

基于 FT-NIR 光谱技术结合 KPCA-MD-SVM 对白酒基酒的快速判别

翟双¹, 庾先国^{1*}, 张贵宇^{1,2*}, 朱雪梅¹, 罗林¹, 高婧¹, 罗琪¹

(1. 四川轻化工大学自动化与信息工程学院, 人工智能四川省重点实验室, 四川宜宾 644000)

(2. 西南科技大学信息工程学院, 四川绵阳 621010)

摘要: 为保证在摘酒过程中基酒分段的准确, 研究通过利用傅里叶变换近红外设备对整个摘酒过程中的基酒样品进行光谱采集, 使用支持向量机 (SVM) 对最优预处理的基酒光谱建立基酒分段模型, 其模型训练集的正确率为 93.02%, 测试集判别率为 90.08%。为减少建模时间和提高模型的可靠性, 使用核主成分分析 (KPCA) 对基酒光谱数据降维, 并对此建立基酒分段模型。其训练集正确率为 94.81%, 测试集判别率为 90.75%, 相比无 KPCA 分析时的分段模型训练集高 1.79%, 测试集高 0.67%。为进一步提高模型的判别能力, 使用马氏距离 (MD) 剔除了降维后的异常数据样品, 创建的基酒分段模型训练集对基酒段数的正确率为 98.72%, 测试集正确率为 98.75%。剔除异常样品后的分段模型的训练集正确率提高了 3.91%, 测试集判别率提高了 8%。以上研究表明了 KPCA+MD+SVM 基酒分段模型能对基酒进行快速判别, 为近红外光谱在自动化摘酒方面提供了一种理论可能。

关键词: 白酒基酒; 傅里叶变换近红外; 核主成分分析; 马氏距离; 支持向量机

文章编号: 1673-9078(2022)04-248-253

DOI: 10.13982/j.mfst.1673-9078.2022.4.1132

Rapid Discrimination of Base Liquor for Baijiu Based on FT-NIR Spectroscopy and KPCA-MD-SVM

ZHAI Shuang¹, TUO Xianguo^{1*}, ZHANG Guiyu^{1,2*}, ZHU Xuemei¹, LUO Lin¹, GAO Jing¹, LUO Qi¹

(1.School of Automation & Information Engineering, Artificial Intelligence Key Laboratory of Sichuan Province, Sichuan University of Science & Engineering, Yibin 644000, China)

(2.School of Information Engineering, Southwest University of Science and Technology, Mianyang 621010, China)

Abstract: To ensure the accuracy of base liquor segmentation in the process of liquor picking, the spectra of base liquor samples during the whole liquor picking process were collected using Fourier transform near-infrared spectroscopy, and support vector machines were used to establish a segmentation model for the spectrum of the base liquor with the optimal pretreatment. The accuracy of the model training set was 93.02%, and the discrimination rate for the test set was 90.08%. To reduce the modeling time and increase the reliability of the model, kernel principal component analysis was used to reduce the dimensionality of the base liquor spectral data. A segmentation model for the base liquor was established. The accuracy of the model for the training set was 94.81%, and the discrimination rate for the test set was 90.75%, which were 1.79% and 0.67% higher than those of the model without kernel principal component analysis, respectively. To further improve the discrimination ability of the model, the Mahalanobis distance was used to eliminate abnormal data samples after dimensionality reduction. The accuracy of the new model for the training set in terms of the number of base liquor segments was 98.72%, and the accuracy for the test set was 98.75%. The accuracy for the training set and discrimination rate for the test set

引文格式:

翟双,庾先国,张贵宇,等.基于 FT-NIR 光谱技术结合 KPCA-MD-SVM 对白酒基酒的快速判别[J].现代食品科技,2022,38(4):248-253

ZHAI Shuang, TUO Xianguo, ZHANG Guiyu, et al. Rapid discrimination of base liquor for Baijiu based on FT-NIR spectroscopy and KPCA-MD-SVM [J]. Modern Food Science and Technology, 2022, 38(4): 248-253

