiệt khô. Đối với quá trình nhiệt ẩm, mô hình CNN dự đoán tốt hơn với các vi chất: canxi, sắt, magiê, kali, photpho, natri, kẽm, thiamin, riboflavin, niacin, vitamin B-6.

Bảng 1. Sai số toàn phương trung bình của mô hình Mạng nơron tích chập đề xuất và mô hình truyền thống (Base).

Chất dinh dưỡng	RMSE nhiệt khô				RMSE nhiệt ẩm			
	Giá trị trung bình \pm độ lệch chuẩn	Giá trị tốt nhất	Trung vị	Giá trị thực	Giá trị trung bình \pm độ lệch chuẩn	Giá trị tốt nhất	Trung vị	Giá trị thực
Calcium (Ca)	6,54 \pm 1,56	4,06	6,37	4,67	29,96 \pm 7,76	21,1	27,82	40,87
Iron (Fe)	0,62 \pm 0,09	0,42	0,61	1,34	0,71 \pm 0,33	0,57	0,63	1,9
Magnesium (Mg)	5,97 \pm 1,08	4,62	5,77	11,99	19,87 \pm 9,61	13,03	18,02	51,78
Phosphorus (P)	22,64 \pm 4,68	16,6	21,94	81,39	49,82 \pm 20,57	37,74	47,33	119,59
Potassium (K)	40,61 \pm 5,55	33,33	40,14	163,62	142,81 \pm 68,17	92,04	126,9	271,99
Sodium (Na)	9,28 \pm 1,54	6,96	9,25	37,41	39,78 \pm 2,72	35,73	39,23	63,74
Zinc (Zn)	1,92 \pm 0,2	1,66	1,85	1,63	0,47 \pm 0,16	0,41	0,44	1,03
Vitamin C	-	-	-	-	18,91 \pm 2,67	15,35	18,39	10,88
Thiamin	0,04 \pm 0,01	0,03	0,04	0,05	0,07 \pm 0,03	0,06	0,06	0,15
Riboflavin	0,08 \pm 0,01	0,06	0,08	0,17	0,04 \pm 0,01	0,03	0,04	0,08
Niacin	0,98 \pm 0,12	0,85	0,95	2,7	0,46 \pm 0,22	0,38	0,42	0,86
Vitamin B-6	0,12 \pm 0,01	0,1	0,12	0,24	0,07 \pm 0,02	0,05	0,06	0,1
Vitamin A (RAE)	5,88 \pm 0,83	4,55	5,59	3,53	116,39 \pm 14,17	93,01	113,69	54,25

Bảng 2. R^2 của mô hình mạng nơron tích chập đề xuất và mô hình truyền thống (Base).

Chất dinh dưỡng	R^2 nhiệt khô				R^2 nhiệt ẩm			
	Giá trị trung bình \pm độ lệch chuẩn	Giá trị tốt nhất	Trung vị	Giá trị thực	Giá trị trung bình \pm độ lệch chuẩn	Giá trị tốt nhất	Trung vị	Giá trị thực
Calcium (Ca)	0,41 \pm 0,28	0,78	0,47	0,71	0,65 \pm 0,23	0,84	0,71	0,38
Iron (Fe)	0,73 \pm 0,08	0,88	0,74	-0,22	0,46 \pm 0,85	0,71	0,64	-2,2
Magnesium (Mg)	0,74 \pm 0,1	0,85	0,77	-0,01	0,09 \pm 1,45	0,68	0,39	-4,05
Phosphorus (P)	0,52 \pm 0,24	0,75	0,57	-4,98	-0,07 \pm 1,43	0,47	0,17	-4,3
Potassium (K)	0,67 \pm 0,1	0,78	0,68	-4,33	0,15 \pm 1,33	0,71	0,45	-1,54
Sodium (Na)	0,68 \pm 0,1	0,83	0,69	-4,05	-0,4 \pm 0,19	-0,12	-0,35	-2,57
Zinc (Zn)	0,2 \pm 0,17	0,41	0,27	0,43	-0,2 \pm 1,29	0,19	0,05	-4,22
Vitamin C	-	-	-	-	0,33 \pm 0,22	0,56	0,37	0,78
Thiamin	0,68 \pm 0,09	0,8	0,71	0,5	0,02 \pm 1,52	0,44	0,33	-2,47
Riboflavin	0,73 \pm 0,08	0,85	0,75	-0,14	0,63 \pm 0,31	0,82	0,7	-0,02
Niacin	0,74 \pm 0,07	0,81	0,76	-0,93	0,48 \pm 0,84	0,71	0,64	-0,46
Vitamin B-6	0,67 \pm 0,05	0,76	0,67	0,36	0,59 \pm 0,33	0,8	0,69	0,17
Vitamin A (RAE)	0,63 \pm 0,11	0,78	0,67	0,87	0,36 \pm 0,16	0,6	0,4	0,86

Trong quá trình nhiệt khô, mô hình CNN đề xuất đã thể hiện khả năng dự đoán chính xác nhất đối cho niacin với giá trị R^2 trung bình là 0,74 và trung vị là 0,76. Cho thấy độ chính xác tương đối cao và đáng tin cậy của mô hình trong việc ước lượng hàm lượng niacin trong thực phẩm chín qua quá trình nhiệt khô.

Đối với các quá trình nhiệt ẩm, mô hình cho thấy khả năng dự đoán chính xác nhất dành cho canxi với giá trị R^2 trung bình là 0,65 và trung vị là 0,71. Điều này thể hiện độ chính xác ổn định trong việc dự đoán hàm lượng canxi qua các quá trình nhiệt ẩm. Tuy nhiên, mô hình dự đoán hàm lượng Natri biểu thị mức độ sai số khá lớn và khả năng dự đoán không tốt trong điều kiện nhiệt ẩm với giá trị R^2 trung bình là -0,4 và trung vị là -0,35.

