

2018, 44(2): 0283–0289
 ISSN 0257-4799; CN 32-1115/S
 DOI: 10.1344/j.cnki.cykx.2018.02.014

利用在线近红外光谱鉴别雌雄蚕蛹的方法

颜 辉^{1,2} 梁梦醒¹ 郭 成¹ 张业顺^{1,2} 张国政^{1,2}

(¹江苏科技大学生物技术学院 江苏 镇江 212018; ²中国农业科学院蚕业研究所 江苏 镇江 212018)

摘要 采用自动识别雌雄蚕蛹的技术与设备,是解决蚕种生产人工鉴蛹人力短缺和保证鉴蛹正确率的有效途径之一。以6个家蚕品种的蚕蛹供试,利用自制的在线近红外光谱检测装置进行雌雄蛹的鉴别。分别以3种采谱条件采集各供试家蚕品种蚕蛹样品的近红外光谱,以采用全谱和经竞争性自适应重加权算法(CARS)、无信息变量消除法(UVE)优选后的波长变量分别建立偏最小二乘判别分析(PLSDA)的雌雄蚕蛹识别模型。测试结果显示,在3种采谱条件下,以单个家蚕品种的光谱数据建模时雌雄蚕蛹鉴别的正确率达100%;多个家蚕品种的蚕蛹混合后采集光谱数据建模,其中采用方法a(积分时间8 ms,扫描次数5次)、方法b(积分时间为8 ms,扫描次数10次)、方法c(积分时间20 ms,扫描次数10次)获取光谱数据建模的鉴别正确率分别达94.2%、95.2%、100.0%。选择高速采集光谱的方法a,经CARS法优选波长后建模的测试结果优于经UVE法优选波长建模的结果。对校正集、交叉验证集和预测集蚕蛹样品的雌雄识别正确率分别为100%、100%和96.2%。研制的在线近红外光谱检测装置及建立的检测方法与模型,可应用于蚕种生产中快速鉴别分选雌雄蚕蛹。

关键词 家蚕蛹; 雌雄鉴别; 近红外光谱; 偏最小二乘判别分析; 波长优选

中图分类号 S887.31⁺³ 文章编号 0257-4799(2018)02-0283-07

A Study on Method of Online Discrimination of Male and Female Silkworm Pupae by Near Infrared Spectroscopy

Yan Hui^{1,2} Liang Mengxing¹ Guo Cheng¹ Zhang Yeshun^{1,2} Zhang Guozheng^{1,2*}

(¹College of Biotechnology, Jiangsu University of Science and Technology, Zhenjiang Jiangsu 212018, China; ²The Sericultural Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Zhenjiang Jiangsu 212018, China)

Abstract Implementation of novel technology and equipment for automatic discrimination of male and female pupae is one of the effective ways to solve the problem of labor shortage and to ensure the accuracy of pupa sex identification in silkworm (*Bombyx mori*) egg production. Male and female pupae from 6 silkworm varieties were discriminated with a self-made online near infrared (NIR) spectroscopic detection device. The NIR spectra of silkworm pupa samples were collected under three different conditions. Pupa sex discrimination models were established by partial least squares discriminant analysis (PLSDA) with the whole variables and selected variables competitive adaptive reweighted sampling (CARS) and uninformative variable elimination (UVE), respectively. The results showed that the accuracy of pupa sex discrimination was all 100% under 3 spectrum collection conditions when the spectral data from pupae of single silkworm variety were applied in modeling. The spectral data modeling from pupae of mixed silkworm varieties showed that the discrimination accuracy of method a (integration time 8 ms, scanning 5 times), b (integration time 8 ms, scanning 10 times) and c (integration time 20 ms, scanning 10 times) was 94.2%, 95.2% and 100%, respectively. For method a (high speed spectrum collection), the test result of model from optimization by CARS was better than that by UVE. The accuracy for calibration set, cross verification set and test set of pupa samples was 100%, 100% and 96.2%, respectively. The developed online NIR spectro-

收稿日期: 2017-10-18 接受日期: 2017-11-26

资助项目: 现代农业产业技术体系建设专项(No.CARS-18)。

第一作者信息: 颜辉(1971—),男,博士,副教授。

E-mail: yanhh1006@163.com

通信作者信息: 张国政,研究员。

E-mail: zgzsri@163.com

* Corresponding author. E-mail: zgzsri@163.com

scopic discrimination device, detection method and models can be further used in quick discrimination and sorting of male and female silkworm pupae in silkworm egg production.