收稿日期: 2021-10-12

基金项目: 四川省重大科技专项项目(2018GZDZX0045); 四川省科技成果转化示范项目(2020ZHCG0040); 四川省科技计划项目(2016SZ0074)

作者简介: 翟双(1995-), 女, 硕士生在读, 研究方向: 白酒智能酿造与应用, E-mail: 1337415686@qq.com

通讯作者: 庾先国(1965-), 男, 博士, 教授, 研究方向: 核技术应用, E-mail: tuoxianguo@suse.edu.cn; 共同通讯作者: 张贵宇(1987-), 男, 博士生, 讲师, 研究方向: 白酒自动化、人工智能, E-mail: gyz_118@163.com

were improved by 3.91% and 8%, respectively. Thus, the kernel principal component analysis + Mahalanobis distance + support vector machine-based liquor segmentation model can quickly distinguish base liquor, suggesting that near infrared spectroscopy can be applied in automatic liquor picking.

Key words: base liquor of Baijiu; Fourier transform near infrared; kernel principal component analysis; Mahalanobis distance; support vector machine

白酒在中国是一种具有独特历史背景和风土人情的产物,其酿造工艺更是代代相传。摘酒是酿造工艺中很重要的一个环节^[1,2],基酒的准确分级是摘酒过程中最为重要的操作。基酒品质的好坏直接影响到白酒的贮存和优质成品酒的产量。目前,摘酒主要还是靠成熟的摘酒工通过看酒花的大小和品尝味道来对基酒的酒度和风味进行一个评判和分段摘取,此方法会因为工人的熟练度有所不同而导致基酒品质良莠不齐,从而影响白酒的分级贮存和优质酒的产量。故研究一种简单且又客观准确的基酒分段判别技术尤为重要。

近年来,光谱技术的发展尤为迅速,因其重现性好,检测快速且无损,样品无需处理等优点已经被广泛运用于食品行业的质量检测以及其他行业物质类别的快速鉴别。高畅等^[3]、段飞等^[4]运用近红外光谱技术结合算法对白酒基酒总酯建立了定量分析模型。董新罗^[5]运用近红外光谱技术结合化学计量学方法对杜康基酒中五种主要风味物质进行了快速检测。龚辉等^[6]利用近红外漫反射技术实现了对黄酒酒醅中的酒精度的快速测定。袁强等^[7]使用傅里叶近红外光谱法快速测定了养生酒的酒精度。孙宗保等^[8]利用傅里叶变换近红外光谱技术对白酒基酒的主要风味物质进行了快速定量分析以及对白酒基酒建立了定性分析模型。以上研究都表明光谱技术能对白酒进行定性和定量检测,而目前对摘酒过程中基酒的检测和研究还比较少,基本集中在对基酒的实验室研究。因其 FT-NIR 近红外光谱对样品检测速度快且对样品无损,能满足在生产过程对基酒的检测。

近红外光谱技术作为一种间接的分析检测手段,是无法直接从光谱信号中得出相关化合物的定量或定性信息,其检测结果需要结合有效的建模方法来体现。光谱数据本质上属于非线性数据,数据处理时寻找一种有效的非线性分析处理方法能够提高建模效果。核主成分分析(Kernel Principal Component Analysis, KPCA)是一种建立在主成分分析(Principal Component Analysis, PCA)基础上的非线性处理算法。PCA在处理线性数据时效果良好,但是在非线性数据处理效果上不明显,而KPCA就能较好的解决这个问题^[9,10]。异常样品的存在会降低模型的精度和泛化能力,所以在构建模型时需要将其异常数据剔除。马氏距离(Mahalanobis distance, MD)适用于近红外光谱

异常数据的剔除^[11],因此选择了此方法来剔除基酒异常光谱数据。支持向量机(Support Vector Machine, SVM)主要是通过找到最大间隔的划分超平面,使得不同类别之间的间隔最大化,在处理非线性和高维数据等问题中具有一定优势^[12-14]。故利用KPCA+MD+SVM对白酒基酒光谱数据建立定性判别模型以实现对白酒基酒的快速鉴别,为近红外在自动摘酒上提供一种理论可能。