Như vậy, đối với cả hai độ đo đánh giá là RMSE và R^2 , mô hình CNN nhóm đề xuất đã mang lại những kết quả dự đoán khả quan và chính xác về hàm lượng dinh dưỡng có trong thực phẩm so với mô hình cơ sở của USDA - USDA RF.

6. Kết luận

Nghiên cứu này đã đề xuất một mô hình học sâu dự đoán hàm lượng vi chất dinh dưỡng trong thực phẩm nấu chín sử dụng mạng nơ-ron tích chập CNN. Kết quả của nghiên cứu đã cho thấy mô hình có độ chính xác tương đương nhưng có độ ổn định tốt hơn so với phương pháp truyền thống trên cùng một bộ dữ liệu thành phần thực phẩm SR. Cụ thể, giá trị sai số bình phương tối thiểu của mô hình mà nhóm nghiên cứu đề xuất đã giảm 8,6% so với kết quả của phương pháp truyền thống. Để có được kết quả này, ngoài việc thiết lập một bộ tham số cụ thể cho mô hình CNN, nhóm nghiên cứu cũng thực hiện chuẩn hoá bộ dữ liệu đầu vào từ bộ dữ liệu tham chiếu nhằm tăng cường khả năng học của mô hình.

Như vậy, thông qua các kết quả của nhóm nghiên cứu đã trình bày ở trên, có thể thấy được tiềm năng của việc ứng dụng các giải pháp học sâu trong việc cải thiện độ ổn định dự báo trong nghiên cứu về chế biến nông sản. Trong tương lai, nhóm nghiên cứu sẽ tiếp tục đi sâu nghiên cứu về những đặc trưng chuyên biệt của từng nhóm thực phẩm để tiếp tục nâng cao độ chính xác dự đoán của mô hình.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

[1] E. Capuano, T. Oliviero, M.A.J.S.V. Boekel (2023), "Modeling food matrix effects on chemical reactivity: Challenges and perspectives", *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, **58**(16), pp.2814-2828, DOI: 10.1080/10408398.2017.1342595.

[2] Nutrient Data Lab (2007), *USDA Table of Nutrient Retention Factors, Release 6*, USDA Agricultural Research Service, DOI: 10.15482/USDA.ADC/1409034.

[3] B. Ling, J. Tang, F. Kong, et al. (2015), "Kinetics of food quality changes during thermal processing: A review", *Food Bioprocess Technol.*, **8**, pp.343-358, DOI: 10.1007/s11947-014-1398-3.

[4] A.D. Wiener, I. Nissim, N.B. Abu, et al. (2017), "Bitter or not? BitterPredict, a tool for predicting taste from chemical structure", *Sci. Rep.*, **7**(1), DOI: 10.1038/s41598-017-12359-7.

[5] P. Charoenkwan, C. Nantasenamat, M.M. Hasan, et al. (2021), "BERT4Bitter: A bidirectional encoder representations from transformers (BERT)-based model for improving the prediction of bitter peptides", *Bioinformatics*, **37**(17), pp.2556-2562, DOI: 10.1093/bioinformatics/ctab133.

[6] M. Zhong, Y. Chong, X. Nie, et al. (2013), "Prediction of sweetness by multilinear regression analysis and support vector machine", *Journal of Food Science*, **78**(9), pp.S1445-S1450, DOI: 10.1111/1750-3841.12199.

[7] R. Tuwani, S. Wadhwa, G. Bagler (2019), "BitterSweet: Building machine learning models for predicting the bitter and sweet taste of small molecules", *Sci. Rep.*, **9**(1), DOI: 10.1038/s41598-019-43664-y.

[8] B.S. Lengeling, J.N. Wei, B.K. Lee, et al. (2019), "Machine learning for scent: Learning generalizable perceptual representations of small molecules", *arXiv*, DOI: 10.48550/arXiv.1910.10685.

[9] G. Ispirova, T. Eftimov, B.K. Seljak (2020), "P-NUT: Predicting NUTrient content from short text descriptions", *Mathematics*, **8**(10), DOI: 10.3390/math8101811.

[10] G. Ispirova, T. Eftimov, B.K. Seljak (2021), "Domain heuristic fusion of multi-word embeddings for nutrient value prediction", *Mathematics*, **9**(16), DOI: 10.3390/math9161941.

[11] P. Ma, A. Li, N. Yu, et al. (2021), "Application of machine learning for estimating label nutrients using USDA Global Branded Food Products Database (BFPD)", *Journal of Food Composition and Analysis*, **100**, DOI: 10.1016/j.jfca.2021.103857.

[12] G. Menichetti, B. Ravandi, D. Mozaffarian, et al. (2022), "Machine learning prediction of food processing", *medRxiv*, DOI: 10.1101/2021.05.22.21257615.

[13] J.C. Moubarac, D.C. Parra, G. Cannon, et al. (2014), "Food classification systems based on food processing: Significance and implications for policies and actions: A systematic literature review and assessment", *Curr. Obes. Rep.*, **3**(2), pp.256-272, DOI: 10.1007/s13679-014-0092-0.

[14] D.B. Haytowitz, J.K.C. Ahuja, X. Wu, et al. (2019), "USDA national nutrient database for standard reference, legacy release", *Nutrient Data Laboratory, Beltsville Human Nutrition Research Center, ARS, USDA*, DOI: 10.15482/USDA.ADC/1529216.

[15] P. Ma, Z. Zhang, Y. Li, et al. (2022), "Deep learning accurately predicts food categories and nutrients based on ingredient statements", *Food Chemistry*, **391**, DOI: 10.1016/j.foodchem.2022.133243.