Keywords Silkworm pupa; Sex discrimination; Near infrared spectroscopy; Partial least squares discriminant analysis; Wavelength optimization

我国蚕桑生产上推广饲养家蚕一代杂交种已有很长的历史。鉴于蚕种在茧丝绸产业中的物质基础地位,提高蚕种质量及蚕种生产效率一直备受关注。在蚕种生产过程中,雌雄蚕蛹的鉴别分选是一个重要的技术环节,雌雄蛹鉴别的正确率和鉴别功效直接影响到一代杂交种的杂交彻底率和蚕种生产成本。近10多年育成的一系列限性斑纹家蚕品种可以在制种过程根据幼虫斑纹的有无鉴别雌雄,保证了雌雄鉴别的正确率,鉴别效率也大幅度提高。但是,目前仍有一些经济性状优良的普通家蚕品种在生产上饲养,这些优良家蚕品种的一代杂交种生产,仍然需要由熟悉蚕种生产的工人通过肉眼观察雌雄蚕蛹的外部形态特征进行分选,这种方法耗时耗力,而且蚕种生产的季节性,使蚕种生产用工短缺的问题日趋突出^[1],与现代蚕桑产业技术体系优质、高效、省力化的发展方向不相适应。研究自动识别方法和装置,实现快速、高效分选雌雄蚕蛹是解决问题的重要途径之一^[2]。分选的前提是鉴别,因此需要建立高效的雌雄蚕蛹鉴别方法。

日本学者曾根据蚕茧的质量区分蚕蛹的性别,并制造了蚕茧雌雄鉴别机,但因错判率较高未得到推广应用。国内的研究者利用荧光检测法鉴别雌雄蛹茧,但只适用于茧色判性家蚕品种及其特定的杂交组合^[3];应用计算机数字图像处理和神经网络技术对雌雄蚕蛹进行自动识别的方法有一定的可行性,但由于蛹体为不规则椭圆球体,所带来的空间变化模糊造成蚕蛹图像中大量细节结构特征信息丢失,极大地降低了雌雄蚕蛹识别的正确率^[4-5]。

近红外光谱分析技术具有测试速度快、无损和绿色无污染等优点,在农产(食)品、医药等领域被广泛应用^[6]。我们曾经建立了利用蚕茧的近红外光谱鉴别蚕蛹雌雄的技术,其正确率达到了94%以上^[7]。代芬等^[8]建立了利用蚕茧的近红外漫透射光谱鉴别雌雄蚕蛹的方法,鉴别正确率达到92%。上述2项研究都属于静态检测,鉴别速度较慢。为提高雌雄蚕蛹的鉴别速度须建立动态检测技术,且要尽可能提高光谱采集速度,才能实现高速分选。

为此,本项研究在自制雌雄蚕蛹在线近红外光谱检测分选装置的基础上,通过高速采集光谱条件下的敏感波长优选及建立预测模型,并对6个家蚕品种原种的雌雄蚕蛹进行鉴别测试,以期提供可应用于蚕种生产的快速鉴别分选雌雄蛹的新技术、新设备。

1 材料与方法

1.1 供试家蚕蛹

以化蛹后2~5 d的蚕蛹供试,所有蚕蛹样品均由中国农业科学院蚕业研究所育种与养蚕研究室提供,包括了1个地方品种(大造)、3个生产用品种的原种(菁松A、苏、虎)和2个杂交原种(野B·菁松A、苏·镇),共计204头雌蛹、190头雄蛹。各家蚕品种供试雌雄蛹的数量见表1。按2:1随机选取各家蚕品种的蚕蛹组成校正集和预测集,校正集和预测集分别为262个和132个。

表1 供试蚕蛹来源家蚕品种与样本数量

Table 1 Variety and sample number of silkworm pupae for test

家蚕品种 Silkworm variety	雌蛹数量 / 头 Number of female pupae		雄蛹数量 / 头 Number of male pupae	
菁松 A Jingsong A	28		33	
苏 Su	32		32	
虎 Hu	37		30	
野 B·菁松 A Ye B·Jingsong A	53		33	
苏·镇 Su·Zhen	31		36	
大造 Dazao	23		26	
合计 Total	204		190	

1.2 在线检测装置

自制近红外光谱在线检测装置构成如图1所示。灯泡功率90 W,在灯泡上方的装置顶部配置风扇,防止装置温度过高而损伤蚕蛹,蚕蛹置于检测转盘上,在电机的带动下转动,转速可调。蚕蛹置于转盘的凹槽中,蚕蛹漫透射光由准直透镜汇聚,经光纤进入QE65 Pro型光谱仪(美国Ocean Optics公司),波长范围780.423~1 005.232 nm,1 044个波长变量。在OmniDriver 2.12软件的基础上,采用C#语言开发光谱采集软件,实现光谱在线采集。

