近红外光谱波段优化在东北松子蛋白质定量检测中的应用

仇逊超，曹军

（东北林业大学机电工程学院，黑龙江哈尔滨 150040）

摘要：为了探究一种快速、无损与简便的东北松子品质检测方法，近红外光谱技术被应用到东北松子蛋白质无损检测研究中。利用偏最小二乘法建立带壳松子和去壳松仁的蛋白质定量分析模型，采用求导、多元散射校正、变量标准化校正、矢量归一化预处理方法优化模型，利用反向间隔偏最小二乘法、无信息变量消除法选取特征波段，建立全波段和特征波段下的偏最小二乘蛋白质预测模型。结果表明，带壳松子光谱经矢量归一化预处理方法后构建的模型最优，松仁光谱经变量标准化校正预处理方法后构建的模型最优；波段筛选能够优化模型质量，其中反向间隔偏最小二乘法的筛选结果最优，其带壳松子和松仁蛋白质模型校正集相关系数分别为0.9056 和 0.9383，验证集均方根误差分别为 0.6670 和 0.5761。由此可知，经过优化后，模型的预测性能得到了提高，为带壳松子和松仁的蛋白质在线检测提供了一定的参考价值。

关键词：近红外光谱技术；东北松子；预处理方法；蛋白质；波段筛选

文章篇号：1673-9078(2016)11-303-309 DOI: 10.13982/j.mfst.1673-9078.2016.11.045

Application of Band Optimization of Near-infrared Spectra for Quantitative Detection of Proteins in Northeastern Pine Nuts

QIU Xun-chao, CAO Jun

(School of Mechanic and Electronic Engineering, Northeast Forestry University, Harbin 150040, China)

Abstract: Near-infrared (NIR) spectroscopy was performed to develop a fast, nondestructive, and simple method to test the quality of Northeastern pine nuts. Using shelled and deshelled pine nuts, quantitative analysis models of proteins in the nuts were established using partial least squares (PLS) and the models were optimized by derivation, multiplicative scatter correction (MSC), standard normal variate (SNV), and vector normalization pretreatment. Backward interval partial least squares (BiPLS) and elimination of uninformative variables (UVE) were used to select characteristic bands to establish PLS protein prediction models with full wavelength and characteristic bands. The results showed that the models established after preprocessing with vector normalization and SNV exhibited optimal performance for deshelled and shelled pine nuts, respectively. The models were optimized by band selection and the optimum screening result was presented using BiPLS. The correlation coefficients (R_C) of calibration subset of the protein models for deshelled and shelled pine nuts were 0.9056 and 0.9383, respectively. The root-mean-square error (RMSE) values of the validation subset were 0.6670 and 0.5761, respectively. Therefore, after optimization, the model prediction performance was improved, thus providing a reference point for online testing of proteins in deshelled and shelled pine nuts.

Key words: near-infrared spectroscopy; northeastern pine nuts; pretreatment method; protein; band selection

松子中富含人体必须的的蛋白质、脂肪和多种维生素，其营养价值非同一般。松仁中的蛋白质能够降低人体能量消耗的速度，抑制人的疲倦乏力感，其含量较高，约在 13~20%之间。松仁中含有 19 种氨基酸组分，其中谷氨酸最高，临床试验表明，其对精神分裂症及因脑血管障碍而引起的小儿智力不全有一定的治疗作用。因此，松子中的蛋白质可以作为评定松子果实营养价值的重要依据。传统的蛋白质提取法多为基于凯氏定氮法的化学分析，该方法所需测试时间较长和步骤繁锁，并且由于需要大量的挥发性溶剂，在测试过程中会对测试人员产生健康危害[1]，松子在经过测试后也无法继续使用，并只能抽样检测，无法满足大规模生产对在线检测的需求。因此，建立一种快速、准确、简便、安全与非破坏性的松子蛋白质检测

