

DOI:10.16136/j.joel.2022.01.0328

BP 神经网络结合变量选择方法在牛奶蛋白质含量检测中的应用

胡鹏伟^{1,2}, 刘江平^{1,2*}, 薛河儒¹, 刘美辰¹, 刘一磊¹, 黄 清¹

(1. 内蒙古农业大学 计算机与信息工程学院, 内蒙古 呼和浩特 010018; 2. 内蒙古自治区农牧业大数据研究与应用重点实验室, 内蒙古 呼和浩特 010030)

摘要: 牛奶中的蛋白质含量会影响牛奶的品质, 利用高光谱图像的光谱特征信息研究对牛奶蛋白质含量预测的可行性。本文提出一种基于竞争性自适应重加权算法 (competitive adaptive re-weighted sampling, CARS) 和连续投影算法 (successive projections algorithm, SPA) 结合多层前馈神经网络 (back propagation, BP) 的预测建模方法, 实验以含有不同浓度蛋白质的牛奶为对象, 利用可见光/近红外高光谱成像系统共采集到 5 种牛奶共计 250 组高光谱数据, 通过实验对比选择采用标准化方法对获取到的吸收光谱预处理, 然后采用 CARS 结合 SPA 筛选特征波长, 得到 18 个特征波长, 建立 CARS-SPA-BP 模型, 经过试验, CARS-SPA-BP 模型的训练集决定系数和测试集决定系数 R_c^2 和 R_p^2 分别达到 0.971 和 0.968, 训练集均方根误差 (root mean square error of calibration, RMSEC) 和测试集均方根误差 (root mean square error of prediction, RMSEP) 达到了 0.033 和 0.034。研究发现, 采用 CARS 结合 SPA 筛选的牛奶特征波长建立的多层前馈神经网络模型, 其模型预测结果与全波长建模相比并没有明显降低, 因此将 CARS 结合 SPA 用于波长筛选并且结合 BP 神经网络基本可以完成对牛奶蛋白质含量的预测。为验证 CARS-SPA-BP 模型的预测能力, 在相同数据环境下, 使用较为传统的偏最小二乘回归 (partial least squares regression, PLSR) 进行建模, 实验结果表明, CARS-SPA-BP 相较于 PLSR, R_p^2 和 RMSEP 均有明显提升。研究表明, CARS-SPA-BP 可充分利用牛奶光谱特征信息实现较高精度的牛奶蛋白质含量检测。

关键词: 牛奶蛋白质; 光谱分析; 特征波长; 竞争性自适应重加权算法 (competitive adaptive re-weighted sampling, CARS); 连续投影算法 (successive projections algorithm, SPA); BP (back propagation) 神经网络; 预测模型

中图分类号: S3 文献标识码: A 文章编号: 1005-0086(2022)01-0023-07

Application of BP neural network and variable selection method in protein content detection of milk

HU Pengwei^{1,2}, LIU Jiangping^{1,2*}, XUE Heru¹, LIU Meichen¹, LIU Yilei¹, HUANG Qing¹

(1. College of Computer and Information Engineering of the Inner Mongolia Agricultural University, Huhhot, Inner Mongolia 010018, China; 2. Inner Mongolia Autonomous Region Key Laboratory of Big Data Research and Application of Agriculture and Animal Husbandry, Huhhot, Inner Mongolia 010030, China)

Abstract: The protein content of milk will affect the quality of milk. The feasibility of predicting the protein content of milk is studied by using the spectral feature information of hyperspectral image. In this paper, a prediction modeling method (CARS-SPA-BP) based on competitive adaptive reweighted sampling (CARS) and successive projections algorithm (SPA) combined with multilayer feedforward neural network (back propagation, BP) is proposed. In the experiment, 250 groups of hyperspectral data of five kinds of milk were collected by the visible/near infrared hyperspectral imaging system. Through the experimental comparison, the standardized method was used to preprocess the obtained absorption spec-