1 材料与方法

1.1 样品与数据采集

摘取的基酒品质段数是根据发酵酒醅的质量而具体制定。实验所摘取的基酒样品有四个品级的划分,有头段、一段、二段以及尾段。从酒甑开始流酒起,摘取头段到尾段每个段数的基酒样品。由于不同酒段的流酒时间不同,设置摘取基酒样品的间隔时间也是不同的。头段、二段以及尾酒摘取时间间隔为1~2 min,一段酒的摘取间隔为7~8 min。从头段到尾段一共采集10个样品,将采集好的样品装入事先准备好的50 mL的采集瓶,以备采集光谱数据使用。本文研究所用白酒基酒近红外光谱样品共400个,其中按基酒段数各取100个,样品取自中国某白酒酒厂。

1.2 仪器与样品制备

仪器设备:光谱采集设备是来自德国Bruker公司型号为Matrix-F的傅里叶变换近红外光谱仪,光谱分析软件采用MATLAB2020。

样品制备:实验室温度为20±2℃,空气相对湿度<80%RH。先将近红外检测附件安装在光谱仪上,然后启动与仪器相连的电脑,并启动仪器电源,待仪器稳定后启动光谱信号采集软件OPUS7.8,并预热1h。调试仪器检测模式,将仪器检测模式调为液体检测模式,液体测定采用透射模式,并且设置光谱扫描范围:4000~12000 cm⁻¹;分辨率:8 cm⁻¹;扫描次数:32次。基酒的原始光谱数据是取两次光谱扫描结果的平均值。

1.3 数据处理

1.3.1 数据预处理

基酒样品光谱采集范围是4000~12000 cm⁻¹,因受

仪器本身的原因, 光谱图的两端的噪声影响较大, 因此截取采集在 4300~9000 cm⁻¹ 范围内的 1217 个光谱数据进行处理分析。光谱谱图一般会存在噪声、基线漂移及背景干扰, 为提高建模的精度与可靠性, 需对原始光谱数据进行预处理来消除其无关干扰。常用的光谱预处理方法有一阶导数, Savitzky-Golay 平滑, 基线校准等方法。

1.3.2 数据降维与异常样本剔除

1.3.2.1 数据降维

基酒中含有香味物质的种类繁多, 光谱数据中含有大量的特征信息及冗余信息, 故对数据进行降维处理。线性降维不能很好将数据分类, 故使用核主成分分析 (KPCA) 对基酒光谱数据进行降维处理。

核主成分分析算法是在 PCA 算法的基础上加入了核函数, 可以挖掘出数据集中隐含的非线性信息。

假设有 n 个基酒样本 $x = \{x_1, x_2, \dots, x_n\}$, $x_i \in R^N$, 每个样本有 m 个属性, 则 $x_i = \{x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{im}\}$ 。构造初始样本矩阵 $X'_{n \times m}$ 并进行标准化, 得到样本矩阵 $X_{n \times m}$ 。

首先, 将样本通过映射函数 φ 映射到高维特征空间 R^f 中, 对应映射值为 $\varphi(x_1), \varphi(x_2), \dots, \varphi(x_n)$ 并使用 PCA 方法得到协方差矩阵为:

$$C = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \varphi(x_i) \varphi(x_i)^T \quad (1)$$

其特征方程为:

$$Cv = \lambda v \quad (2)$$

式中:

λ ——协方差矩阵的特征值;

v ——特征向量。

由(1)、(2)式可得 v :

$$v = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \varphi(x_i) \frac{\varphi(x_i)^T v}{\lambda n} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \varphi(x_i) \alpha_i \quad (3)$$

$$\text{其中: } \alpha_i = \frac{\varphi(x_i)^T v}{\lambda n} \quad (4)$$

引入核函数:

$$k(x_i, x_j) = \varphi(x_i)^T \varphi(x_j) \quad (5)$$

对于协方差矩阵(1), 任意的 $k=1, 2, \dots, n$ 有:

$$\varphi(x_k) Cv = \lambda \varphi(x_k) v \quad (6)$$

将式(1)、(3)、(5)带入(6)可得:

$$K\alpha = \lambda n \alpha \quad (7)$$

式中:

K —— k 对应的核矩阵。

通过(8)式, 求得特征值 $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_n$ 及其对应特征向量 $\alpha_1, \alpha_2, \dots, \alpha_n$ 。选取 p ($p \leq n$) 个特征值, 满足贡献率 $\geq 85\%$ 。新样本 $\varphi(x_j)$ 投影后的第 j ($j=1, 2, \dots,$

p) 维坐标为:

$$y_i = \sum_{j=1}^n \alpha_j^j k(x_i, x_j) \quad (8)$$

式中:

α_j^j —— α_j 的第 j 个分量。

1.3.2.2 异常样本剔除

为提高建模的准确性, 研究采用马氏距离来剔除基酒光谱的异常样品。

马氏距离计算公式:

$$MD_{ij} = \sqrt{(x_i - x_j)^T V^{-1} (x_i - x_j)} \quad (9)$$

式中:

x_i —— 第 i 个样本的光谱行向量;

x_j —— 第 j 个样本的光谱行向量;

V^{-1} —— 类 X 协方差矩阵的逆矩阵。

$$V^{-1} = \left[\frac{1}{n-1} (X - \bar{x})^T (X - \bar{x}) \right]^{-1} = \left(\frac{1}{n-1} X_C^T X_C \right)^{-1} \quad (10)$$

样本 x_i 与类 X 之间的马氏距离:

$$MD_i = \sqrt{(x_i - \bar{x}) \left(\frac{1}{n-1} X_C^T X_C \right)^{-1} (x_i - \bar{x})^T} \quad (11)$$

式中:

\bar{x} —— 类 X 的平均光谱;

X_C —— 类 X 均值中心化后的光谱阵。

计算异常光谱样本存在的阈值范围:

$$MD_i = \overline{MD} + e \sigma_D \quad (12)$$

式中:

\overline{MD} —— MD 的平均值;

σ_D —— MD 的标准差;

e : 调整阈值范围的权重系数。

$MD_i - \overline{MD}$ 值越小, 则样本 i 与平均光谱在特征空间中越相似。当 $MD_i > \overline{MD} + e \sigma_D$ 时, 认为样本 i 为异常光谱样本。所以可通过设置不同的权重系数 e 来剔除异常样本。

1.3.3 分类模型建立

当数据通过 KPCA 降维和马氏距离剔除异常样本后, 对训练集进行建模。

本文的基酒段数有四段, 采用支持向量机 (SVM) 建立基酒分类模型, 采用的分类方式为“一对一”, 每一类分别构建与其他类的二分类器, 其具体原理参考王乃芯多分类支持向量机的研究^[15]。本研究采用了径向基 (RBF) 核函数对基酒光谱数据建立模型, 因为径向基核函数具有比较宽的收敛域, 具有较强的适应性^[16]。对于基于 SVM 建立的分类模型, 惩罚因子和

RBF 参数对分类结果有重要的影响,本研究采用网格搜索法来寻找最优的参数值。

2 结果与分析

2.1 原始光谱数据建模效果

图 1 为 400 个基酒样品原始近红外光谱图。

为验证模型的准确率与泛化能力,采用 SPXY 对数据集进行划分,划分比例为 4:1。将 400 个基酒样品中的 320 个作为训练集用于支持向量机 (SVM) 进行建模,然后用所建基酒分段模型对余下的 80 个基酒样品组成的测试集进行判别。其训练集正确率为 90%,测试集判别率为 87.70%,判别效果不理想。