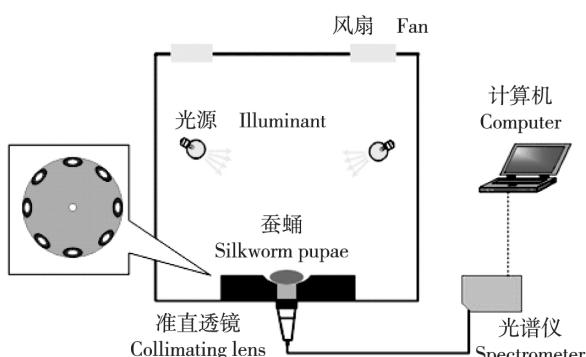


图1 雌雄蚕蛹近红外光谱在线检测装置构成示意图

Fig. 1 Schematic diagram of online detection device for discriminating male and female silkworm pupae by near infrared spectroscopy

1.3 近红外光谱采集及数据预处理和波长优选方法

1.3.1 近红外光谱采集 打开光谱仪,进行暗电流校正,然后打开光源预热5 min,以空气为参照光谱。将蚕蛹放置于蚕蛹托盘的凹槽中,打开马达并调节转速,蚕蛹转动的线速度为12.56 cm/s。设置3种条件采集蚕蛹的近红外透射光谱。方法a的条件是积分时间8 ms,扫描次数5次;方法b的条件是积分时间8 ms,扫描次数10次;方法c的条件是积分时间20 ms,扫描次数10次。

1.3.2 光谱数据预处理 在线采集光谱时,由于受机械振动、杂散光和电噪声等影响,光谱数据中存在噪声,因而需要对在线采集的蚕蛹光谱数据进行预处理,突显光谱信息。本试验中分别采用均值中心化(Mean center)、一阶求导(1st D)、标准正态变量变换(Standard normal variable transformation, SNV)^[9]等方法对光谱数据进行预处理。

1.3.3 光谱数据的偏最小二乘判别分析(partial least squares discriminant analysis, PLSDA) PLSDA是一种基于特征变量的回归方法,是偏最小二乘算法中的一种,主要用于最大化地提取不同类别光谱间的差异性,能够处理变量较多且有多重线性的数据^[10-11]。将雌性蚕蛹标记为1,雄性蚕蛹标记为2,用留一法(Leave one out, LOO)交叉验证,则将雌性蚕蛹的数据类别转化为[1 0],雄性蚕蛹的数据类别转化为[0 1],作为光谱数据的参考值,然后进行PLSDA建模。

1.3.4 采集波长优选 (1)自适应加权(Competitive adaptive reweighted sampling, CARS)采样。CARS是

一种全新的特征波长算法,算法整体采用达尔文的“适者生存”原则,将每个波长的变量看作一个个体,然后淘汰不适应个体,整个波长选择过程中,不断保留回归系数绝对值最大的波长变量,并进行交叉建模。根据模型交叉验证均方根误差(root mean square error of cross validation, RMSECV)最小的原则获得最优波长变量子集^[12-13]。经预处理的蚕蛹光谱数据采用CARS方法优选敏感波长,然后采用PLSDA方法进行建模,并采用LOO法交叉验证。(2)无信息变量消除法(Uninformative variable elimination, UVE)。UVE是建立在分析PLSDA回归系数基础上的算法,目的是消除不能提供有用信息的波长变量。在PLSDA多元回归模型中,UVE是把随机变量矩阵加入光谱矩阵中,然后建立PLSDA多元回归模型,从而得到回归系数的矩阵,分析回归系数向量的均值和标准偏差的商的稳定性。根据商值的绝对值大小决定是否把该变量用于最终的模型中^[14]。本研究采用UVE方法对预处理后的蚕蛹光谱数据进行优化,设定的主要因子数为4,去除70%数据量后,将优选出的波长变量进行PLSDA建模,采用LOO法交叉验证。

1.3.5 模型评价 PLSDA模型对校正集、交叉验证集和预测集的预测正确率越高,判别效果越好^[15],同时也需要考虑到模型采用的潜在变量数,增加潜在变量可以提高模型预测结果的正确率,但潜在变量太多可引起过拟合,使模型的预测正确率反而下降^[16],故潜在变量通常不超过7个。

1.3.6 数据分析使用软件 本研究所有数据分析均在Matlab 2009b软件平台上进行,近红外光谱数据处理使用PLS-Toolbox 6.21工具箱(Eigenvector Research公司),UVE与CARS分别使用ChemoAC和CARS-PLS工具箱实现。