* E-mail: liujiangping@imau.edu.cn

收稿日期: 2021-05-19 修订日期: 2021-06-19

基金项目: 国家自然科学基金 (61962048) 和内蒙古科技厅关键技术攻关项目 (2020GG0169) 资助项目

trum, and then the CARS combined with SPA was used to select the characteristic wavelength, 18 characteristic wavelengths are obtained. Through experiments, the determination coefficients R_c^2 and R_p^2 of training set and test set of CARS-SPA-BP model reach 0.971 and 0.968 respectively, and the root mean square error of calibration (RMSEC) and root mean square error of prediction (RMSEP) reach 0.033 and 0.034, respectively. It is found that the prediction results of multilayer back propagation (BP) neural network model based on CARS and SPA are not significantly lower than that of full wavelength model. Therefore, the CARS combined with SPA for wavelength screening and BP neural network can basically complete the prediction of milk protein content. In order to verify the prediction ability of CARS-SPA-BP model, the traditional partial least squares regression (PLSR) is used to model under the same data environment. The experimental results show that CARS-SPA-BP has significantly improved R_p^2 and RMSEP compared with PLSR. The results show that CARS-SPA-BP can make full use of the spectral characteristics of milk to achieve high-precision detection of milk protein content.

Key words: milk protein; spectral analysis; characteristic wavelength; competitive adaptive reweighted sampling (CARS); successive projections algorithm (SPA); back propagation (BP) neural network; prediction model

1 引言

对于乳制品营养物质的评价中,较为重要的指标就是蛋白质含量。牛奶作为人们日常生活中必需的蛋白质吸收来源,其质量问题严重影响乳品行业的发展和消费者的身体健康^[1],找到更快速、准确的牛奶蛋白质含量检测方法,对乳业质检有着重要意义。

光谱分析法凭借其快速、无损、可在线检测等特点,在农业、医药、食品等多个领域中被广泛应用,并且在牛乳蛋白质含量检测上也被证明有效^[2]。基于高光谱的牛奶蛋白质检测一般要经过三个步骤:1) 利用高光谱成像仪对样品进行扫描,获取原始光谱数据;2) 对光谱数据进行适当的处理,消除干扰数据并对数据进行降维;3) 建立预测模型。近年来国内利用光谱分析法检测牛奶成分含量已有报道,张倩倩等^[3]基于高光谱技术,利用主成分回归(partial least squares regression, PCR)和最小二乘支持向量机(least squares-support vector machine, LS-SVM)建立牛奶蛋白质含量和反射光谱之间的定量校正模型,效果良好。赵明富等^[4]基于近红外透射光谱提出了用偏最小二乘回归(principal component regression, PLS)模型检测牛奶中蛋白质含量和脂肪含量。赵紫竹等^[5]提出基于高光谱成像技术的检测方法,利用PLS和N-PLS模型分析牛奶中脂肪含量。

目前将高光谱技术用于牛奶的研究中,大都采用主成分分析法对原始光谱数据降维,然后利用传统的机器学习算法建立回归模型,如PLS、PCR、支持向量回归(support vector regression, SVR)等。采用主成分分析法对原始光谱数据降维,极大地破坏了高光谱曲线,没有实际的物理意

义,同时,传统机器学习算法对牛奶蛋白质含量检测的准确率有待提升。通过神经网络可以快速有效地检测牛奶蛋白质含量,提升准确率。利用高光谱技术结合神经网络对牛奶蛋白质含量检测的研究也鲜有报道。因此本文在对原始光谱进行标准化预处理的基础上,提出了采用竞争性自适应重加权算法(competitive adaptive reweighted sampling, CARS)结合连续投影算法(successive projections algorithm, SPA)筛选特征波长,并作为BP(back propagation)神经网络的输入建立牛奶蛋白质含量预测模型,实验结果验证了本文方法的可行性。