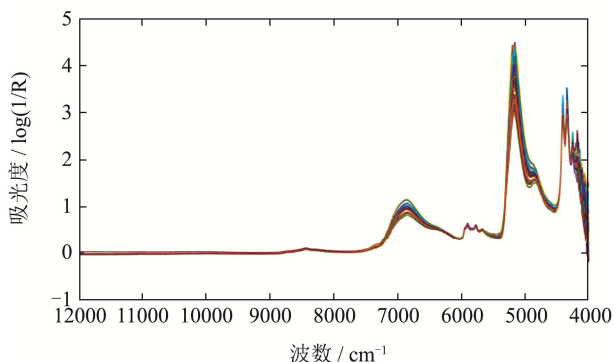


图 1 400 个基酒傅里叶近红外光谱图

Fig.1 FT-NIR of 400 Baijiu samples

2.2 预处理与 KPCA 分析后的模型效果

原始数据量中一个样品具有 2203 个特征,计算量庞大,十分耗费时间。除此之外,12000 cm^{-1} 与 4000 cm^{-1} 附近因为仪器本身和环境的噪声对建模也有影响,故截取采集在 4300~9000 cm^{-1} 范围内的 1217 个光谱数据进行分析。

从图 2a 中可看出光谱存在基线漂移和噪声的问题,为消除噪声和基线漂移等干扰建模效果因素,对光谱数据进行了预处理,其预处理效果如图 2b。经过计算验证,基线校准+SG 平滑为最优预处理方式,其中建模时间为 17706.15 s 且训练集正确率为 93.02%,测试集判别率为 90.08%,相比较原始光谱的建模结果,进行过最优预处理的光谱的模型训练集正确率提高了 3.02%,测试集判别率提高了 2.38%。

为了对基酒进行快速判别,减少运算时间,数据降维处理非常有必要。由于光谱数据呈非线性,使用主成分分析时的分类效果不好,所以使用了核主成分分析对样品光谱数据进行降维处理,图 3 是经过最优预处理方式后的核主成分累计贡献率结果。

