

基于近红外高光谱图像的花生内部 霉变快速判别方法研究

朱昊宇¹, 王俊杰², 杨一^{2*}, 朱新峰^{1*}

(1. 扬州大学信息工程学院, 扬州 225127; 2. 北京工商大学食品安全大数据技术
北京市重点实验室, 北京 100048)

摘要: 目的 针对外观正常但内部存在不同程度霉变的花生, 探索采用近红外高光谱成像技术结合机器学习方法构建花生内部霉变快速无损判别模型的可行性。**方法** 采集 100 粒内部霉变和 100 粒健康花生的近红外高光谱图像构成数据集, 将多种经典光谱预处理方法与支持向量机(support vector machine, SVM)组合建立花生内部霉变判别模型, 并采用蒙特卡洛-无信息变量消除法(Monte Carlo-uninformative variable elimination, MC-UVE)找出霉变判别中有效的光谱特征波长。**结果** 将 Savitzky-Golay 卷积平滑方法和二阶求导光谱预处理方法与 SVM 组合, 对内部霉变严重样本判别的总体识别准确率可达 95%, 对不同程度内部霉变样本的平均识别准确率为 88%; 基于 MC-UVE 筛选得到 10、5、3 个特征波长构建的模型总体识别准确率为 90%、85% 和 82%。**结论** 实验结果表明高光谱技术结合机器学习可为花生内部霉变的快速、无损判别提供可行的解决方案, 同时特征波长筛选为基于光电原理的霉变花生色选机系统开发提供了参考。

关键词: 内部霉变花生; 近红外高光谱; 支持向量机; 蒙特卡洛-无信息变量消除法

Research on rapid discrimination for internal mold detection in peanuts based on near-infrared hyperspectral image

ZHU Hao-Yu¹, WANG Jun-Jie², YANG Yi^{2*}, ZHU Xin-Feng^{1*}

(1. School of Information Engineering, Yangzhou University, Yangzhou 225127, China; 2. Beijing Key Laboratory of Big Data Technology for Food Safety, Beijing Technology and Business University, Beijing 100048, China)

ABSTRACT: Objective To investigate the feasibility of using near-infrared hyperspectral imaging technology combined with machine learning methods to construct a fast and non-destructive identification model for internal mold in peanuts with normal appearance but different degrees of mildew inside. **Methods** A dataset consisting of 100 peanuts with internal mold and 100 healthy peanuts were gathered, and their near-infrared hyperspectral images were collected. Support vector machine (SVM) combined with several spectral preprocessing methods was established for internal mold discrimination in peanuts. The Monte Carlo-uninformative variable elimination

基金项目: 国家自然科学基金项目(32202144)

Fund: Supported by the National Natural Science Foundation of China (32202144)

*通信作者: 杨一, 副教授, 主要研究方向为食品和农产品品质无损检测技术及装备。E-mail: yangyi@btbu.edu.cn

朱新峰, 副教授, 主要研究方向为机器学习, 智能控制, 化学计量学。E-mail: xfzhu@yzu.edu.cn

*Corresponding author: YANG Yi, Associate Professor, Beijing Technology and Business University, No.33, Fucheng Road, Haidian District, Beijing 100048, China. E-mail: yangyi@btbu.edu.cn

ZHU Xin-Feng, Associate Professor, Yangzhou University, 196 Huayang West Road, Yangzhou 225127, China. E-mail:

xfzhu@yzu.edu.cn

(MC-UVE) method was used to find effective feature wavelengths for mold discrimination. **Results** By combining Savitzky-Golay convolution smoothing method and the second-order derivative spectral preprocessing method with SVM, the overall identification accuracy for severe internal mold discrimination reached 95%, with an average identification accuracy of 88% for peanuts with different degrees of internal mold. Based on MC-UVE screening, the discrimination model constructed using 10, 5, and 3 feature wavelengths achieved overall identification accuracies of 90%, 85%, and 82%, respectively. **Conclusion** The experimental results demonstrate that the combination of hyperspectral technology and machine learning provides a feasible solution for the rapid and non-destructive discrimination of internal mold in peanuts. The selection of feature wavelengths provides a reference for the development of moldy peanut sorting machine systems based on photoelectric principles.