2 材料与方法

2.1 样本制备与数据采集

实验采用市面上常见的蒙牛高钙、特仑苏、伊利脱脂、伊利QQ星、伊利臻浓5种品牌的不同蛋白质浓度的纯牛奶,其蛋白质含量分别为3.0 g/100 mL、3.6 g/100 mL、3.2 g/100 mL、3.2 g/100 mL、3.3 g/100 mL。样品搅拌均匀后放置于培养皿中,使用型号欧普特HyperSpec PTU-D48E高光谱成像仪进行扫描,成像系统的光谱范围为400—1000 nm(可见光-近红外光谱范围),共有125个波段,采集数据前对高光谱成像系统进行了黑白校正^[6]。使用ENVI软件对原样本进行感兴趣区域提取(region of interest, ROI),每份样本划分50个大小相同的ROI,最终获得250份光谱数据。图1为5种样本光谱图。

2.2 光谱预处理

分别对原始光谱进行变量标准化(standardize)、多元散射校正(multiple scatter correction, MSC)、中心化(mean centralization)、Savitzky-Golay(S-G)平滑预处理,进行光谱预处理是为了找到最

佳的建模方法,从表 1 的结果得知,采用标准化处理光谱数据得到的模型结果是最优的,因此后面的变量选择方法都是基于标准化预处理光谱。

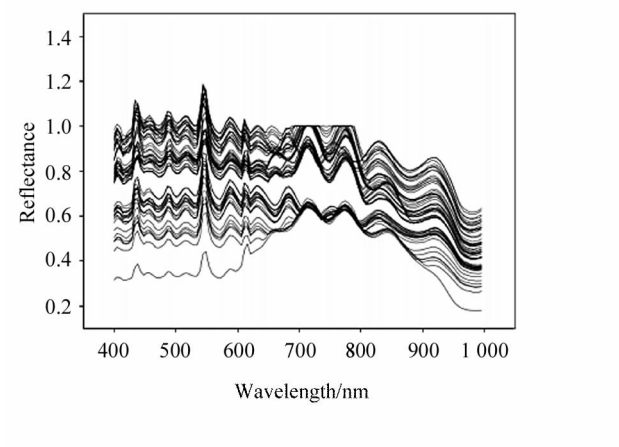


图 1 样品光谱图
Fig. 1 Spectrogram of samples

本文BP神经网络模型评价指标包括决定系数

(R^2)和均方根预测误差(root mean square error of prediction, $RMSEP$), R^2 越大, $RMSEP$ 越小,表明模型整体误差越小,准确率越高^[7]。后面采用的两种方法挑选出来的特征波长采用 BP 神经网络建模。

2.3 特征波长选取

由于高光谱图像的波段数量多,数据量大,波段之间的相关性强^[8],因此采用全波长建立的模型复杂,并且精度低。采用变量选择方法,能有效筛选牛奶蛋白质信息相关的特征波长,对波长变量进行压缩,简化模型结构,改善模型性能。采用 CARS 结合 SPA 筛选牛奶特征波长。

CARS 是一种结合蒙特卡罗采样算法和 PLS 的特征波长选择方法^[9]。CARS 是通过自适应重加权采样(adaptive reweighted sampling, ARS)技术筛选出 PLS 模型中回归系数绝对值大的波长变量,去除权重较小的波长变量,然后利用交叉验证选出交叉验证均方根误差(root mean square error of cross-validation, $RMSECV$)值最低的子集,从而找出最优的光谱矩阵^[10]。

表 1 BP 神经网络模型牛奶蛋白质含量的预测模型评价结果

Tab. 1 Evaluation results of BP neural network model for prediction of milk protein content

Spectral pretreatment method	Training set		Test set	
	R_c^2	$RMSEC/(g \cdot (100 \text{ mL})^{-1})$	R_p^2	$RMSEP/(g \cdot (100 \text{ mL})^{-1})$
Standardlize	0.983	0.025	0.980	0.026
MSC	0.900	0.062	0.586	0.122
mean_centralization	0.964	0.037	0.951	0.042
Savitzky-Golay	0.709	0.106	0.663	0.110
None	0.829	0.081	0.762	0.093