收稿日期：2016-05-10

基金项目：国家自然科学基金项目（31270757）；林业局 948 项目（2011-4-04）

作者简介：仇逊超（1986-），女，在读博士研究生，研究方向：农产品无损检测，农、林业机械化工程研究

通讯作者：曹军（1956-），男，博士，教授，研究方向：农、林业机械化工程研究，机电一体化

方法，是十分必要的，同时也为其它带壳干果的蛋白质无损检测提供了参考价值。

近红外光谱技术是一种绿色分析方法，其无需对样品进行任何预处理，也无需任何溶剂，操作简便，并且检测所需时间短，已被广泛的应用到农副产品的品质检测中[2~4]。Tilo Schönbrodt[5]等人在波长范围800~1666 nm 间利用偏最小二乘法构建了油脂埋植剂释放的蛋白质数学模型，其模型预测的标准误差在57~176 μg 之间；张中卫[6]等人采用微型近红外光纤光谱仪，在 900~1700 nm 范围内对奶粉中蛋白质含量进行了无损检测，其校正模型的决定系数为 0.987，预测集标准差为 0.768。坚果检测方面，刘洁[7~8]等人利用近红外漫反射光谱法对带壳板栗和栗仁蛋白质和水分进行了检测，带壳板栗、栗仁的蛋白质和水分模型验证集相关系数分别为0.7324、0.7655、0.8092 和 0.8473。郝中诚[9]等人在波长范围 1000~1800 nm 间构建了南疆温 185 核桃水分近红外漫反射模型，模型预测的平均偏差为 0.35%。然而利用近红外光谱分析方法对松子蛋白质进行检测的研究未见报道。

本研究拟在 900~1700 nm 波长范围下，采用便携式光谱仪检测东北松子的蛋白质。利用求导、多元散射校正、变量标准化校正和矢量归一化预处理方法对原始带壳松子和去壳松仁光谱进行处理；利用反向间隔偏最小二乘法、无信息变量消除法，探讨光谱波段筛选方法对松子蛋白质建模精度的影响，通过对比确定最佳预处理方法及最优波段选取方法，从而实现提高模型精确性、预测能力，降低其运算时间及复杂程度的目的，为快速检测带壳松子和松仁的蛋白质提供一定的参考。

1 材料与方法

1.1 材料

生的东北松子样品购买于东宁县北域良人贸易有限公司，试验前按照相关贮藏标准，将全部松子样品保存于相对湿度 85%、温度 2 ℃的条件下。根据光谱数据的采集要求，扫描松子样品前将其放置于实验室 24 h，使其温度与实验室内的温度一致。选取东北松子样品 134 个进行编号，其中校正集样品 104 个，用于模型的建立；验证集样品 30 个，用于对模型的可靠性验证。

1.2 试验设备

光谱仪器：NIR-NT-spectrometer-OEM-system(图1)，德国 INSION 公司，适用光谱波长范围：900~1700 nm，光谱分辨率<16 nm，探测器阵列为 InGaAs 阵列，入口光纤为 300/330 μm，体积为 67×36×22 mm。光源为工作电压 6 V 的卤素光源。卤素灯光源与松子样品间采用 Y 型光纤连接，光线的另一端与光谱仪连接，通过 USB 线实现光谱仪与 PC 机的连接。该光谱仪器可在复杂环境下良好工作，并且不受剧烈振动的影响，操作简便，价格低廉，适合松子样品的在线检测。

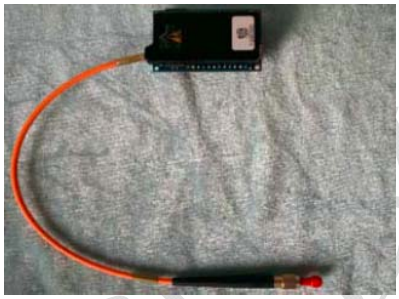


图 1 NIR-NT 光谱仪

Fig.1 NIR-NT spectrometer

1.3 试验方法

1.3.1 松子光谱数据的获取方法

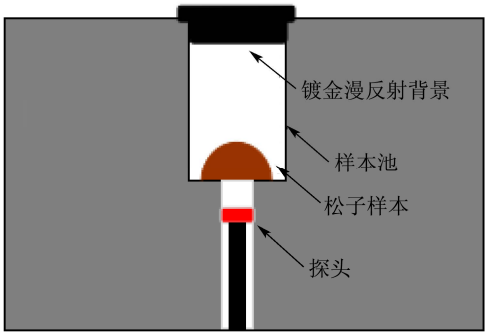


图 2 松子光谱测量示意图

Fig.2 Schematic diagram of spectral measurement for northeastern pine nuts

获取松子样品光谱数据的过程中，保持实验室环境温度在 26 ℃左右，采集松子光谱数据前，先对标准镀金漫反射背景体进行扫描，用于后续试验的背景参比。采用漫反射方式扫描 64 次，设定光谱仪积分时间 30 ms，平均次数 3 次；在采集光谱数据的过程中，将松子最大横径的中心位置至于光源上，保正光源对松子样品的垂直照射，并被松子完全遮挡住，以减少光谱的差异，光谱采集完成一次后，旋转松子样品 90 °，共旋转 3 次，以实现松子样品的共 12 (3×4)次扫描，松子样品的测量示意图如图 2 所示，试验过程中，松子样品与光源的距离在 3 cm 左右。首先分别对带壳松子样品进行扫描，然后将松子进行手工去壳，分别对松仁样品进行扫描。

