

# 基于高光谱图像技术的配合饲料 主要营养成分的检测方法

付苗苗 刘梅英 牛智有

华中农业大学工学院, 武汉 430070

**摘要** 收集 403 个配合饲料样本,利用高光谱成像仪对样本进行图像采集,获取配合饲料样本的可见/近红外光谱信息。采用光谱杠杆值和学生残差法剔除异常样本,利用 CG 法、SPXY 法和 K-S 法按 3:1 的比例进行样本集划分,采用均值中心化、标准化、一阶导数、二阶导数、正交信号校正、多元散射校正和标准正态变量变换、去趋势变换,以及其组合方法对光谱进行预处理;采用相关系数法获取特征波段,建立基于高光谱图像技术的配合饲料中粗蛋白、粗灰分、水分、总磷、钙含量的偏最小二乘法(PLS)定量分析模型。通过验证,粗蛋白验证集决定系数  $R^2_V$  为 0.777 8,均方根误差 RMSEP 为 2.6155%,相对分析误差 RPD<sub>V</sub> 为 2.114 3;粗灰分验证集  $R^2_V$  为 0.775 8, RMSEP 为 1.0611%, RPD<sub>V</sub> 为 2.120 4;水分验证集  $R^2_V$  为 0.631 4, RMSEP 为 1.6003%, RPD<sub>V</sub> 为 1.937 1,总磷验证集  $R^2_V$ 、RMSEP、RPD<sub>V</sub> 分别为 0.467 2、0.1916%、1.357 0;钙验证集  $R^2_V$  仅为 0.440 6, RMSEP 为 0.1755%, RPD<sub>V</sub> 为 1.310 5。结果表明,所建立的粗蛋白、粗灰分最优定量分析模型预测性能较好,水分最优定量分析模型预测精度不够理想,总磷和钙定量分析模型的预测性能很差。

**关键词** 配合饲料;营养成分;高光谱图像技术;快速检测;偏最小二乘法

**中图分类号** S 216.2 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2017)02-0123-07

配合饲料主要营养成分包括水分、灰分、粗蛋白、钙、总磷等。饲料主要营养成分的检测是其生产过程中必不可少的一个技术环节,是保证饲料产品质量的重要手段。饲料的检测分析方法是对其进行质量监控的基础<sup>[1]</sup>。目前,一般采用传统的化学分析方法来测定配合饲料的主要营养成分。采用传统方法测定往往耗时耗力,导致时间滞后,同时测定成本高,有的甚至需要对样本自身进行破坏,对操作人员和实验室也有较高的要求。探索一种快速检测配合饲料主要营养成分的方法,全面推广并应用到饲料企业实际测试分析中,对于提高检测速率,推动配合饲料检测水平的发展,具有较高的社会效益和经济效益。高光谱图像检测是集计算机视觉与光谱检测于一身的高新技术,采用高光谱图像技术获取样本的信息包含了大量光谱信息的三维图像块,它不仅具备较高的光谱分辨率<sup>[2-3]</sup>,而且从图像中提取的光谱信息能用于检测样本的内部品质。因此,高光

谱图像检测技术越来越受国内外学者的青睐,已经被广泛用于农产品等的品质检测,但在配合饲料方面的应用研究鲜见报道<sup>[4-11]</sup>。

本研究采用高光谱图像技术,获取配合饲料实验样本的可见/近红外光谱信息,采用化学计量学方法,建立配合饲料中水分、灰分、粗蛋白、钙、总磷主要营养成分的定量分析模型,并对模型进行验证,旨在探究采用高光谱成像技术检测配合饲料主要营养成分的可行性,以及为配合饲料的快速检测提供新的思路 and 依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 样本采集与制备

采集配合饲料样本 403 个,其中猪配合饲料 203 个,鸡配合饲料 80 个,鱼配合饲料 120 个。采集后整理、分类装入 80 mm×120 mm 自封袋编号。每个样本取约 200 g 左右进行粉碎(采用的是天津

收稿日期: 2016-04-27

基金项目: 国家公益性行业(农业)科研专项(201003063-04)

付苗苗,硕士研究生,研究方向:农产品加工技术与装备。E-mail: Yireniao@webmail.hzau.edu.cn

通信作者: 牛智有,教授,研究方向:农产品加工技术与装备。E-mail: nzhy@mail.hzau.edu.cn

泰斯特公司生产的 FW135 型粉碎机),将粉碎好的样本分别装入自封袋密封,置于室内常温下保存(室内温度约 25 ℃左右)。

1.2 高光谱图像的采集与光谱信息提取

1)高光谱图像的采集。采用高光谱成像系统采集样本的图像信息。系统主要包括高光谱成像仪、石英制卤素灯、密闭暗箱、可调高度的载物台、高精度电控移动平台及计算机等(图 1)。光谱范围为 391.48~1 041.37 nm 的 520 个波段;其光谱分辨率为 2.8 nm;电控平台移动速度为 2 mm/s;曝光时间为 0.1 s;推扫的长度为 100 mm。