从图 3 中可以看出当核主成分数为 14 时,其累计

贡献率就已经达到 90%。当累计贡献率为 100%时,核主成分数为 400。相比原数据的 1217 维数据特征,经过核主成分分析的数据降维效果明显。

选取核主成分分析的部分不同累计贡献率的降维数据进行建模,其计算结果见表 1。

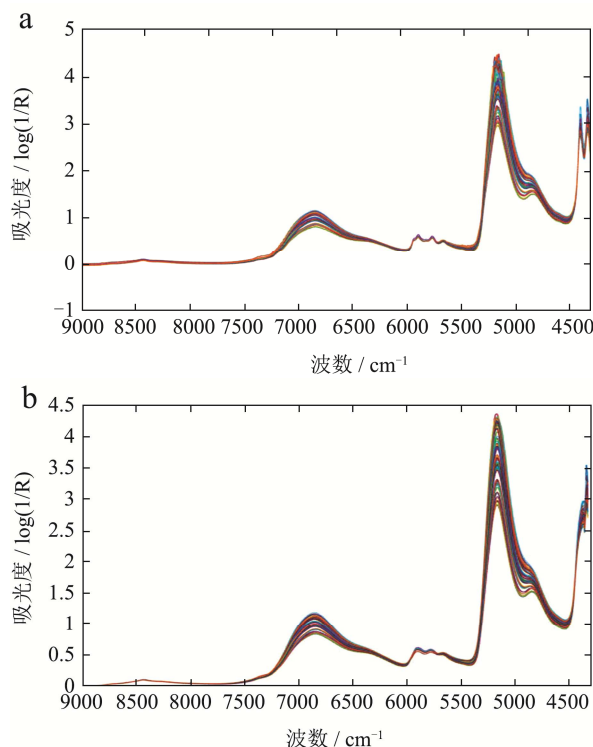


图 2 相关预处理后的傅里叶近红外光谱图

Fig.2 FT-NIR of after correlation pretreatment

注: a: 截取后的近红外光谱图; b: 基线校准+SG 平滑。

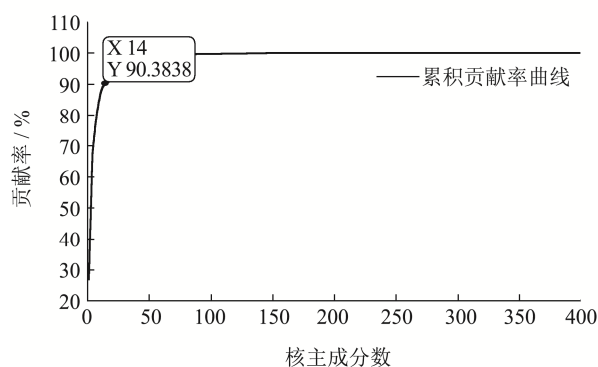


图 3 核主成分分析的累计贡献图

Fig.3 Cumulative contribution diagram of kernel principal component analysis

表 1 不同核主成分数下的基酒判别结果

Table 1 Discrimination results of base liquor under different kernel principal component fractions

累计贡献率/%	核主成分数	训练集/%	测试集/%
0.85	10	71.86	77.50
0.90	14	94.81	90.75
0.95	25	78.13	81.25

从表 1 中可以看出随着累计贡献率的增加, 取得的核主成分数就越多, 其中当累计贡献率达到 0.9 即核主成分数为 14 时, 分类效果最好。其中训练集的正确率达到 94.81%, 测试集的判别率达到 90.75%, 同时模型建立时间为 731.57 s。相比于未进行核主成分分析时模型训练集的正确率提高了 1.79%, 测试集的判别率提高了 0.67%, 同时少用 24 倍的建模时间。说明了核主成分分析能够提高模型准确率的同时大大缩短了建模所需时间。

虽然使用核主成分分析后的基酒分段模型时间远远少于未进行核主成分处理的模型, 但是模型的判别效果还需要提升。其中训练集正确率还有待提高, 预测集判别效果不够理想, 这可能是异常样品的存在影响了模型的判别能力, 故该对样本做异常数据剔除。

2.3 剔除异常样品对判别效果的研究

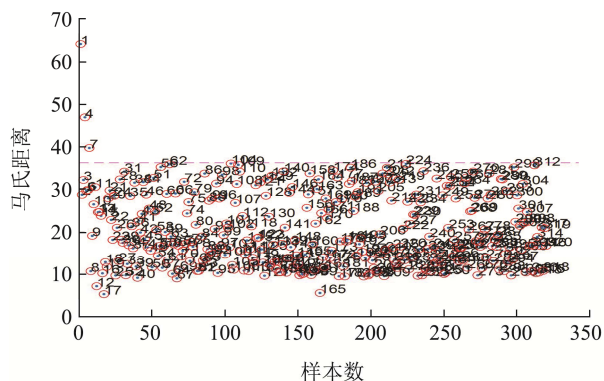


图 4 马氏距离分布图

Fig.4 Mahalanobis distance distribution

表 2 不同权重系数下的判别结果

Table 2 Discrimination results under different weight coefficients

权重系数	剔除个数	训练集/%	测试集/%
3	0	94.81	90.75
2	2	98.43	97.50
1.95	4	97.78	93.75
1.90	5	97.78	95.00
1.85	7	98.72	98.75
1.8	10	97.74	96.25

选取基线校准+SG 平滑的前 13 个核主成分的基酒数据进行马氏距离计算, 得到马氏距离分布图 4。从图 4 中可以看出, 第 1、4、7 号样品的马氏距离过大, 为异常光谱数据样品。为了探讨异常样品对模型的影响, 按照 1.3.2.2 中所提到的方法, 本研究设置了 6 个不同权重系数 e (3, 2, 1.95, 1.9, 1.85, 1.8), 分别将大于该阈值的异常光谱数据剔除, 然后利用剩下的样品数据采用 SVM 进行训练集建模, 用测试集