1.3.2 松子蛋白质的化学测定方法

采用食品安全国家标准 GB 5009.5-2010 中的第一法-凯氏定氮法，测定松子样品的蛋白质。

2 结果与讨论

2.1 松子蛋白质测定结果

表 1 为所测松子样品的蛋白质分布，松子样品的蛋白质分布在 12.79~24.98%之间，平均值为 16.46%，由此可知，试验中选取的松子样品分布差异较广，具有很好的代表性，可以用于松子蛋白质的分析，能够满足近红外光谱构建模型的要求。校正集和验证集的划分采用 Kennard-Stone(K-S)[10]方法实现。

由表 1 可知，校正集样品的蛋白质覆盖范围大于验证集样品，这对保证验证模型的稳定性是有所帮助的。由于带壳松子和去壳松仁的光谱特性不同，虽然蛋白质相同，但其光谱-理化值共生距离存在差别，因而选定的校正集样本不同。

表 1 松子样品蛋白质分布

Table 1 Distribution of proteins in pine nut samples

Data set	Samples	Protein/%			
		Max	Min	Mean	S.D.
Total	134	24.98	12.79	16.46	2.36
Calibration of pine nuts with peel	104	24.98	12.79	16.71	2.57
Prediction of pine nuts with peel	30	17.45	13.36	15.58	1.08
Calibration of peeled pine nuts	104	24.98	12.79	16.66	2.58
Prediction of peeled pine nuts	30	18.38	13.89	15.78	1.16

2.2 松子近红外漫反射光谱数据分析

图 3 所示为采用漫反射方法采集松子样品的原始反射光谱数据。其中蓝色曲线为带壳松子光谱，红色曲线为去壳松仁光谱，光谱波长范围为 906.9~1699.18 nm，采样间隔为 6.83 nm。

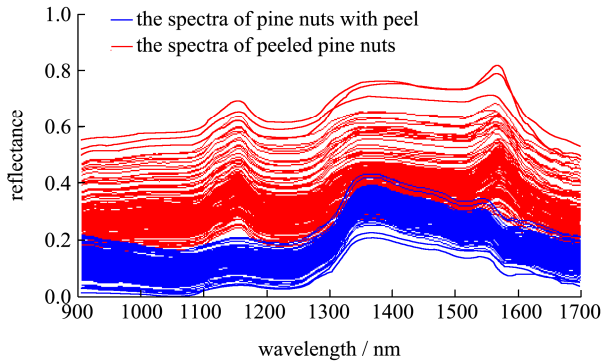


图 3 原始松子样本反射光谱

Fig.3 Reflectance spectra of the original pine nuts

由图 3 可知，带壳松子样品的吸收光度明显低于去壳松仁样品的吸收光度，可见松子壳干扰了光谱信息的获取，但带壳松子与去壳松仁表现的吸收峰递增或递减趋势的位置基本相同。蛋白质的结构特点是：均为-α 氨基酸，主要由 C、H、O、N 四种元素组成，其结构长链中存在如-NH、-NH_2、-COOH 等基团。文献[11]表明，图 3 中 1400 nm 附近的波峰为 N-H 杂环芳香化合物的伸缩振动一级倍频吸收，1050 nm 附近的微弱波峰为 N-H 键二级倍频吸收，1160 nm 附近的波峰为 C-H 键二级倍频吸收；根据文献[6]可知，蛋白质 N-H 键倍频吸收的特征谱带在 1000~1100 nm、1420~1520 nm 之间。因此本文选取的波长范围包含了蛋白质的特征吸收区域，表明了带壳松子和去壳松仁样品的光谱数据能够反映松子蛋白质的相关信息。

2.3 光谱的预处理

原始的光谱数据除了包含样品自身的信息外，还会包含如噪声信息及附加散射变动等干扰信息，为了消除这些干扰，本文采用多元散射校正(Multiplication scatter correction，MSC)、变量标准化校正(Standard normalized variate，SNV)、矢量归一化(Vector normalization)、一阶导数(First derivative，1-Der)和二阶导数(Second derivative，2-Der)方法对原始带壳松子及去壳松仁光谱进行预处理。采用偏最小二乘回归分析法(PLS)，构建多个东北松子蛋白质近红外模型，根据计算得到的各个模型的校正集相关系数(R_C)、校正集均方根误差(RMSEC)、验证集相关系数(R_P)以及验证集均方根误差(RMSEP)评价参数的最优值，进而选取出光谱预处理的最佳方法。最优值的评价标准是：相关系数越大越好，均方根误差越小越好。