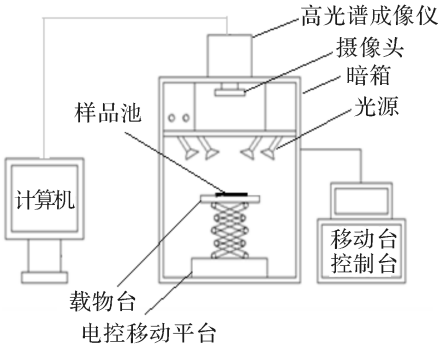


图 1 高光谱成像系统示意图

Fig.1 Physical map of hyperspectral imaging system

2)高光谱图像的校正与信息提取。采集样本高光谱图像信息后,对反射率进行黑白校正,利用 ENVI4.7 软件提取饲料高光谱图像感兴趣区域(region of interest, ROI)的光谱数据。将 ROI 区域所有像素点的光谱平均值,作为样本的原始光谱数据。从 403 个配合饲料样本的原始高光谱图像中提取的可见/近红外光谱如图 2 所示。

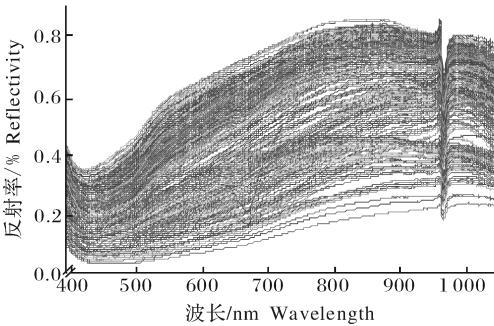


图 2 样本原始可见/近红外光谱曲线

Fig.2 Originalvis/NIRS curve of compound feed samples

1.3 主要营养成分的测定

配合饲料样本中粗蛋白、粗灰分、水分、总磷及

钙含量按照国家标准方法进行测定,粗蛋白采用 GB/T 6433—1994 凯氏定氮法测定,粗灰分采用 GB/T 6438—2007 灼烧法测定,水分采用 GB/T 6435—2006 103 ℃ 烘干法测定,钙采用 GB/T 6437—2002 高锰酸钾法测定,总磷采用 GB/T 6436—2002 钼黄分光光度法测定。每个样本各项营养成分重复测定 3 次,取 3 次测定结果的平均值作为营养成分的最终含量。

1.4 数据处理与模型的建立

采用杠杆值(leverage)-学生残差(students residuals)法检测样本的异常值,其中光谱杠杆值表征了样本自身对回归分析模型的影响程度,而学生残差值则反映了对样本相应浓度值的预测能力<sup>[12]</sup>。将杠杆值和学生残差阈值分别设定为各样本平均影响值的 2 倍和 3 倍,如果某样本的化学值和光谱都出现异常,则认为该样本为异常样本,应该将其剔除<sup>[13-14]</sup>。

剔除异常样本后,分别利用 CG 法、SPXY 法和 K-S 法按 3 : 1 的比例确定样本的校正集和验证集<sup>[15-16]</sup>,通过比较 3 种方法建模结果,确定最合适的样本集划分方法;采用 MATLAB R2008a 软件对原始可见/近红外光谱采用均值中心化(MC)、标准化(AS)、一阶导数(FD)、二阶导数(SD)、正交信号校正(OSC)、多元散射校正(MSC)和标准正态变量变换(SNV)、去趋势变换(Detrend),以及其组合对原始光谱进行处理,结合偏最小二乘(PLS)化学计量学方法建立定量分析模型,通过比较分析,获得最优的光谱预处理方法;另外,采用相关系数法获取特征波段,利用最优光谱预处理方法建立特征波段内的配合饲料主要营养成分的定量分析模型。

1.5 模型评价方法

为了评价模型的精度及预测能力,引入校正集决定系数( $R_c^2$ )、校正集均方根误差(RMSEC);交叉验证决定系数( $R_{cv}^2$ )、交互验证集均方根误差(RMSECV);验证集决定系数( $R_v^2$ )、验证集均方根误差(RMSEP);校正集相对分析误差(RPD<sub>c</sub>)和验证集相对分析误差(RPD<sub>v</sub>)对模型性能进行评价。对于同一样本集的同组分,决定系数越大(越接近 1),均方根误差越小,相对分析误差越大,说明所提取的光谱信息与分析组分的相关性越好,所建模型的预测能力和稳健性越高。

## 2 结果与分析

### 2.1 主要营养成分测定

采用相关国家标准方法测定 403 个配合饲料样本的水分、粗蛋白、粗灰分、总磷和钙,各成分含量的统计结果见表 1。

表 1 配合饲料样本主要营养成分含量统计结果 ( $n=403$ )

Table 1 Statistics of main nutritional components in formula feed samples				%
成分 Component	含量范围 Range of content	平均值 Average	标准差 SD	
粗蛋白 Crude protein	12.80~34.30	20.60	5.30	
粗灰分 Crude ash	3.43~21.88	7.43	2.75	
水分 Water	1.92~20.32	10.10	3.20	
总磷 Total phophorus	0.39~1.56	0.81	0.26	
钙 Calcium	0.56~1.67	0.90	0.23	