检测异常样品剔除对建模效果的影响, 其剔除样品个数与建模效果如下表 2 所示, 其中当阈值 e 为 1.85 时, 其判别率最高。

从表 2 中可以看出, 当权重系数越小时, 剔除的数据就越多。当权重系数 e 为 1.85 时, 基酒分段模型对测试集的判别效果最好, 其训练集判别率能达到 98.72%, 测试集判别率能达到 98.75%, 相比未进行异常数据剔除时训练集的正确率提高了 3.91%, 测试集的判别率提高了 8%, 说明了马氏距离能够有效剔除异常光谱数据, 提高模型的判别能力。图 5 为权重系数 e 为 1.85 时, 测试集的结果图。

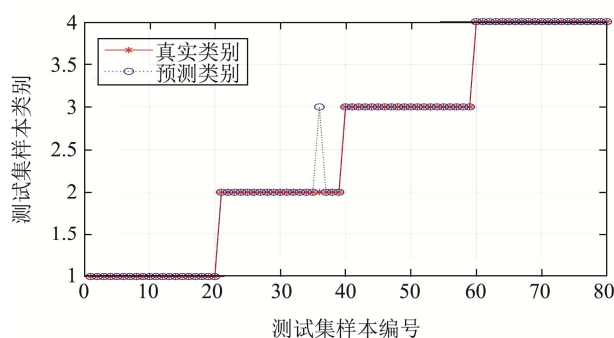


图 5 测试集 SVM 预测结果对比

Fig.5 Comparison of SVM prediction results of test set

3 结论

本文利用傅里叶近红外光谱技术对摘酒过程中的基酒样品进行测量, 借助 KPCA-MD-SVM 算法建立了基酒分段模型。此基酒分段模型对测试集的判别率为 98.75%, 证明了使用核主成分分析 (KPCA) 能有效对基酒的近红外光谱进行降维处理, 并且降维处理后的数据建立的分类模型能很好对基酒段数进行判别。同时马氏距离法能有效地剔除基酒的异常光谱数据, 基酒的分类模型的准确性得到了明显的提升。KPCA-MD-SVM 模型对基酒段数进行判别, 其稳定性好, 为近红外光谱在实现自动化摘酒应用上提供了一种理论可能。

参考文献

[1] 龙远兵,唐玉云,胡成利.“中国诗酒之乡”射洪酿酒工艺技术的演进及白酒量质摘酒技术起源-基于舍得酒业泰安作坊遗址考古出土文物的实证[J].酿酒,2020,47(3):19-22
LONG Yuanbing, TANG Yuyun, HU Chengli. The evolution of Shehong's brewing technology and China's Baijiu quality and liquor extraction technology origin - based on the empirical study of archaeological excavated relics of Tai'an workshop site of the wine making industry [J]. Liquor