对光谱数据求导可以消除基线和背景干扰，但会放大噪声，降低信噪比，求导窗口的宽度不同，产生预处理效果也不同，因此，需要选出模型评价的最佳窗口宽度。需要注意的是，窗口宽度一般不超过光谱吸收峰半峰宽的 3/2 倍。以模型的交叉验证均方根误差(RMSECV)值来评价最佳求导窗口宽度，结果如图 4 所示。

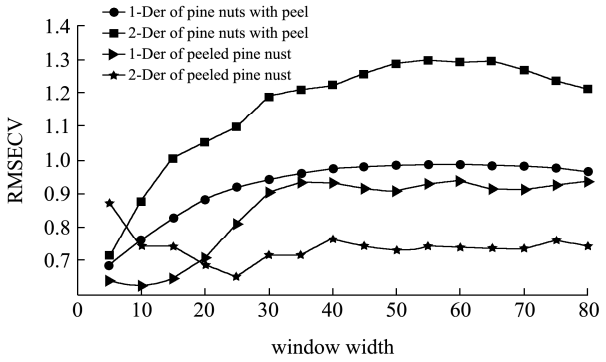


图 4 不同窗口宽度求导模型结果

Fig.4 Results of derivative model in different window widths

由图 4 可知，在采用 1-Der 预处理情况下，带壳松子和去壳松仁窗口宽度分别取 5 和 10 时 RMSECV 最小；在采用 2-Der 预处理情况下，带壳松子和去壳松仁窗口宽度分别取 5 和 25 时 RMSECV 最小。

利用 Matlab 7.10.0 软件平台，在全光谱范围内，对带壳松子和去壳松仁光谱进行多种不同预处理，构建松子样品蛋白质 PLS 模型，结果如表 2 所示。

由表 2 可知，由于松子壳的存在，使得带壳松子和去壳送松仁的蛋白质 PLS 模型存在一定差异，但仍可从带壳松子的原始光谱数据中获得蛋白质信息。带壳松子的原始光谱数据经过预处理后，模型质量提高了，表明合理的运用预处理方法能够提高模型的预测精确性及稳健性；去壳松仁光谱经过 SNV 和 MSC 预处理后消除了光谱的散射影响，改善了模型的各项指标，但经过归一化和求导处理后，模型的质量下降了，这是由于在预处理的过程中，放大或引入了噪声信息，或是使光谱的真正有效信息减少了，导致光谱信噪比下降，而产生的结果；带壳松子和去壳松仁原始光谱经过预处理后，SNV 构建的模型均略优于 MSC 构建的模型，这可能是因为 SNV 是基于光谱阵的行，即对一条光谱数据进行处理，而 MSC 是基于一组样品的光谱阵进行预处理，而造成的结果。采用归一化的方法对带壳松子光谱进行预处理，得到的模型最佳，其 Rc 为 0.8876；RMSEC 和 RMSEP 分别为 0.6548 和 0.6913；经过 SNV 预处理后得到的去壳松仁模型最佳，其 Rc 为 0.9144；RMSEC 和 RMSEP 分别为 0.5695 和 0.6095。带壳松子和去壳松仁的光谱数据后续处理在此预处理结果基础上进一步展开研究。

表 2 不同预处理方法建立松子蛋白质 PLS 模型

Table 2 Protein PLS models of pine nuts by different pretreatment methods

Method	Pine nuts with peel				Peeled pine nuts			
	R_c	RMSEC	R_P	RMSEP	R_c	RMSEC	R_P	RMSEP
Raw	0.8308	0.7273	0.7979	0.7688	0.8988	0.5883	0.8674	0.6250
SNV	0.8860	0.6569	0.8458	0.6926	0.9144	0.5695	0.8817	0.6095
MSC	0.8780	0.6699	0.8419	0.6972	0.9128	0.5713	0.8796	0.6125
Normalization	0.8876	0.6548	0.8538	0.6913	0.8767	0.6165	0.8412	0.6566
1-Der	0.8767	0.6715	0.8371	0.7029	0.8848	0.6073	0.8494	0.6470
2-Der	0.8645	0.6858	0.8294	0.7320	0.8648	0.6290	0.8336	0.6651