2 结果与分析

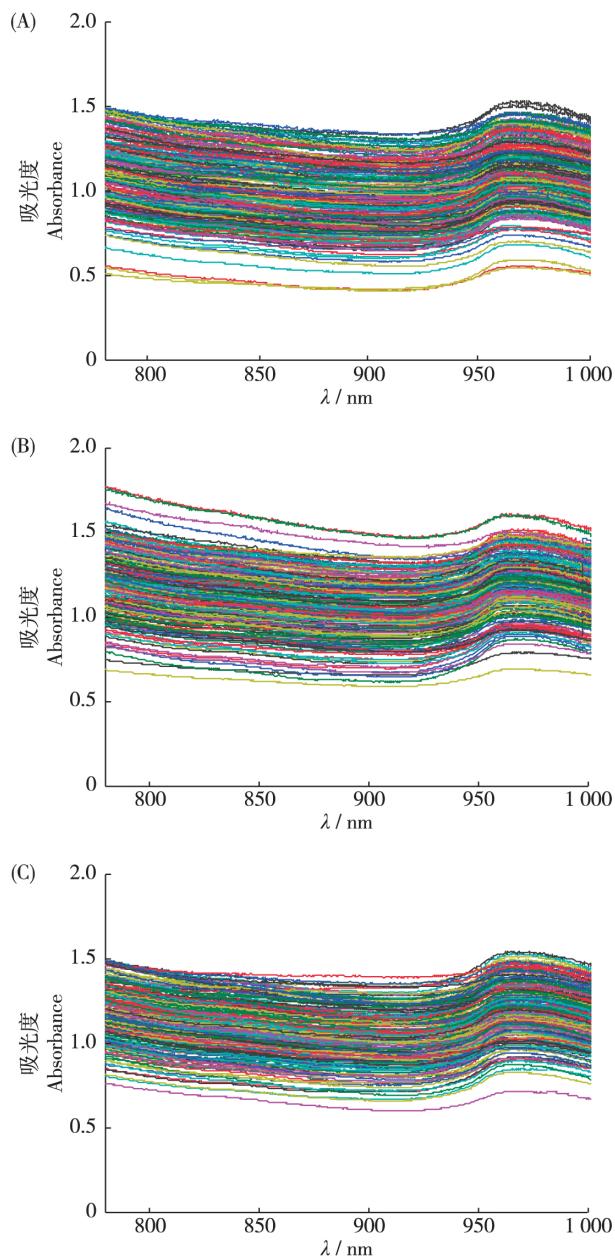
2.1 蚕蛹的原始近红外光谱

在设置的3种光谱采集条件下,蚕蛹的原始光谱数据如图2所示,其中在波长为980 nm处有较为明显的O—H的吸收峰^[17],但所有蚕蛹样品的原始光谱曲线相似,难以直接区分雌雄。

2.2 预处理后的蚕蛹近红外光谱

经过多次试验,以联合应用1st D(窗口宽度11点)、SNV和Mean center方法对供试蚕蛹的原始光谱数据进行预处理,结果如图3所示。从局部放大

图中可看出,供试蚕蛹样品的近红外光谱在不同波长变量下有很多差异,因此经预处理后可以突显特征信息。

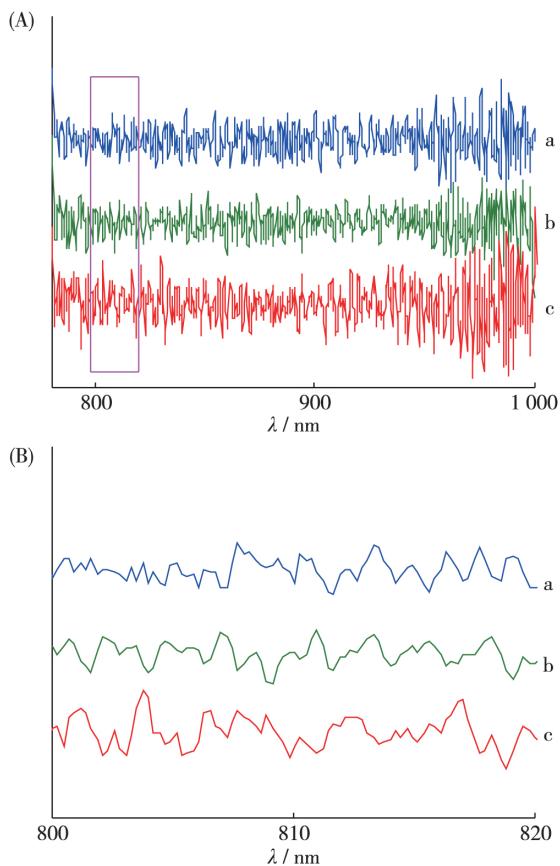


A. 采谱条件为积分时间 8 ms 扫描次数 5 次 B. 采谱条件为积分时间 8 ms 扫描次数 10 次 C. 采谱条件为积分时间 10 ms 扫描次数 10 次

A. The integration time is 8 ms , the scanning frequency is 5 times B. The integration time is 8 ms , the scanning frequency is 10 times C. The integration time is 20 ms , the scanning frequency is 10 times