KEY WORDS: internal mold peanuts; near-infrared hyperspectral; support vector machine; Monte Carlo-uninformative variable elimination

0 引言

花生是我国重要的油料与经济作物^[1]。目前我国花生总产量和消费量均约占全球 40%，已成为世界上最大的花生生产国和消费国，在全球花生进出口贸易中占据着重要地位^[2-4]。但是花生在收获、运输、储藏和加工过程中极易因温湿度变化产生霉变，继而产生强毒性和强致癌性的黄曲霉毒素，不仅影响花生食用安全性，甚至危害人类和动物的生命和健康。我国花生在出口中被检出黄曲霉毒素超标而被整批扣留或就地销毁的现象时有发生，在造成严重经济损失的同时，也使得我国花生在国际市场上的竞争优势下降。综上所述，霉变问题已成为制约我国花生产业健康发展中的极为突出和严重的问题。

花生(GB/T 1532—2008《花生》)分为花生仁和花生果。以花生仁为例，霉变通常是从种子的尖端即胚根、胚芽等部位，或从两片子叶的内侧面开始，然后逐渐扩大到全粒^[5-6]。因此尽早筛查出外观正常但内部已产生霉变的花生，可以有效降低正常花生感染黄曲霉毒素的风险，减少资源浪费的同时，提高花生的食用安全性。现有研究多采用黄曲霉毒素含量作为判别花生霉变污染的指标。黄曲霉毒素检测方法主要包括薄层色谱法、高效液相色谱法和酶联免疫化学方法等^[7-9]，上述方法检测结果较为准确，但前处理复杂，检测耗时，且具有试样破坏性，不适用于花生等大宗农产品加工前原料的逐粒甄别和快速分选。近年来，近红外高光谱成像技术凭借快速、无损的检测优势在花生品质分选领域引起了科研工作者和花生制品加工企业的持续关注^[10-12]。

高光谱成像技术兼具光谱分析和机器视觉技术特点，既能通过光谱反映出霉变花生的成分变化，又可以通过图像实现霉变花生的可视化判别^[13-16]。QIAO 等^[17]采用方差分析法和非参数权重特征提取法提取 3 个品种的霉变和健康花生仁的高光谱图像特征，分别构建花生霉变判别模型，准确率分别为 96.32%、94.2%和 97.51%。陈全胜等^[18]提出了一种霉变花生的光谱成像检测方法发明专利，利用共线

性度匹配算法计算霉变区域，该方法可对霉变花生进行快速、无损的识别，以实现花生质量的在线监控。QI 等^[19]采用高光谱成像技术与联合稀疏分类表示器判别两个品种的花生仁是否受到真菌感染，识别准确率分别达到 98.4%和 96.8%。LIU 等^[20]将高光谱技术与深度学习相结合，分别构建基于 Deeplab v3+、Segnet、Unet 和 Hypernet 4 类神经网络判别健康、破损和霉变的花生仁，其中 Hypernet 神经网络的识别准确率可达 92.07%。SUN 等^[21]采用高光谱成像技术结合连续投影算法-线性判别分析法(successive projections algorithm-linear discriminant analysis, SPA-LDA)模型，成功地应用 1120 nm 波段和阈值法实现花生种子霉变的视觉检测，分类准确率达 100%。

上述新兴的技术相较于传统化学分析技术而言，更能满足花生现代化分选加工产业提出的快速、无损、高通量检测的新需求^[22]。但上述文献中的检测对象大都是霉变较为明显的花生仁样本，对于外观与正常颗粒几乎无异但内部存在霉变的花生判别研究较少。

大力发展快速、便捷、无损的花生内部霉变检测技术有助于加强我国花生制备技术与装备研究，提高我国花生加工行业整体水平，满足我国在全球花生及花生制品进出口贸易中的发展需求。因此本研究重点针对外观正常但内部存在霉变的花生，探索采用高光谱成像技术结合机器学习方法构建花生内部霉变快速判别模型的可行性，并进一步采用蒙特卡洛-无信息变量消除法(Monte Carlo-uninformative variable elimination, MC-UVE)筛选花生内部霉变判别光谱特征，为基于光电检测原理的霉变花生色选机系统开发提供波长参考依据。

1 材料与方法

1.1 材料与仪器

实验材料由安徽捷迅光电技术有限公司提供的同品种健康花生仁、内部霉变花生仁样本。图 1 所示为实验过程中花生红衣外观正常，但内部存在不同霉变程度的花生样本。

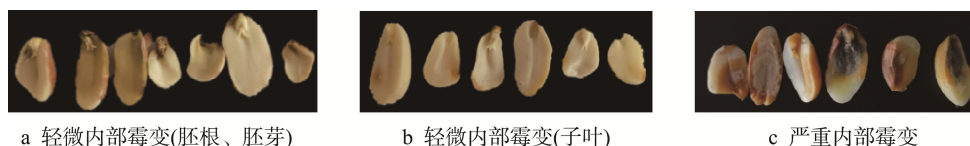


图 1 花生内部霉变程度示意图

Fig.1 Schematic diagram of the degree of internal mold in peanuts

实验仪器采用 SisuCHEMA 高光谱成像系统(芬兰 Specim 公司): 相机型号为 SWIR; 波长范围为 968.05~2575.05 nm; 空间分辨率 384 pixel/line; 波段数为 288 个; 帧频 35 Hz; 曝光时间 4.2 ms; 光源采用 SPECIM 特制低热载双线性卤素灯, 功率 150 W。