2.4 特征波段的选取

全波段光谱数据的数据量大，含有冗余信息多，建模计算工作量大，处理时间长，不利于产品的快速在线检测，并且某些波段的信噪比较低，使得预测模型的精度也降低，因此，在建模的过程中，要选取有效的波段和区域。采用反向间隔偏最小二乘法(Backward interval partial least squares，BiPLS)[12]和无信息变量消除法(Elimination of uninformative variables，UVE)[13]对经过预处理的光谱建模，进行光谱波段的选取。

BiPLS 模型的效果受到不同分割数的影响，分割数较小时，会使得信息量较好的区间被剔除；较大时，计算量大，建模复杂，变量数目不能有效的减少。图 5 所示为不同分割数对带壳松子和去壳松仁建模结果的影响。

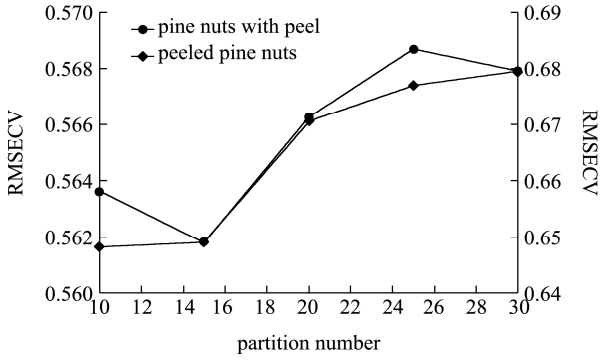


图 5 不同分割数模型评价结果

Fig.5 Model evaluation results of different numbers of partition

由图 5 可知，分割数分别取 15 和 10 时，经过优选波段后，得到的带壳松子和去壳松仁的模型最佳。带壳松子和去壳松仁的光谱波段筛选结果如图 6 所

示。

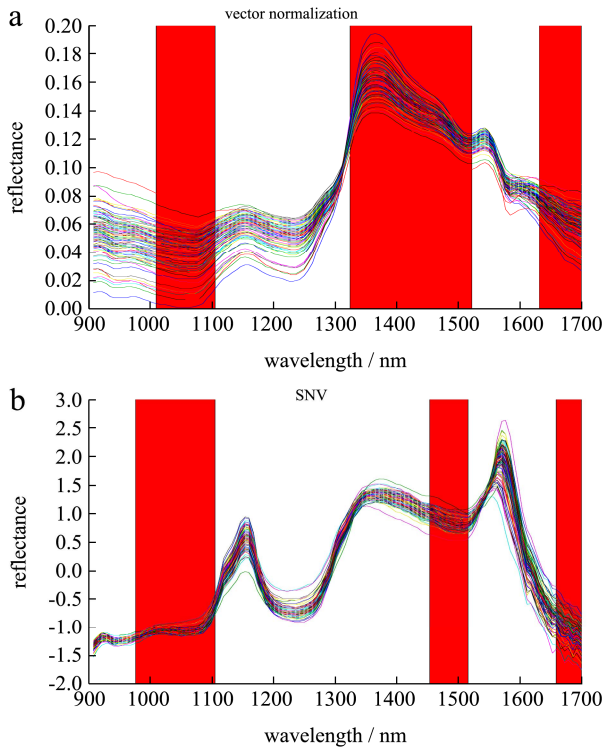


图 6 BiPLS 波段筛选结果

Fig.6 Band selection results of BiPLS

注：a 为带壳松子波段筛选结果；b 为去壳松仁波段筛选结果。

图 6a 为带壳松子经过归一化预处理后，在分割数为 15 的情况下的优选波段结果，对应的波段组合区域为 2、5、6、8，相应的波长范围为 1009.35~1104.97 nm、1323.53~1521.6 nm、1630.88~1699.18 nm；图 6-b 为去壳松仁经过 SNV 预处理后，在分割数为 10 的情况下的优选波段结果，对应的波段组合区域为 2、3、9 和 11，相应的波长范围为 975.2~1104.97 nm、1453.3~1514.77 nm、1658.2~1699.18 nm。筛选所得的特征波段分别对应了蛋白质 N-H 键的基频和倍频，N-H 键 1 倍频叠加了大量蛋白质分子的官能团特征吸收；筛选保留的 1690 nm 附近的谱带则与蛋白质的不同二级结构(*α-helix*，*β-sheet*)及其含量相关[14]，说明经过 BiPLS 筛选后保留了蛋白质属性中最重要的吸收谱带，多数冗余信息变量被消除了。

UVE 是基于分析 PLS 回归系数稳定性的变量筛选方法，其变量稳定性分析结果如图 7 所示，绿色实线为波长变量稳定性分布曲线，红色实线为引入的噪声变量稳定性分布曲线，虚线为阈值上下限，即在 2 条虚线外的波长变量被保留。对应得到的筛选波段结果如图 8 所示。