图 2 3 种条件下采集蚕蛹样品的原始近红外光谱

Fig. 2 The collected original near infrared spectra of silkworm pupa samples under 3 spectrum collection conditions



B 图为 A 图红框标记区域的局部放大图。a—采谱条件为积分时间 8 ms 扫描次数 5 次;b—采谱条件为积分时间 8 ms 扫描次数 10 次;c—采谱条件为积分时间 20 ms 扫描次数 10 次。

Panel B is enlarged view of red region of panel A. a—The integration time is 8 ms , the scanning frequency is 5 times; b—The integration time is 8 ms , the scanning frequency is 10 times; c—The integration time is 20 ms , the scanning frequency is 10 times.

图 3 经过预处理的蚕蛹样品的近红外光谱

Fig. 3 Near infrared spectra of silkworm pupa samples after pretreatment

2.3 单个家蚕品种蚕蛹的光谱数据建立PLSDA模型的雌雄鉴别正确率

分别对 6 个供试家蚕品种的蚕蛹样品的近红外光谱数据进行建模分析,在方法 a、b、c 设定条件下采集数据建模,校正集、交叉验证集和预测集的雌雄判别正确率均为 100%。在主因子数(判断模型预测能力)较少的情况下,雌雄蚕蛹样品的分辨正确率极高,表明高速采集条件下,近红外光谱对于单一家蚕品种雌雄蛹检测鉴别是可行的,其鉴别的正确率优于代芬等^[8]的研究结果,可能与本项研究取样为蚕蛹而非蚕茧有关。

2.4 多个家蚕品种蚕蛹的光谱数据建立 PLSDA 模型的雌雄鉴别正确率

将6个供试家蚕品种的蚕蛹样品混合后采集的近红外光谱进行预处理(预处理方法为 1^{st} D+SNV+Mean center),然后PLSDA建模,最后获得3种采谱条件下的雌雄蛹鉴别结果。如表2所示,按照方法a设置的条件采集光谱,建立PLA模型对校正集的预测正确率为98.0%,交叉验证集的预测正确率为95.2%;预测集的预测正确率为94.2%;按照方法b设置的条件采集光谱,建立模型对校正集的预测正确率为99.5%,交叉验证集的预测正确率为95.7%;预测集的预测正确率为95.2%;按照方法c设置的条件采集光谱,建立模型对校正集、交叉验证集和预测集的预测正确率都为100%。对于预测集,大部分蚕蛹样品的光谱数据都能鉴别出雌雄,其中方法c采集光谱数据的鉴别效果比方法a和b好,反映出采样积分时间越长、扫描次数越多,鉴别效果越好,这与采集的光谱质量较高有关。由于实际生产中需要对雌雄茧进行快速分选,要求光谱采集速度快,但高速采集光谱的方法a的检测正确率不如方法b、c高,因此需要进一步对方法a的光谱分析方法进行优化,筛选敏感波长,以期提高鉴别的正确率。

表2 多个家蚕品种的蚕蛹在不同条件下采集近红外光谱数据建模的雌雄鉴别效果

Table 2 Male and female silkworm pupa discrimination effects of multiple *Bombyx mori* varieties from PLSDA model built with near infrared spectroscopy based on different spectrum collection conditions

方法 ¹⁾ Method ¹⁾	因子数目 Number of factors	雌雄鉴别正确率 / % Discrimination accuracy		
		校正集 Calibration set	交叉验证集 Cross validation set	预测集 Prediction set
a	4	98.0	95.2	94.2
b	5	99.5	95.7	95.2
c	4	100	100	100

¹⁾a—采谱条件为积分时间8 ms,扫描次数5次;b—采谱条件为积分时间8 ms,扫描次数10次;c—采谱条件为积分时间20 ms,扫描次数10次。总样本数量为394个。

¹⁾a—The integration time is 8 ms, the scanning frequency is 5 times; b—The integration time is 8 ms, the scanning frequency is 10 times; c—The integration time is 20 ms, the scanning frequency is 10 times. The number of total samples is 394.