采用矢量空间共线性极小化的 SPA,其优点是能提取全波段多个特征波长,消除了信息重叠和冗余,可以用此方法提取光谱的特征波长^[11]。

2.4 BP 神经网络

由 Rumel Lhart 和 McClland 领导的一个科学家小组于 1986 年提出(BP, back propagation)网络,它是一个多层前馈神经网络,其模型包括输入层、隐含层和输出层,并利用神经元在各层之间建立全连接^[12]。其学习规则是采用最速下降法,不断地调整反向传播网络的权值和阈值,以减小误差。BP 神经网络在网络理论和性能方面均已较为成熟,但学习速度较慢是它的一个弊端^[13]。BP 神经网络结构如图 2 所示。

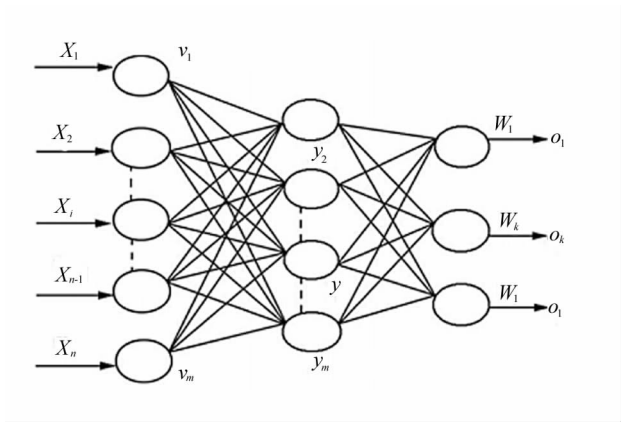


图 2 BP 神经网络结构
Fig. 2 Structure of BP neural network

3 特征波长

3.1 CARS 算法筛选特征波长

图3显示了CARS筛选牛奶取样的特征波长的整个过程,本次算法利用蒙特卡罗采取样本50次,然后利用10折交叉验证的 $RMSECV$ 选取最佳波长。从图3(a)中得知最佳迭代次数为17,在第17次采样时 $RMSECV$ 达到了最小值,如图3(b)所示,从图3(b)中也可以发现,伴随采样次数的增加, $RMSECV$ 整体呈上升的趋势。图3(c)的黑色虚线辅助线为第17次采样时各个变量的回归系数。通过判断 $RMSECV$ 的最小值,筛选得到30个特征波长,分别是438.8641, 491.6810, 496.4826, 501.2841, 506.0856, 539.6964, 592.5133, 597.3148,

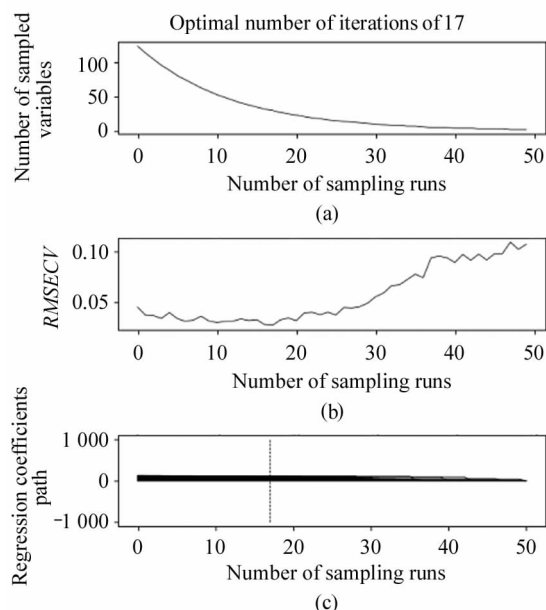


图3 牛奶取样的特征波长:(a) 取样变量的数量:

随着运行次数的增加,变量的数量逐渐减少;