实验过程中挑选外观正常花生样本置于载物台, 并进行 5×10 排列, 尖端方向一致, 保证行列对齐, 以方便后续图像处理。花生样本经高光谱采集后, 逐粒扒开观测内部是否产生霉变, 进行人工标签。实验共采集 472 个花生样本, 考虑到判别模型受样本类别及数量影响较大, 因此按内部霉变程度从中挑选出轻微内部霉变样本 50 个(图 1a、b)、严重霉变样本 50 个(图 1c), 与健康样本 100 个构成样本均衡的总数据集(共 200 个)。

1.2 数据处理方法

光谱预处理方法。光谱预处理旨在减少无关信息和噪声, 提升光谱质量, 因此对于光谱建模是十分关键和必要^[23-24]。本研究采用多元散射校正、标准正态变换、移动窗口平滑、Savitzky-Golay (SG)卷积平滑(窗口宽度为 7, 三阶多项式)、直接差分一阶(一阶求导)、直接差分二阶(二阶求导)、SG 卷积平滑+一阶求导、SG 卷积平滑+二阶求导 8 种经典光谱预处理及组合方法。其中多元散射校正、标准正态变换可以用来降低花生颗粒大小、表面散射等对光谱的影响; 移动窗口平滑、SG 卷积平滑是消除噪声的经典方法; 直接差分一阶、直接差分二阶可有效消除基线和提高光谱分辨率; SG 卷积平滑+一阶求导、SG 卷积平滑+二阶求导光谱预处理组合则兼具平滑和导数光谱的特点。

光谱建模方法。本研究采用机器学习中的支持向量机(support vector machine, SVM)构建花生内部霉变判别模型^[25-26]。SVM 是一种基于统计学习理论的模式识别方法, 它在解决小样本、非线性及高维模式识别中表现出许多特有的优势。其基本思想是通过核函数将数据从原始特征空间映射到高维特征空间, 在特征空间建立使分类间隔最大化的最优超平面, 并基于该超平面实现对未知样本的判别。本研究中 SVM 核函数采用径向基核函数, 惩罚参数和核参数采用网格搜索法确定最佳组合。

特征波长筛选方法。本研究采用 MC-UVE 进行特征波长筛选^[27-29]。该方法将 MC 过程与 UVE 相结合, 充分利用波长之间的内在相关性, 对高维光谱数据中波长变量的贡献进行评价, 根据每个波长的贡献值来消除其中无信息

的波长。

上述数据处理均采用 MATLAB R2020a 软件。

1.3 模型评价指标

由于实验数据集中健康、霉变样本数均衡, 因此本研究直接采用准确率作为模型评价指标。准确率是分类问题模型中最简单直接的指标, 即模型预测正确的样本占总样本个数的比例, 计算如公式(1)所示:

$$\text{准确率}/\% = \frac{(\text{TP}+\text{TN})}{(\text{TP}+\text{FN}+\text{FP}+\text{TN})} \times 100\% \quad (1)$$

其中, TP 表示实际为正样本被预测为正样本的数量; FN 表示实际为正样本却被预测为负样本的数量; FP 表示实际为负样本却被预测为正样本的数量; TN 表示实际为负样本预测也为负样本的数量。本研究设定内部霉变样本为正样本, 健康样本为负样本。

2 结果与分析

2.1 高光谱图像预处理

为消除高光谱相机暗电流的影响, 确保高光谱数据的稳定性和可靠性, 实验首先对原始高光谱图像进行黑白板校正^[30], 如公式(2)所示:

$$R/\% = \frac{I_{\text{raw}} - I_{\text{black}}}{I_{\text{white}} - I_{\text{black}}} \times 100\% \quad (2)$$

其中, R 为校正后的反射率光谱图像; I_{raw} 为原始光谱图像, I_{black} 为关闭快门后采集的全暗参考图像; I_{white} 为扫描标准白板得到的全白参考图像。