2.5 对方法a采集光谱波长的优选

2.5.1 经CARS法优选的效果 对方法a设置条件下采集的原始光谱经 1^{st} D、SNV和Mean center预处理后,采用CARS方法进行波长优选。图4显示了CARS波长变量筛选过程,当运行次数达到20次时,交叉验证均方根误差(RMSECV)达到最小值,包含115个波长变量。使用优选后的波长变量进行PLSDA建模,对蚕蛹样品的雌雄鉴别结果如表3所示。在使用CARS方法优选波长变量后,预测结果的准确性得到了提高,校正集预测正确率为100%,交叉验证集的正确率由95.2%提高到100%,预测集的正确率由94.2%提高到96.2%,因此达到了提高模型预测正确率的目的。

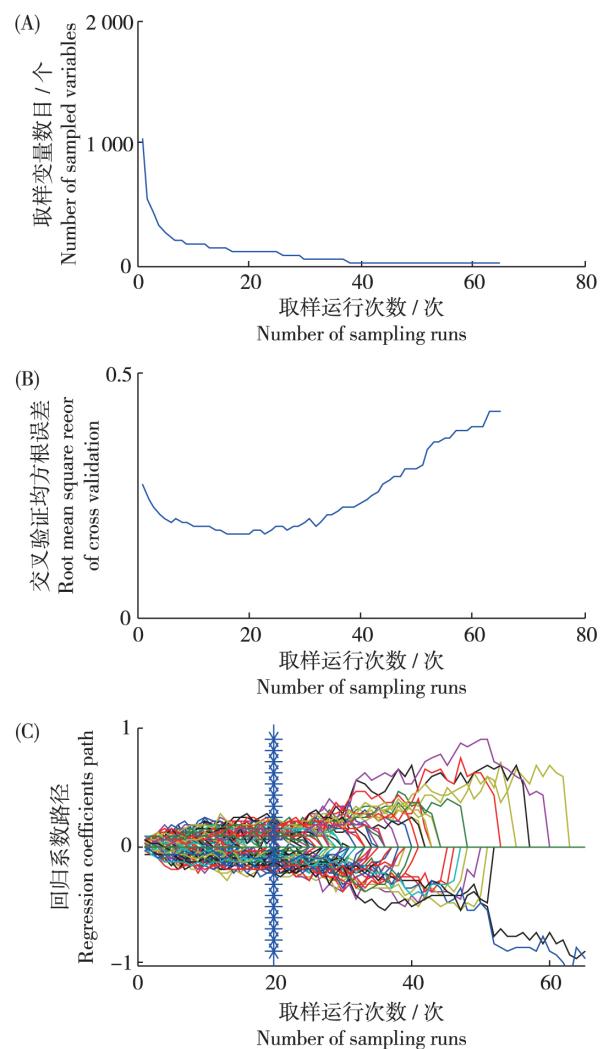


图4 用CARS方法对波长变量进行筛选的过程

Fig. 4 Process of filtering wavelength variables by competitive adaptive reweighted sampling method

表3 对方法a采集蚕蛹样品近红外光谱的波长变量优选后建模的雌雄鉴别效果

Table 3 Male and female pupa discrimination effects of model built with near infrared spectroscopy based on optimized wavelength variables collected by method a

项目 Item	优选方法 Optimized method	
	竞争性自适应加权算法 CARS	无信息变量消除法 UVE
因子数目 Number of factors	5	4
雌雄鉴别正确率 / % Accuracy of discrimination	校正集 Calibration set	100
	交叉验证集 Cross validation set	100
	预测集 Prediction set	96.2
		95.4

2.5.2 经 UVE 法优选的效果 对方法 a 设置条件下采集到的原始光谱经 1^{st} D、SNV 和 Mean center 预处理后,采用 UVE 方法对波长进行优选,特征波长的数量由 1 024 个降为 640 个,建立 PLSDA 模型后对雌雄蚕蛹的鉴别效果如表 3 所示:与未经波长变量优化建立的 PLSDA 模型鉴别效果比较,交叉验证的正确率由 95.2% 提高到 98.5%,预测集的正确率由 94.2% 提高到 95.4%。UVE-PLSDA 的方法消除了全波长数据中的一些冗余的波长变量,因此使模型的预测精确度得到了提高,并且由于数据矩阵维数的大大降低,在一定程度上也简化了模型。这说明采用 UVE 方法对预处理后的蚕蛹近红外光谱数据进行波长优选,有利于提高雌雄蚕蛹分辨正确率。