(b) 交叉验证的均方根误差:随着样本数的增加,

单PLS模型的 $RMSECV$ 值先减小后增大,

在样本数为17时达到最小值;

(c) 回归系数,虚线表示最低 $RMSECV$ 值

Fig. 3 Characteristic wavelength of milk sampling:

(a) Number of sampled variables: As the number

of runs increases, the number of variables

gradually decreases; (b) $RMSECV$: As the number of

samples increased, the $RMSECV$ of a single

PLS model decreased first

and then increased, and the minimum

value can be reached when the number of samples was 17;

(c) Regression coefficients, where

the dotted line means the lowest $RMSECV$ value

626.1240, 659.7348, 674.1394, 678.9410, 688.5440, 712.5517, 726.9630, 760.5671, 770.1702, 784.5748, 818.1855, 822.9871, 827.7886, 846.9948, 880.6055, 895.0101, 909.4147, 914.2162, 928.6209, 938.2239, 981.437和986.2393 nm。

3.2 CARS 算法结合 SPA 算法筛选特征波长

通过CARS算法筛选的特征波长为30个,数量仍然比较多,为了进一步减少变量之间可能存在的相关性或共线性、获取更少的关键特征变量,利用SPA对CARS筛选出来的特征波长进一步降维。图4中的18个黑色方框代表30个变量采用SPA算法以后,筛选出18个特征波长,它们分别为506.0856, 597.3148, 986.2393, 822.9871, 491.6810, 909.4147, 626.1240, 659.7348, 938.2239, 496.4826, 539.6964, 501.2841, 688.5440, 981.4377, 784.7480, 880.6055, 674.1394, 438.8641。采用SPA以后,又进一步消除了光谱矩阵的冗余信息,且优化了模型从而提高模型效率。图5是SPA采用多元线性回归得到的不同波长变量

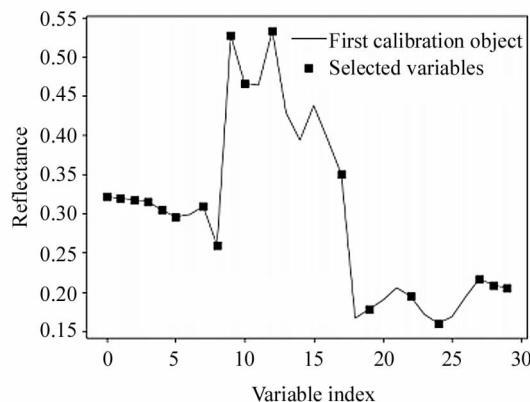


图4 SPA 筛选的最佳波长

Fig. 4 Optimal wavelength for SPA screening

Final number of selected variables: 18

($RMSE=0.044\ 089\ 962\ 249\ 711\ 16$)

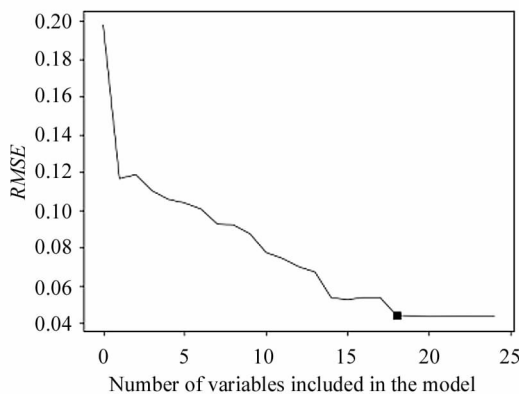


图5 不同波长变量下的均方根误差

Fig. 5 Root mean square error ($RMSE$) under different wavelength variables

下的均方根误差,SPA过程和原理参考文献[14—16]。

4 CARS-SPA-BP神经网络预测模型

4.1 输入输出层的设计

本文以python和PyTorch类库为基础构建BP神经网络。将CARS算法结合SPA算法筛选的18个特征波长数据作为输入,建立CARS-SPA-BP模型进行牛奶蛋白质含量的预测,所以本次实验设置BP神经网络的输入层节点数为18,输出层的节点数为1。