实验过程中将花生样本置于载物台进行高光谱图像采集(图 2a), 因此校正后的高光谱图像中会携带有载物台信息(图 2b)。由于载物台和花生样本成分不同, 其光谱在主成分投影空间存在显著聚类区分。因此实验首先采用主成分分析法剔除花生高光谱图像中的背景信息(图 2c)。

然后基于阈值分割和掩模运算提取每粒花生区域内的全部像素点光谱, 计算该区域内所有像素点的光谱平均值作为样本代表光谱。相较于近红外光谱系统仅能采集花生样本某一位置处的光谱而言, 高光谱能采集整粒花生的近红外光谱信息, 尤其是针对本研究这种内部霉变发生位置不确定的应用场景, 基于高光谱数据所提取的样本光谱更能包括样本完整的信息性, 因此更具有代表性。

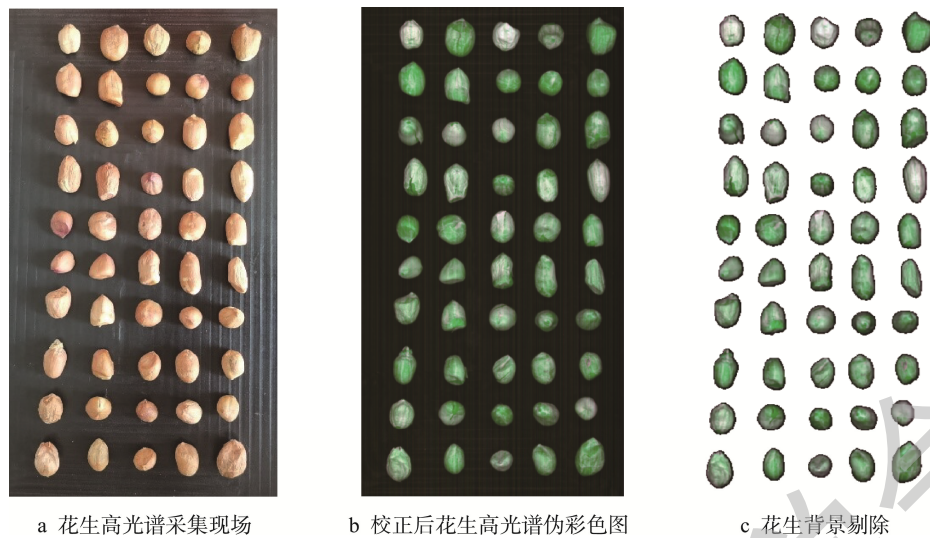


图 2 花生高光谱图像采集与处理

Fig.2 Acquisition and processing of hyperspectral imaging of peanuts

2.2 判别模型构建

采用 2.1 中所述步骤提取 50 粒严重内部霉变和 50 粒健康花生光谱构建数据集 A, 首先采用随机法按照 1:1 划分训练样本集和测试集, 即训练集和测试集分别由 25 粒霉变和 25 粒健康样本随机构成; 采用多种光谱预处理后, 构建基于 SVM 分类器的花生内部霉变快速判别模型。其中, SVM 核函数为径向基函数, 核参数和惩罚参数通过网格搜索法确定, 搜索范围均为 $[2^{-10}, 2^{10}]$ 。模型训练结果如表 1 所示。

表 1 基于不同光谱预处理的花生内部霉变判别模型评价
Table 1 Evaluation of internal mold discrimination models in peanuts based on different spectral pre-processing methods

预处理	内部霉变花生识别准确率/%	健康花生识别准确率/%	总体识别准确率/%
无	76	80	78
多元散射校正	85	89	87
标准正态变换	87	85	86
移动窗口平滑	74	86	80
SG 卷积平滑	79	86	82
一阶求导	87	93	90
二阶求导	88	94	91
SG 卷积平滑+一阶求导	86	94	90
SG 卷积平滑+二阶求导	96	95	95

实验结果表明, 相较于原始光谱建模, 经光谱预处理后模型质量得到显著提升, 但是各类光谱预处理对模型性能的影响存在差异: 如多元散射校正和标准正态变

换法, 在霉变和健康花生的判别性能上相当, 但性能并非最优, 说明上述方法可以在一定程度上去除光谱散射的影响, 但是针对目标特征识别的光谱信息量并没有得到显著提升; 而仅采用平滑去噪(如移动窗口平滑、卷积平滑)或是求导方法(如一阶求导、二阶求导)则均表现出霉变花生的识别准确率低于健康花生的识别准确率, 说明上述光谱预处理可能模糊了花生霉变光谱特征(如平滑)或是增强了健康花生光谱特征(如求导); 而平滑+求导的光谱预组合, 即 SG 卷积平滑+二阶求导则在平滑的基础上通过二阶求导挖掘了更多与目标判别相关的光谱特征信息, 无论是在霉变还是健康花生的准确识别上均达到了最优, 总体识别准确率可达 95%。