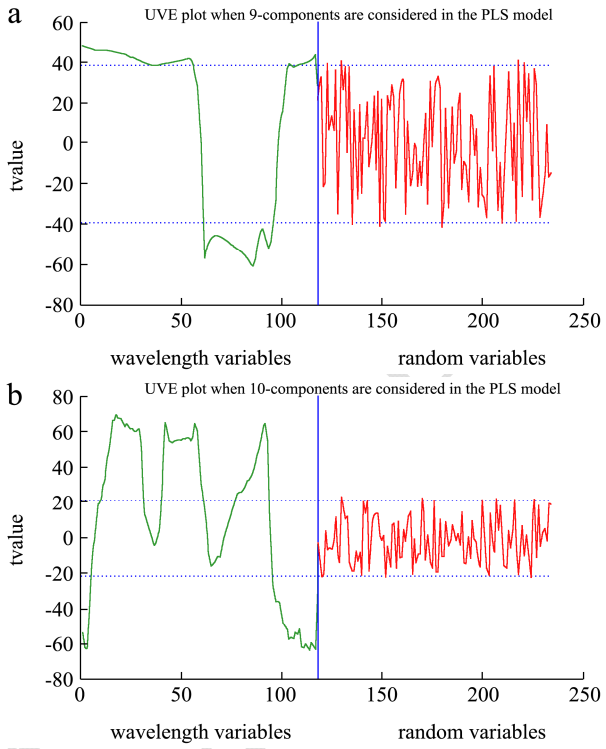


图 7 UVE 变量稳定性分析结果

Fig.7 Results of UVE variable stability analysis

注：a 为带壳松子变量稳定性分析结果；b 为去壳松仁变量稳定性分析结果。

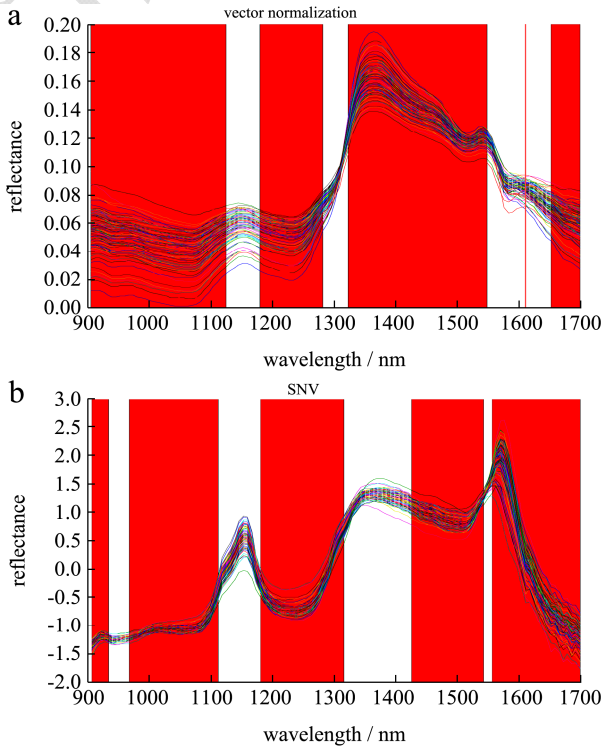


图 8 UVE 波段筛选结果

Fig.8 Band selection results of UVE

注：a 为带壳松子波段筛选结果；b 为去壳松仁波段筛选结果。

图 8a 为带壳松子经过归一化预处理后的 UVE 优选波段结果，优选波长范围为 906.9~1125.46 nm、1180.1~1282.55 nm、1323.53~1548.92 nm、1610.39 nm、1651.37~1699.18 nm；图 8b 为去壳松仁经过 SNV 预处理后的优选波段结果，优选波长范围为 906.9~934.22 nm、968.37~1111.8 nm、1180.1~1316.7 nm、1425.98~1542.09 nm、1555.75~1699.18 nm。除保留了蛋白质 N-H 键倍频及与蛋白质氨基酸种类、含量相关所对应的谱带外，还保留了如与 C-H 和 O-H 键倍频等其他信息所对应的吸收谱带。

2.5 全波段和特征波段的模型比较与模型验证

在上述研究的基础上，分别在全波段、特征波段区域范围下构建带壳松子和去壳松仁的蛋白质 PLS 模型，通过比较相关系数和均方根误差，从而确定模型的优劣。模型评价结果如表 3 所示。