4.2 隐含层设计

在网络设计过程中,利用包含一个隐含层的三层多输入单输出BP神经网络进行牛奶蛋白质含量预测。确定隐含层神经元的数量非常重要,隐含层神经元的数量过多,会增加网络的运算量,且容易产生过拟合问题;隐含层神经元数量过少,会影响网络的性能,达不到预期的效果^[17]。在设计隐含层神经元的数量时,还要考虑研究问题的复杂度和输入输出层神经元的数量,以及对实验结果的期望。目前的研究中,没有具体的公式来确定隐含层神经元的数量,只是根据一些经验公式以及多次尝试实验来确定。就隐含层神经元数量的选择问题,本文参考了以下经验式(1):

$$d = \sqrt{(a+b)} + c, \tag{1}$$

式中, a 是输入神经元数量, b 是输出神经元数量, c 是[1—10]之间的常数。由上式可确定神经元的数量为5—15个,本实验选取隐含层神经元的数量为10个。

4.3 激励函数的选取

本次实验模型的隐含层采用Sigmoid激活函数,它也叫Logistic函数,它可以映射到区间(0,1)的一个实数。模型最后一层是线性层,得到的是一个预测的蛋白质含量值,不需要激励函数。

4.4 模型训练

将样本按照2:1的比例分为训练集和测试集,利用训练集对模型进行训练和参数更新,最终使用测试集对模型的训练效果进行评价。实验采用均方误差(mean-square error, MSE)作为模型的损失函数,为使模型找到最优解,调用了PyTorch自带的随机梯度下降算法(stochastic gradient descent, SGD)^[18]作为优化器,在经过多次尝试以后,发现把batch_size设置为1,学习率lr设置为0.01,模型能得到最优结果。

5 实验结果分析

从表2可以得知CARS+SPA筛选出来的特征波长并不会明显降低模型的预测精度,由此说明,CARS算法没有筛选出最佳特征波长,光谱矩阵还存在着冗余信息,CARS算法筛选出的波长点之间还存在着信息重叠,SPA算法进一步消除了冗余信息,又进一步降低了模型运算量,CARS算法结合SPA算法筛选出的波长可以概括样品的光谱信息,具有实际意义。因此,CARS算法结合SPA算法筛选出的牛奶波长可以用来建立牛奶蛋白质含量预测模型。

为了验证CARS-SPA-BP神经网络建模的可能性,现将该模型预测结果与PLSR模型的预测结果进行比较,各模型的评价指标如表3所示。

从对比结果可知,CARS-SPA-BP模型的 R_c^2 和 R_p^2 达到了0.971和0.968,优于CARS-SPA-PLSR模型,所以CARS-SPA-BP的拟合效果比CARS-SPA-PLSR好;CARS-SPA-BP模型的RMSEC和RMSEP达到了0.033和0.034,小于CARS-PLSR模型,所以CARS-SPA-BP的模型精度也比CARS-SPA-PLSR高。实验表明,CARS-SPA-BP牛奶蛋白质含量预测模型是可取的。

表2 不同光谱数据BP神经网络模型牛奶蛋白质含量的预测模型评价结果

Tab.2 Evaluation results of prediction model of milk protein content based on BPneural network model with different spectral data

Spectral data	Training set		Test set	
	R_c^2	RMSEC/(g · (100 mL) ⁻¹)	R_p^2	RMSEP/(g · (100 mL) ⁻¹)
Standardlize-spectra	0.983	0.025	0.980	0.026
CARS	0.972	0.032	0.979	0.027
CARS+SPA	0.971	0.033	0.968	0.034

表3 各模型的评价指标
Tab.3 Evaluation index of each model

Model	Training set		Test set	
	R_c^2	RMSEC/(g · (100 mL) ⁻¹)	R_p^2	RMSEP/(g · (100 mL) ⁻¹)
CARS-SPA-PLSR	0.946	0.045	0.926	0.053
CARS-SPA-BP	0.971	0.033	0.968	0.034