表 1 的实验结果初步表明了高光谱技术结合光谱预处理方法构建花生内部霉变快速判别模型的可行性, 并且 SG 卷积平滑+二阶求导光谱预处理可以显著提升模型性能。但是上述数据集中的样本均为严重内部霉变样本, 而该模型对轻微内部霉变样本识别的适用性还有待验证。因此本研究在数据集 A 的基础上增加 50 个轻微霉变和 50 个健康花生样本, 共计 200 个样本, 构建新数据集 B。同样按照 1:1 随机划分训练样本集和测试集, 采用 SG 卷积平滑+二阶求导进行光谱预处理, 训练基于 SVM 的花生内部霉变判别模型。为了避免奇异样本对模型性能的影响, 实验采用蒙特卡洛随机抽样方法统计模型稳定性。图 3 所示为经过 1000 次随机划分后模型训练总体识别准确率的频次统计分布图, 模型识别准确率总体接近正态分布, 平均识别准确率为 88%。

表 2 所示为 1000 次随机建模后内部霉变花生和健康花生识别准确率统计指标。从表 2 可知, 针对情况更为复

杂的霉变样本, 花生内部霉变模型总体平均识别准确率值仍达到 88%。但轻微内部霉变样本加入训练后, 模型总体识别准确率呈现降低趋势。其中, 健康样本识别准确率基本保持, 而霉变样本识别准确率明显降低。分析其原因, 可能是由于花生轻微内部霉变通常发生在花生子叶或胚根局部微小区域, 近红外高光谱穿透深度有限因此获得深层内部信息极弱, 并且实验中采用整粒花生样本上所有像素点光谱的均值作为代表光谱, 导致霉变区域光谱信息可能被平均弱化。

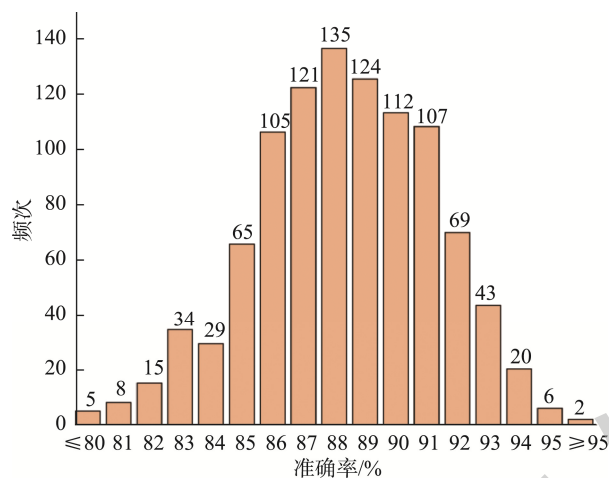


图 3 模型总体识别准确率频次统计图

Fig.3 Histogram of overall model recognition accuracy

表 2 花生霉变判别模型识别准确率统计指标

Table 2 Statistical indicators for the recognition accuracy of peanuts mold discrimination model

统计指标	内部霉变花生识别 准确率/%	健康花生识别 准确率/%	总体识别准 准确率/%
最大值	94	97	97
最小值	86	68	77
平均值	84	94	88

2.3 特征波长筛选

鉴于目前国内的花生品质光电分选机大都仅能筛选出严重霉变的颗粒, 对于表面颜色与正常颗粒无明显差别的但存在内部霉变的花生筛选几乎“束手无策”的现状, 本研究采用 MC-UVE 筛选判别内部霉变的特征波长。“合适”的特征波长有望为提升光电分选机的霉变识别准确率提供参考, 而“少数”的波长则有助于降低设备成本。

特征波长筛选流程如图 4 所示。首选采用 MC 随机抽样 100 次, 构成 100 组样本集 Dataset_i; 采用 UVE 计算每个波长的贡献率; 统计 100 次抽样过程中, 贡献率在前 20 的波长频次 Wave_j; 运行 3 次 MC-UVE, 根据 3 组特征波长频次统计图筛选得到最终的特征波长。