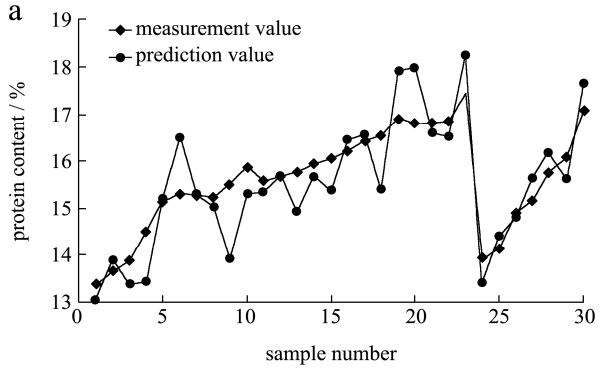
表 3 全波段和特征波段下模型评价结果

Table 3 Results of model evaluation under full wavelength and characteristic bands

Sample	Method	No. of variables	R_c	RMSEC	R_P	RMSEP
Pine nuts with peel	None	117	0.8876	0.6548	0.8538	0.6913
	BiPLS	56	0.9056	0.6346	0.8766	0.6670
	UVE-PLS	94	0.8879	0.6544	0.8584	0.6861
Peeled pine nuts	None	117	0.9144	0.5695	0.8817	0.6095
	BiPLS	37	0.9383	0.5400	0.9031	0.5761
	UVE-PLS	88	0.9293	0.5527	0.8867	0.5928

由表 3 可知，通过优选波段模型各项指标得到了改善，变量数量有所减少，相关系数有所提升而均方根误差则有所下降，说明波段筛选对模型的质量提升有所帮助；UVE-PLS 构建的模型质量较 BiPLS 构建的质量较次之，这主要是因为，UVE 筛选方法保留的变量较多，存在冗余信息，使得模型的预测精确度较差。在对带壳松子光谱进行归一化处理以及去壳松仁光谱进行 SNV 处理后，在 BiPLS 选取的波段范围下，构建的带壳松子蛋白质 PLS 模型 Rc 可达 0.9056，RMSEP 为 0.6670，去壳松仁蛋白质 PLS 模型 Rc 可达 0.9383，RMSEP 为 0.5761。因此，在对松子样品进行蛋白质 PLS 建模分析的过程中，采用 BiPLS 法是更为适合的，能够筛选出数量更少、更合理的波长变量。

分别将 30 个验证集带壳松子、去壳松仁的样品光谱带入经相应预处理方法后，BiPLS 优选的特征波段下的优化模型中，计算得到的最终预测结果如图 9 所示。



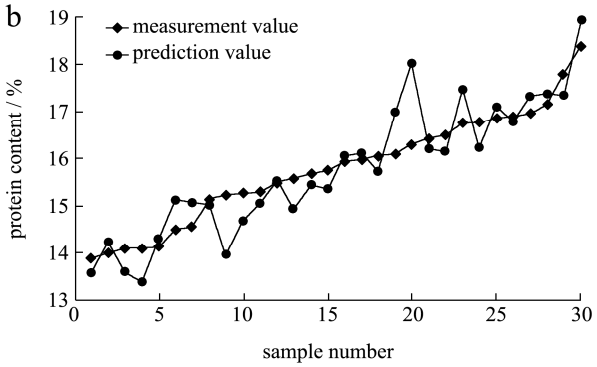


图 9 松子蛋白质模型预测结果

Fig.9 Predication results of protein content in the pine nuts

注：a 为带壳松子模型预测结果；b 为去壳松仁模型预测结果。

3 结论

3.1 本试验利用近红外光谱法在 900~1700 nm 范围内对东北松子蛋白质进行了无损检测研究。通过比较不同预处理方法对带壳松子和去壳松仁的光谱数据模型性能的影响，发现只有选取合适的预处理方法，有效地消除干扰因素，才能提升模型的质量；通过对光谱波段的筛选，提升了模型的各项指标和模型的预测精确性，表明了波段优化在建模分析过程中的重要地位。

3.2 试验结果表明：（1）经过归一化预处理后的带壳松子蛋白质 PLS 模型最佳，经过 SNV 预处理后的去壳松仁蛋白质 PLS 模型最优；（2）采用 BiPLS、UVE

波段筛选方法均能使建模变量数量有所减少，优化模型质量，且经 BiPLS 筛选波段后构建的模型最优，消除了大量冗余信息的同时，保留了蛋白质属性中最重要的特征波段，其构建的带壳松子蛋白质 PLS 模型 Rc 可达 0.9056，RMSEP 为 0.6670，去壳松仁蛋白质 PLS 模型 Rc 可达 0.9383，RMSEP 为 0.5761。由于受到松子壳的干扰，带壳松子蛋白质模型检测精度略低于去壳松仁蛋白质模型，但结果仍是可靠的，并且为带壳松子蛋白质的在线检测提供了一个新的方法和思路。