2.5.3 2 种方法优选的效果比较 图 5、图 6 分别为波长变量经 CARS 法和 UVE 法优选后建立 PLSDA 模型对蚕蛹样品的雌雄鉴别结果。将雌性蚕蛹标记为类 1,雄性蚕蛹标记为类 2,用留一法交叉验证,将雌性蚕蛹的数据类别转化为 [1 0],雄性蚕蛹的数据类别转化为 [0 1],阈值为 0.5,以这条线为分界线,离分界线越远,数据的辨别率越高。由图 5、图 6 可以看出:对于校正集,经 2 种方法优选波长后建模都能 100% 准确鉴别雌雄蚕蛹;对于预测集,经 2 种方法优选波长后建模的雌雄蚕蛹鉴别效果都没校正集好,二者之间相比,CARS-PLSDA 优化预测样品雌雄的错误率比 UVE-PLSDA 低,与表 3 的结果相一致。经 CARS 与 UVE 2 种方法选出的波长变量如图 7 所示,CARS 算法筛选出 115 个

波长变量(图 7-A),UVE 算法筛选出 640 个波长变量(图 7-B),2 种方法选出的波长变量有很多重复。从鉴别效果看,CARS-PLSDA 法一方面在预测集的错误率比 UVE-PLSDA 法降幅更大,模型准确性更好;另一方面,CARS-PLSDA 法仅仅使用了 115 个波长变量,在简化模型的能力上也比 UVE-PLSDA 更好。因此,采用 CARS-PLSDA 法优化波长变量具有更好的应用价值。

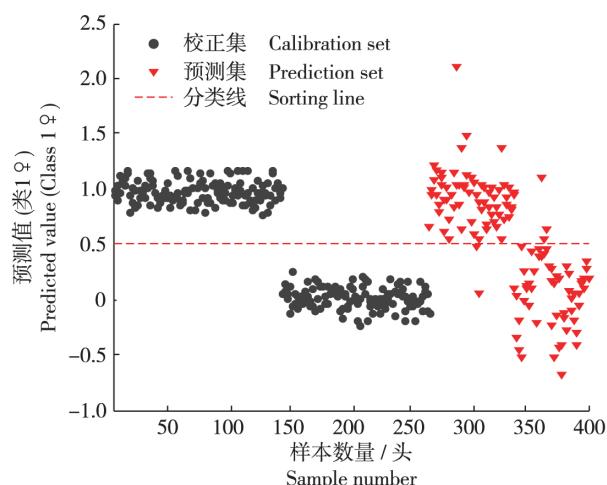


图 5 采用 CARS 法优选波长变量后建立 PLSDA 模型对雌雄蚕蛹的鉴别效果

Fig. 5 Male and female pupa discrimination effect of PLSDA model by using CARS method to optimize the wavelength variables

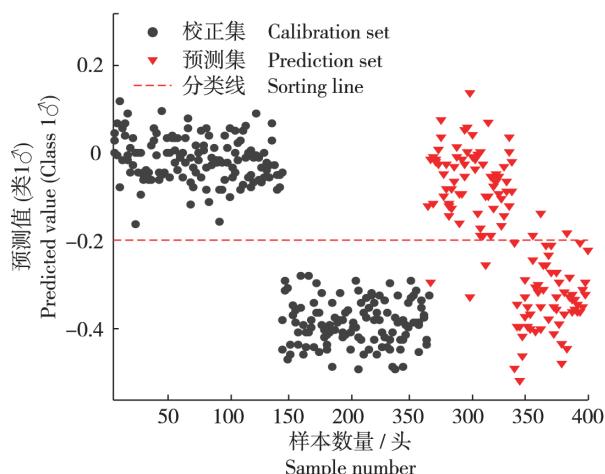


图 6 采用 UVE 法优选波长变量后建立 PLSDA 模型对雌雄蚕蛹的鉴别效果

Fig. 6 Male and female pupa discrimination effect of PLSDA model by using UVE method to optimize the wavelength variables