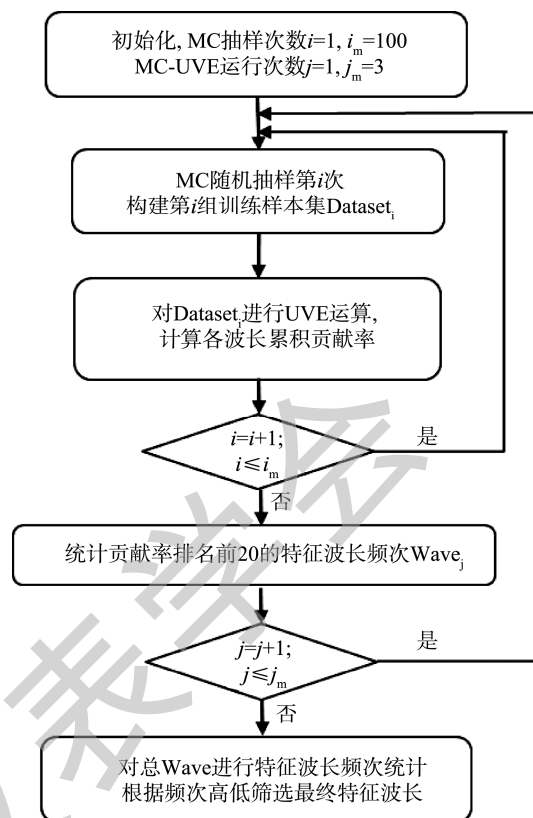


图 4 基于 MC-UVE 的特征波长筛选流程图

Fig.4 Flowchart of feature wavelength screening based on MC-UVE

经上述特征波长筛选后, 再分别采用 SVM 训练花生霉变判别模型。所筛选的特征波长及其建模结果如表 3 所示, 在仅选择 3 个特征波长时, 仍能保证模型总体识别准确率大于 80%。随着波长数量的增加, 总体准确率也随之提升。此外, 从表 3 的特征波长筛选结果来看, 当波长数为 10、5、3 逐步减少的过程中, 1408.08、2017.66、2151.45 nm 三者始终被保留。其中, 1408.08 nm 位于醇游离 O-H 一级倍频吸收峰 1410 nm 附近、酚 O-H 的一级倍频 1420 nm 附近及水 O-H 的一级倍频 1440 nm 附近, 花生霉变过程中往往水分会增加, 同时霉菌代谢会产生发酵产物, 如醇类、酸类和酯类化合物等。2017.66 nm 位于酰胺的 N-H 合频吸收 2000~2020 nm 附近处, 同时也处于醇的 O-H 合频吸收 1800~2200 nm 附近、酚的 O-H 合频吸收 1920~2100 nm 附近、过氧化物的 O-H 合频吸收 2060 nm 附近, 其中酰胺键是蛋白质的重要结构之一, 而花生霉变过程中蛋白质会发生降解、氧化、转化等显著变化。2151.45 nm 则位于芳烃 C-H 在 C-C 伸缩振动和 C-H 伸缩振动的组合频 2146 nm 附近处, 同时乙烯基的 C-H 在 2090~2140 nm 附近、2170 nm 附近也均有特征吸收, 花生霉变产物中最主要的一类化合物黄曲毒素的分子结构中则同时包含乙烯基和芳环。综上所述, 本研究筛选保留的 1408.08、2017.66、2151.45 nm 波长均与花生霉变过程中的成分变化密切相关。

表 3 基于特征波长筛选后的花生霉变判别模型评价

Table 3 Evaluation of internal mold discrimination models in peanuts based on feature wavelength screening

变量数	波长/nm	总体识别准确率/%
10	1402.46、1408.08、1413.7、1883.77、1900.52、1906.1、2012.08、2017.66、2151.45、2229.47	90
5	1402.46、1408.08、1413.7、2017.66、2151.45	85
3	1408.08、2017.66、2151.45	82

3 结 论

本研究利用近红外高光谱成像技术结合机器学习进行了花生内部霉变的快速、无损判别。主要工作总结如下:

(1)首先采用 SG 卷积平滑+二阶求导进行光谱预处理后,再基于 SVM 构建花生内部霉变判别模型。该判别模型对于严重内部霉变花生的总体识别准确率可达 95%,且对于混合轻微和严重内部霉变花生样本霉变判别模型的平均识别准确率可达 88%。实验结果表明采用近红外高光谱成像技术进行花生内部霉变判别具有较大的潜力,但还有待进一步结合图像信息精准获取霉变区域光谱信息以提升内部霉变样本的识别准确率。

(2)探索采用 MC-UVE 筛选构建花生内部霉变判别模型的特征波长,在选定特征波长个数为 3、5、10 时,模型总体识别准确率分别为 82%、85%和 90%,该部分研究工作有望为花生品质光电色选机的关键波长选取提供参考依据。