6 结 论

对牛奶高光谱的数据信息进行分析,对原始光谱进行标准化处理,先采用 CARS 选择了 30 个特征波长,然后对 30 个特征波长进行 SPA 算法处理,筛选得到 18 个特征波长,从而作为 BP 神经网络建模的输入。通过实验得出以下结论:CARS 结合 SPA 算法筛选的特征波长基本概括了样本的光谱信息,降低了 BP 神经网络模型的计算量,消除了光谱矩阵的冗余信息,使模型变得精简。CARS-SPA-BP 模型较全波长下的 BP 模型,模型预测评价指标并没有明显降低,较传统机器模型 PLSR,模型预测评价指标有明显提升,实验验证了 CARS+SPA 筛选牛奶光谱特征波长是具有实际意义的。特征波长结合 BP 神经网络用于对牛奶蛋白质含量预测,为市场上牛奶蛋白质的检测提供一种新的思路和方法。

参考文献:

- [1] PENG D, LIU Y L, LI L Q, et al. Optimization of modeling conditions for near infrared detection of protein in milk by orthogonal design [J]. Food science, 2020, 41(4): 256-61.
彭丹, 刘亚丽, 李林青, 等. 正交试验设计优化近红外检测牛乳中蛋白质的建模条件[J]. 食品科学, 2020, 41(4): 256-261.
- [2] ZHAO D G, WU R, ZHAO B G, et al. The study of garbage classification and identification in hyperspectral imaging [J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2019, 39(3): 921-926.
赵冬娥, 吴瑞, 赵宝国, 等. 高光谱成像的垃圾分类识别研究[J]. 光谱学与光谱分析, 2019, 39(3): 921-926.
- [3] ZHANG Q Q, TAN K. Retrieval of true protein content in milk based on hyperspectral data[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2015, 35(12): 3436-9.
张倩倩, 谭琨. 基于高光谱的牛奶中真蛋白质含量反演[J]. 光谱学与光谱分析, 2015, 35(12): 3436-9.
- [4] ZHAO M F, SHI Y J, LUO B B, et al. determination of fat and protein content in milk based on NIRS[J]. Laser Journal, 2014, 35(1): 44-5+50.
赵明富, 施玉佳, 罗彬彬, 等. 基于近红外透射光谱的牛奶中脂肪和蛋白质含量检测 [J]. 激光杂志, 2014, 35(1): 44-5+50.
- [5] ZHAO Z Z, WEI Y, ZHANG N Q, et al. Establishment and evaluation of prediction model of milk fat concentration based on Hyperspectral[J]. China Dairy Industry, 2018, 46(2): 45-48.
赵紫竹, 卫勇, 张乃迁, 等. 基于高光谱的牛奶脂肪质量浓度预测模型建立与评价 [J]. 中国乳品工业, 2018, 46(2): 45-48.
- [6] ZHU X L. Evaluation method of fruit quality and wood moisture content based on hyperspectral imaging [D]. Wuxi: Jiangnan University, 2020.
朱晓琳. 基于高光谱成像的水果品质及木材含水量评估方法[D]. 无锡: 江南大学, 2020.
- [7] ZHANG H L, LUO W, LIU X M, et al. Application of genetic algorithm combined with continuous projection algorithm in near infrared spectroscopy detection of soil organic matter[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2017, 37(2): 584-587.
章海亮, 罗微, 刘雪梅, 等. 应用遗传算法结合连续投影算法近红外光谱检测土壤有机质研究[J]. 光谱学与光谱分析, 2017, 37(2): 584-587.
- [8] LIU Y L, LIU J P, ZHAO J H, et al. Grassland forage classification based on convolution neural network initialized by Msra[J]. Journal of Optoelectronics · Laser, 2021, 32(1): 88-95.
刘一磊, 刘江平, 赵赫, 等. 基于 MSRA 初始化卷积神经网络的草地牧草分类研究[J]. 光电子·激光, 2021, 32(1): 88-95.
- [9] LI H, LIANG Y, XU Q, et al. Key wavelengths screening using competitive adaptive reweighted sampling method for multivariate calibration[J]. Analytica Chimica Acta, 2009, 648(1): 77-84.
- [10] W D, SUN D W. Potential of time series-hyperspectral imaging (TS-HSI) for non-invasive determination of microbial spoilage of salmon flesh[J]. Talanta, 2013, 111: 39-46.
- [11] LIU M B, TANG Y L, LI X L, et al. Feasibility of continuous