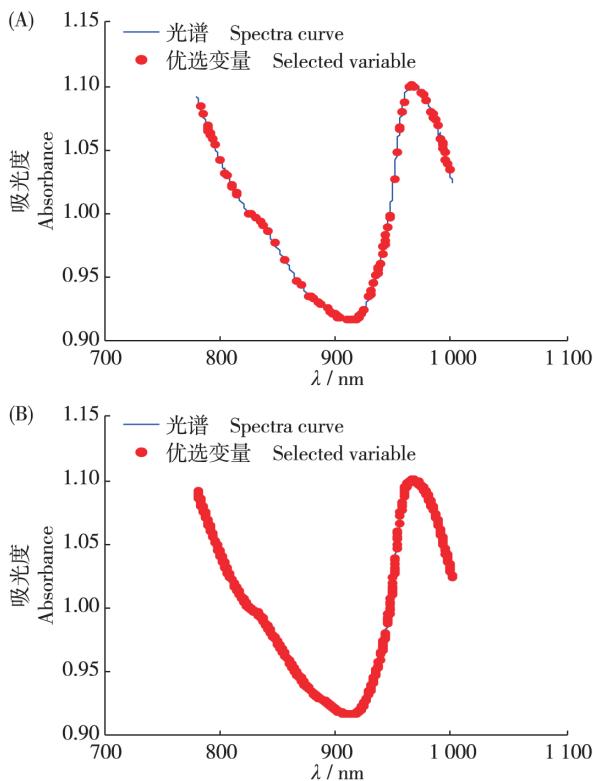


图7 采集蚕蛹样品近红外光谱用CARS法(A)和UVE法(B)优选后的波长变量

Fig. 7 The wavelength variables of collected near infrared spectra of silkworm pupa samples after optimization by CARS (A) and UVE (B) methods

3 结论

本项研究结果初步表明,自制的在线近红外光谱检测装置结合PLSDA建模的方法有望应用于蚕种生产过程中的雌雄蚕蛹快速鉴别与分选,可为提高蚕种生产的工效以及保证蚕种的品质提供新的技术支撑。通过CARS方法筛选获得采集蚕蛹样品的敏感波长,可提高雌雄鉴别的正确率,对校正集、交叉验证集和预测集样品的雌雄鉴别正确率分别为100%、100%和96.2%,提升了设备与技术的实用价值。

参考文献 (References)

- [1] 李建琴,顾国达,封槐松.我国蚕种生产与经营存在的问题及对策[J].蚕业科学,2011,37(2):285-291
- [2] 胡祚忠,吴建梅,张剑飞,等.我国蚕桑生产机械设备的研究概况[J].蚕业科学,2010,36(6):998-1003
- [3] 龚攀,李光林.基于计算机视觉的蚕蛹性别识别应用研究[J].农机化研究,2014,36(1):206-209
- [4] 刘敬全,于振诚,崔玉梅,等.家蚕荧光茧色判性蚕品种荧光、春玉的育成及其一代杂交种的选配[J].蚕业科学,1996,22(3):155-159
- [5] 陶丹,王峥荣,李光林,等.基于解模糊算法的蚕蛹图像恢复及雌雄识别[J].农业工程学报,2016,32(16):168-174
- [6] 叶华俊,张学锋,吴继明,等.新型在线近红外分析系统用于工业醋酸生产的实时监测[J].光谱学与光谱分析,2010,30(5):1234-1237
- [7] 李玉品,陈斌,颜辉,等.近红外光谱分析法在蚕茧性别鉴定上的应用[J].江苏农业科学,2009,37(1):237-239
- [8] 代芬,吴玲,叶观艳,等.基于近红外漫透射光谱信息的蚕茧雌雄检测[J].农业机械学报,2015,46(12):280-284
- [9] YAN H ,HAN B X ,WU Q Y ,et al.Rapid detection of *Rosa laevigata* polysaccharide content by near-infrared spectroscopy [J]. Spectrochim Acta A, 2011, 79(1):179-184
- [10] 杨忠,任海青,江泽慧.PLS-DA法判别分析木材生物腐朽的研究[J].光谱学与光谱分析,2008,28(4):793-796
- [11] 傅谊,张拥军,陈华才,等.基于偏最小二乘法的板栗近红外光谱分析模型的建立[J].食品科技,2012,37(5):42-45
- [12] 李江波,郭志明,黄文倩,等.应用CARS和SPA算法对草莓SSC含量NIR光谱预测模型中变量及样本筛选[J].光谱学与光谱分析,2015,35(2):372-378
- [13] 吴静珠,徐云.基于CARS-PLS的食用油脂肪酸近红外定量分析模型优化[J].农业机械学报,2011,42(10):162-166
- [14] 温珍才,孙通,耿响,等.可见/近红外联合UVE-PLS-LDA鉴别压榨和浸出山茶油[J].光谱学与光谱分析,2013,33(9):2354-2358
- [15] CHEN C W ,YAN H ,HAN B X .Rapid identification of three varieties of *Chrysanthemum* with near infrared spectroscopy [J]. Rev Bras Farmacogn, 2014, 24(1):33-37
- [16] 陆丹,邓海山,池玉梅,等.近红外光谱技术鉴别虎掌南星与天南星[J].中成药,2011,33(5):841-845
- [17] 陆婉珍.现代近红外光谱分析技术[M].北京:中国石化出版社,2006:30-33