参考文献

- 廖伯寿. 我国花生生产发展现状与潜力分析[J]. 中国油料作物学报, 2020, 42(2): 161-166.
LIAO BS. A review on progress and prospects of peanut industry in China [J]. Chin J Oil Crop Sci, 2020, 42(2): 161-166.
- 王瑞元. 我国花生生产、加工及发展情况[J]. 中国油脂, 2020, 45(4): 1-3.
WANG RY. Production, processing and development of peanut in China [J]. China Oil Fat, 2020, 45(4): 1-3.
- 张立伟, 王辽卫. 我国花生产业发展状况、存在问题及政策建议[J]. 中国油脂, 2020, 45(11): 116-122.
ZHANG LW, WANG LW. Development status, existing problems and policy recommendations of peanut industry in China [J]. China Oil Fat, 2020, 45(11): 116-122.
- 任春玲. 世界花生生产格局发展变化对我国的启示[J]. 河南农业, 2022, (7): 5-8.
REN CL. The enlightenment of the development and change of the world peanut industry pattern to China [J]. Agric Henan, 2022, (7): 5-8.
- 刘鹏. 花生有害霉菌污染的快速无损检测方法研究[D]. 南京: 南京林业大学, 2017.
LIU P. Rapid non-destructive inspection of hazard fungal contamination in peanuts [D]. Nanjing: Nanjing Forestry University, 2017.
- 王叶群, 姚刚, 张绍英. 污染黄曲霉毒素花生的检测及分选技术研究进展[J]. 农业工程, 2014, 4(6): 59-63.
WANG YQ, YAO G, ZHANG SY. Development of detection and sorting technology for aflatoxins contaminated peanuts [J]. Agric Eng, 2014, 4(6): 59-63.
- 任可芸, 于春蕾, 杨青青. 酶联免疫吸附法检测花生中黄曲霉毒素 B₁ 的影响因素分析[J]. 山东理工大学学报(自然科学版), 2023, 37(3): 73-78.
REN KY, YU CL, YANG QQ. Analysis on influencing factors of detecting aflatoxin B₁ in peanut by enzyme-linked immunosorbent assay [J]. Shandong Univ Technol (Nat Sci Ed), 2023, 37(3): 73-78.
- 刘明珠, 成亚倩, 王永辉, 等. 免疫磁性微球预处理结合超高效液相色谱-串联质谱法快速检测花生和花生油中黄曲霉毒素 B₁[J]. 食品安全质量检测学报, 2022, 13(2): 443-448.
LIU MZ, CHENG YQ, WANG YH, et al. Rapid determination of aflatoxin B₁ in peanut and peanut oil by an immunomagnetic beads purification sample pretreatment method combined with ultra performance liquid chromatography-tandem mass spectrometry [J]. J Food Saf Qual, 2022, 13(2): 443-448.
- 姜德铭, 刘晓萌, 邹球龙, 等. 多功能净化柱-光化学衍生高效液相色谱法测定成品油植物油和花生原油中黄曲霉毒素 B₁[J]. 中国油脂, 2023, 48(3): 102-105.
JIANG DM, LIU XM, ZOU QL, et al. Determination of aflatoxin B₁ in finished vegetable oil and crude peanut oil by multifunctional clean up column-photochemical derivatization and high performance liquid chromatography [J]. China Oil Fat, 2023, 48(3): 102-105.
- FENG L, ZHU SS, LIU F, et al. Hyperspectral imaging for seed quality and safety inspection: A review [J]. Plant Methods, 2019, 15(1): 91.
- 孙建非. 基于高光谱成像技术的花生多项品质参数无损检测方法的研究[D]. 淄博: 山东理工大学, 2020.
SUN JF. Nondestructive detection methods of some peanut quality parameters based on hyperspectral imaging technology [D]. Zibo: Shandong University of Technology, 2020.
- 王粒. 基于高光谱图像的花生品种分类、霉变检测及蛋白质含量预测[D]. 雅安: 四川农业大学, 2022.
WANG L. Peanuts variety classification, mildew detection and protein content prediction based on hyperspectral image [D]. Ya'an: Sichuan Agricultural University, 2022.
- YUAN DS, JIANG JB, GONG ZQ, et al. Moldy peanuts identification based on hyperspectral images and point-centered convolutional neural network combined with embedded feature selection [J]. Comput Electron Agric, 2022, 197: 106963.
- WU QS, XU LJ, ZOU ZY, et al. Rapid nondestructive detection of peanut varieties and peanut mildew based on hyperspectral imaging and stacked