- projection algorithm in spectral monitoring of nitrogen content in rice leaves [J]. *Infrared and Laser Engineering*, 2014, 43(4): 1265-1271.
- 刘明博, 唐延林, 李晓利, 等. 水稻叶片氮含量光谱监测中使用连续投影算法的可行性[J]. *红外与激光工程*, 2014, 43(4): 1265-1271.
- [12] WANG N, TANG Y G, HE K. Application status of BP neural network in tribology [J]. *Journal of Jining University*, 2017, 38(5): 15-22.
- 王楠, 唐永刚, 何康. BP神经网络在摩擦学领域的应用现状[J]. *济宁学院学报*, 2017, 38(5): 15-22.
- [13] ZHOU M R, SUN L, BIAN K, et al. Rapid detection of edible oil by iPLS band screening method [J]. *Laser Journal*, 2020, 41(7): 13-17.
- 周孟然, 孙磊, 卞凯, 等. iPLS波段筛选方法在食用油品上快速检测研究[J]. *激光杂志*, 2020, 41(7): 13-17.
- [14] JIE D F, XIE L J, RAO X Q, et al. Selection of near infrared spectral variables to improve the accuracy of prediction model for sugar content of watermelon [J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2013, 29(12): 264-270.
- 介邓飞, 谢丽娟, 饶秀勤, 等. 近红外光谱变量筛选提高西瓜糖度预测模型精度 [J]. *农业工程学报*, 2013, 29(12): 264-270.
- [15] LIAO Q H, GU X H, LI C J, et al. Hyperspectral Estimation of organic matter content in fluvo aquic soil based on continuous wavelet transform [J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2012, 28(23): 132-9+298.
- 廖钦洪, 顾晓鹤, 李存军, 等. 基于连续小波变换的潮土有机质含量高光谱估算 [J]. *农业工程学报*, 2012, 28(23): 132-9+298.
- [16] LIU G H, JIANG H, MEI C L. Detection of solid state fermentation humidity by near infrared spectroscopy based on dbipls-spa variable selection [J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2013, 29(S1): 218-222.
- 刘国海, 江辉, 梅从立. 基于 dbiPLS-SPA 变量筛选的固态发酵湿度近红外光谱检测 [J]. *农业工程学报*, 2013, 29(S1): 218-222.
- [17] ZHAI F H, SHI S Z, FAN S M. Comparative study of semi parametric method and BP neural network in missing data [J]. *Journal of Changchun University of Technology (Natural Science Edition)*, 2020, 43(3): 115-120.
- 翟芳慧, 施三支, 樊思敏. 半参数方法与 BP 神经网络在缺失数据中的对比研究 [J]. *长春理工大学学报(自然科学版)*, 2020, 43(3): 115-120.
- [18] YANG S T, MA Z Q, DOU B Y, et al. An asynchronous double random gradient descent algorithm based on yarn framework [J]. *Mini Computer System*, 2017, 38(5): 1070-1075.
- 杨双涛, 马志强, 窦保媛, 等. 一种 Yarn 框架下的异步双随机梯度下降算法 [J]. *小型微型计算机系统*, 2017, 38(5): 1070-1075.

作者简介:

刘江平 (1980—), 男, 博士, 副教授, 硕士研究生导师, 主要从事图像处理的研究。