参考文献

[1] 吴建虎,黄钧.可见/近红外光谱技术无损检测新鲜鸡蛋蛋白质含量研究[J].现代食品科技,2015,31(5):285-290
WU Jian-hu, HUANG Jun. Non-destructive Detection of protein content in fresh eggs by visible/near-infrared reflectance spectroscopy [J]. Modern Food Science and Technology, 2015, 31(5): 285-290

[2] Lutz O, Bonn G K, Rode B M, et al. Reproducible quantification of ethanol in gasoline via a customized mobile near-infrared spectrometer [J]. Analytica Chimica Acta, 2014, 826(1): 61-68

[3] Yao Lin-xing, Zhou Wen, Wang Tong, et al. Quantification of egg yolk contamination in egg white using UV/Vis spectroscopy: Prediction model development and analysis [J]. Food Control, 2014, 43(43): 88-97

[4] LIU Mu-hua, YAO Lin-xing, WANG Tong, et al. Rapid determination of egg yolk contamination in egg white by VIS spectroscopy [J]. Journal of Food Engineering, 2014, 124(3): 117-121

[5] Sch Nbrodt T, Mohl S, Winter G, et al. NIR spectroscopy-a non-destructive analytic tool for protein quantification within lipid implants [J]. Journal of Controlled Release, 2006, 114: 261-267

[6] 张中卫,温志渝,曾甜玲,等.微型近红外光纤光谱仪用于奶粉中蛋白质脂肪的定量检测研究[J].光谱学与光谱分析,2013,7(33):1796-1800
ZHANG Zhong-wei, WEN Zhi-yu, ZENG Tian-ling, et al. Miniature near-infrared fiber optic spectrometer for the quantitative detection of protein and fat in mile powder [J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2013, 7(33): 1796-1800

[7] 刘洁,李小昱,王为,等.基于近红外光谱的板栗蛋白质检测方法研究[C].中国农业工程学会学术年会,2011
LIU Jie, LI Xiao-yu, WANG Wei, et al. Evaluation of the protein content in chestnuts using near infrared spectroscopy [C]. Academic Annual Meeting of China Agricultural Engineering, 2011

[8] 刘洁,李小昱,李培武,等.基于近红外光谱的板栗水分检测方法[J].农业工程学报,2010,26(2):338-341
LIU Jie, LI Xiao-yu, LI Pei-wu, et al. Determination of moisture in chestnuts using near infrared spectroscopy [J]. Transactions of the CSAE, 2016, 26(2): 338-341

[9] 郝中诚,彭云发,张宏,等.基于近红外光谱的南疆温 185 核桃水分无损检测的研究[J].安徽农业科学,2014,42(21):7191-7193,7233
HAO Zhong-cheng, PENG Yun-fa, ZHANG Hong, et al. Nondestructive testing research of wen 185 walnut water in south Xinjiang by NIRS [J]. Journal of Anhui Agri. Sci., 2014, 42(21): 7191-7193, 7233

[10] Macho S, Iusa R, Callao M P, et al. Monitoring ethylene content in heterophasic co-polymers by near-infrared spectroscopy standardization of the calibration model [J]. Amal. Chim. Acta, 2001, 445(2): 213-220

[11] 王培培,张德全,陈丽,等.近红外光谱法预测羊肉化学成分的研究[J].核农学报,2012,26(3):500-504
WANG Pei-pei, ZHANG De-quan, CHEN Li, et al. Predication of mutton chemical composition by near infrared reflectance spectroscopy [J]. Journal of Nuclear Agriculture Sciences, 2012, 26(3): 500-504

[12] CHEN Hua-zhou, TAO Pan, CHEN Jie-mei, et al. Waveband selection for NIR spectroscopy analysis of soil organic matter based on SG smoothing and MWPLS methods [J]. Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems, 2011, 107(1): 139-146

[13] HE Kai-xun, CHENG Hui, DU Wen-li, et al. Online updating of NIR model and its industrial application via adaptive wavelength selection and local regression strategy [J]. Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems, 2014, 134(8): 79-88

[14] 江艳,武培怡.近红外光谱在蛋白质和含酰胺基团聚合物研究中的应用[J].化学进展,2008,12(20):2021-2033
JIANG Yan, WU Pei-yi. Application of Near-infrared spectroscopy in the study of protein and polymers with amide group [J]. Progress in Chemistry, 2008, 12(20): 2021-2033