- machine learning models [J]. *Front Plant Sci*, 2022, 13: 1047479.
- [15] LIU ZW, JIANG JB, LI MQ, *et al.* Identification of moldy peanuts under different varieties and moisture content using hyperspectral imaging and data augmentation technologies [J]. *Foods*, 2022, 11(8): 1156.
- [16] 元晓彤. 霉变花生高光谱图像识别方法研究[D]. 北京: 中国矿业大学(北京), 2022.
 QI XT. Study on identification methods of moldy peanut using hyperspectral images [D]. Beijing: China University of Mining & Technology, Beijing, 2022.
- [17] QIAO XJ, JIANG JB, QI XT, *et al.* Utilization of spectral-spatial characteristics in shortwave infrared hyperspectral images to classify and identify fungi-contaminated peanuts [J]. *Food Chem*, 2017, 220: 393–399.
- [18] 陈全胜, 徐义, 李欢欢, 等. 一种霉变花生的光谱成像检测方法: 中国, CN104914052A[P]. 2015-09-16.
 CHEN QS, CHEN Y, LI HH, *et al.* A spectral imaging detection method for moldy peanuts: China, CN104914052A [P]. 2015-09-16.
- [19] QI XT, JIANG JB, CUI XM, *et al.* Identification of fungi-contaminated peanuts using hyperspectral imaging technology and joint sparse representation model [J]. *J Food Sci Technol*, 2019, 56(7): 3195–3204.
- [20] LIU ZW, JIANG JB, QIAO XJ, *et al.* Using convolution neural network and hyperspectral image to identify moldy peanut kernels [J]. *LWT-Food Sci Technol*, 2020, 132(12): 109815.
- [21] SUN X, LIU JJ, SUN JF, *et al.* Visual detection of moldy peanut kernels based on the combination of hyperspectral imaging technology and chemometrics [J]. *J Food Process Eng*, 2021, 44(11): e13864.
- [22] 李雅丽, 刘阳. 霉变花生光电分选技术应用现状及发展趋势[J]. *农业机械*, 2012, (8): 50–53.
 LI YL, LIU Y. Application status and development trend of photoelectric sorting technology for moldy peanuts [J]. *Farm Mach*, 2012, (8): 50–53.
- [23] 褚小立. 现代光谱分析中的化学计量学方法[M]. 北京: 化学工业出版社, 2022.
 CHU XL. *Chemometrics methods in modern spectral analysis* [M]. Beijing: Chemical Industry Press, 2022.
- [24] BIAN XH. *Chemometric methods in analytical spectroscopy technology* [M]. Singapore: Springer, 2022.
- [25] PATHAK DK, KALITA SK, BHATTACHARYA DK. Hyperspectral image classification using support vector machine: A spectral spatial feature based approach [J]. *Evol Int*, 2022, 15: 1809–1823.
- [26] WANG K, CHENG LG, YONG B. Spectral-similarity-based kernel of SVM for hyperspectral image classification [J]. *Remote Sens-Basel*, 2020, 12(13): 2154.
- [27] CAI WS, LI YK, SHAO XG. A variable selection method based on uninformative variable elimination for multivariate calibration of near-infrared spectra [J]. *Chemometr Int Lab*, 2008, 90(2): 188–194.
- [28] JIANG WW, LU CH, ZHANG YJ, *et al.* Moving-window-improved Monte Carlo uninformative variable elimination combining successive projections algorithm for near-infrared spectroscopy (NIRS) [J]. *J Spectrosc*, 2020, 2020(1): 1–12.
- [29] HAN QJ, WU HL, CAI CB, *et al.* An ensemble of Monte Carlo uninformative variable elimination for wavelength selection [J]. *Anal Chim Acta*, 2008, 612(2): 121–125.
- [30] 褚小立, 李亚辉. 近红外光谱实战宝典[M]. 北京: 化学工业出版社, 2023.
 CHU XL, LI YH. *Near infrared spectrum combat classic* [M]. Beijing: Chemical Industry Press, 2023.

(责任编辑: 于梦娇 韩晓红)

作者简介



朱昊宇, 主要研究方向为电子信息工程及机器学习算法研究。
 E-mail: 18915305739@163.com



杨一, 副教授, 主要研究方向为食品和农产品品质无损检测技术及装备。
 E-mail: yangyi@btbu.edu.cn



朱新峰, 副教授, 主要研究方向为机器学习, 智能控制, 化学计量学。
 E-mail: xfzhu@yzu.edu.cn