- Making, 2020, 47(3): 19-22
- [2] 程平言,路虎,陆伦维,等.浓香白酒摘酒工艺探讨[J].酿酒科技,2020,4:17-21
CHEN Pingyan, LU Hu, LU Lunwei, et al. Discussion on Baijiu liquor picking technology [J]. Liquor-Making Science & Technology, 2020, 4: 17-21
- [3] 高畅,张宇飞,辛颖,等.近红外光谱技术结合波段筛选用于白酒基酒总酯定量分析[J].中国酿造,2021,40(4):155-158
GAO Chang, ZHANG Yufei, XIN Ying, et al. Near infrared spectroscopy and band selection for quantitative analysis of total esters in Baijiu based liquor [J]. China Brewing, 2021, 40(4): 155-158
- [4] 段学,赵小波,邹胜琼,等.近红外分析技术快速检测白酒基酒中的总酯含量[J].酿酒科技,2021,3:105-108
DUAN Xue, ZHAO Xiaobo, ZHOU Shengqiong, et al. Rapid detection of total ester content in Baijiu based on near infrared spectroscopy [J]. Liquor-Making Science & Technology, 2021, 3: 105-108
- [5] 董新罗.杜康基酒中五种风味物质的近红外快速检测[D].洛阳:河南科技大学,2020
DONG Xinluo. Fast detection of five flavor substances in Dukangji wine by near infrared spectroscopy [D]. Luoyang: Henan University of science and technology, 2020
- [6] 龚辉,夏乔浪,黄媛媛.近红外漫反射技术快速检测黄酒酒醅中酒精度[J].酿酒科技,2021,7:125-129
GONG Hui, XIA Qiaolang, HUANG Yuanyuan. Rapid determination of alcohol content in fermented grains of yellow rice wine by near infrared diffuse reflectance technology [J]. Liquor-Making Science & Technology, 2021, 7: 125-129
- [7] 袁强,吉喆,王丹,等.近红外光谱法快速测定养生酒的酒精度方法研究[J].酿酒科技,2021,8:126-130
YUAN Qiang, JI Zhe, WANG Dan, et al. Study on rapid determination of wine precision of health wine by near infrared spectroscopy [J]. Liquor-Making Science & Technology, 2021, 8: 126-130
- [8] 孙宗保,辛新,邹小波,等.傅里叶变换红外光谱结合化学计量学方法对白酒基酒的快速定性和定量分析[J].光谱学与光谱分析,2017,37(9):2756-2762
SUN Zongbao, XIN Xin, ZOU Xiaobo, et al. Rapid qualitative and quantitative analysis of based liquor using FTIR combined with chemometrics [J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2017, 37(9): 2756-2762
- [9] Djoufack Nkengfack Laurent Chanel, Tchiotso Daniel, Atangana Romain, et al. A comparison study of polynomial-based PCA, KPCA, LDA and GDA feature extraction methods for epileptic and eye states EEG signals detection using kernel machines [J]. Informatics in Medicine Unlocked, 2021, 26: 100721
- [10] 孙细珍,张帆,杜佳炜,等.基于毛细管气相色谱法和主成分分析的白酒真假酒判别分析[J].酿酒,2021,48(1):42-50
SUN Xizhen, ZHANG Fan, DU Jiawei, et al. Discriminant analysis of genuine and fake Baijiu based on capillary gas chromatography and principal component analysis [J]. Liquor Making, 2021, 48(1): 42-50
- [11] 张灵帅,王卫东,谷运红,等.近红外光谱的主成分分析-马氏距离聚类判别用于卷烟的真伪鉴别[J].光谱学与光谱分析, 2011,31(5):1254-1257
ZHANG Lingshuai, WANG Weidong, GU Yunhong, et al. Principal component analysis Mahalanobis distance clustering discrimination of near infrared spectroscopy for authenticity identification of cigarettes [J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2011, 31(5): 1254-1257
- [12] 王蓉.基于稀疏主成分和SVM的白酒类别的定性研究[D].武汉:武汉轻工大学,2014
WANG Rong. Qualitative research of liquor category based on sparse principal component and SVM [D]. Wuhan: Wuhan Polytechnic University, 2014
- [13] 郝勇,王起明,张书敏.可见-近红外光谱的鸭梨黑心缺陷在线检测 AdaBoost 集成模型研究[J].光谱学与光谱分析, 2021,41(9):2764-2769
HAO Yong, WANG Qiming, ZHANG Shumin. Study on AdaBoost integrated model for on-line detection of Yali pear black heart defect by visible near infrared spectroscopy [J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2021, 41(9): 2764-2769
- [14] 王小亮,张秉华,杜玮,等.近红外光谱结合 PSO-SVM 算法快速定量分析鲨肝醇片[J].中国药师,2021,24(8):571-574
WANG Xiaoliang, ZHANG Binghua, DU Wei, et al. Rapid quantitative analysis of batilol tablets by NIRS combined with PSO-SVM algorithm [J]. China Pharmacist, 2021, 24(8): 571-574
- [15] 王乃芯.多分类支持向量机的研究[D].上海:华东师范大学, 2020
WANG Naixin. Research on multi classification support vector machine [D]. Shanghai: East China Normal University, 2020
- [16] 代斌.基于核参数优化的支持向量机在多分类问题中的应用研究[D].兰州:兰州交通大学,2020
DAI Bin. Application of support vector machine based on kernel parameter optimization in multi classification problem [D]. Lanzhou: Lanzhou Jiaotong University, 2020