### 2.2 异常样本的剔除

基于高光谱图像获取的光谱信息和化学测定值,结合杠杆值-学生残差法对配合饲料主要营养成分的异常样本进行剔除。结果表明,粗灰分、水分和钙样本的异常样本数为 0 个,粗蛋白异常样本数为 9 个,总磷异常样本数为 1 个。剔除异常样本后,各营养成分含量统计结果见表 2。

表 2 剔除异常样本后各个营养成分含量统计结果

Table 2 Statistics of main nutritional components after eliminating outliers					%
成份 Component	异常样本个数 Outlier number	含量范围 Range of content	平均值 Average	标准差 SD	
粗蛋白 Crude protein	9	12.80~34.30	20.63	5.35	
粗灰分 Crude ash	0	3.43~12.50	7.21	2.23	
水分 Water	0	4.35~17.68	10.04	3.07	
总磷 Total phosphorus	1	0.39~1.56	0.81	0.26	
钙 Calcium	0	0.56~1.67	0.90	0.23	

### 2.3 样本集的划分

分别采用 CG 法、K-S 法和 SPXY 法按 3 : 1 的比例将样本集划分为校正集和验证集。通过比较分析校正集和验证集主要营养成分含量的统计结果,采用 K-S 法对粗蛋白样本集进行划分时,将其含量的最小值 12.80% 划分在验证集中,不符合样本集划

分的要求;采用 K-S 算法确定的粗蛋白校正集和验证集均值与样本集均值间的偏差分别为 0.15% 和 0.45%,两者标准差与总体标准差间的偏差分别为 0.10% 和 0.32%,明显高于采用 CG 法和 SPXY 法得到的结果。因此,采用 K-S 法划分粗蛋白样本集不合理。同理可以得知,采用 K-S 法对粗灰分、总磷和钙样本集进行划分时不合理,均将各组分含量的最小值划分到了验证集中,故将其剔除。为了进一步比较 CG 法和 SPXY 法确定的校正集和验证集,采用偏最小二乘法(PLS)建模,通过比较分析,采用 CG 法划分的粗蛋白和水分样本集,及采用 SPXY 法划分的粗灰分和总磷样本集,所建模型的交互验证决定系数  $R_{cv}^2$  均小于验证集决定系数  $R_v^2$ ,不符合常理,将它们排除<sup>[17]</sup>。最终确定 SPXY 法为粗蛋白的最优样本集划分方法,CG 法为粗灰分、水分、总磷和钙的最优样本集划分方法。

### 2.4 光谱预处理

在高光谱全波段范围 391.48~1 041.37 nm 内,通过均值中心化(MC)、标准化(AS)、一阶导数(FD)、二阶导数(SD)、正交信号校正(OSC)、多元散射校正(MSC)和标准正态变量变换(SNV)、去趋势变换(Detrend)以及其组合原始光谱进行处理,结合 PLS 的化学计量学方法分别建立其定量分析模型,通过比较,对粗蛋白采用 AS+FD+SNV 组合预处理,得到的校正集决定系数和验证集决定系数在所有预处理方法中均取得最大值,均方根误差取得最小值, $R_c^2$  为 0.814 5, $R_v^2$  为 0.737 5,确定 AS+FD+SNV 组合为粗蛋白的最优光谱预处理方法。同理可以确定粗灰分和总磷的最优光谱预处理方法为 AS+FD+SNV 组合;水分和钙的最优光谱预处理方法为 AS+OSC+Detrend 组合。

### 2.5 特征波段的选择

相关系数法是最常用也是最简单的一种光谱波段挑选方法,相关系数的绝对值越大说明该波长处包含有用信息越多。若阈值设定太大,则会导致有用光谱变量的丢失;但阈值若设定的过小,则会引入与组分浓度相关性较差的向量,这样挑选出的特征波段建立的模型效果均不好。因此,可以依据经验设定一个相关系数的阈值<sup>[18]</sup>。为了确定各个主要营养成分的特征波段,通过简单相关分析,分别计算每个波段的光谱反射率与粗蛋白、粗灰分、水分、总磷、钙含量的相关系数,得到了 520 个高光谱波长与

各项营养成分含量之间相关系数。各个营养指标与波长之间的相关系数如图 3 所示。

从图 3 中可以看出,粗蛋白相关系数绝对值分布在 0.4~0.8 之间,说明粗蛋白含量与 520 个高光谱波长反射率的相关性较好。设定粗蛋白、粗灰分

相关系数绝对值阈值为 0.7,设定水分、总磷、钙相关系数绝对值阈值分别为 0.35、0.65、0.45,确定了各营养成分特征波段,粗蛋白为 656.25~1 028.07 nm,粗灰分为 643.69~1 041.37 nm,水分为 403.77~622.34 nm 和 1 020.53~1 041.37 nm,总磷为 711.52 ~1 019.28

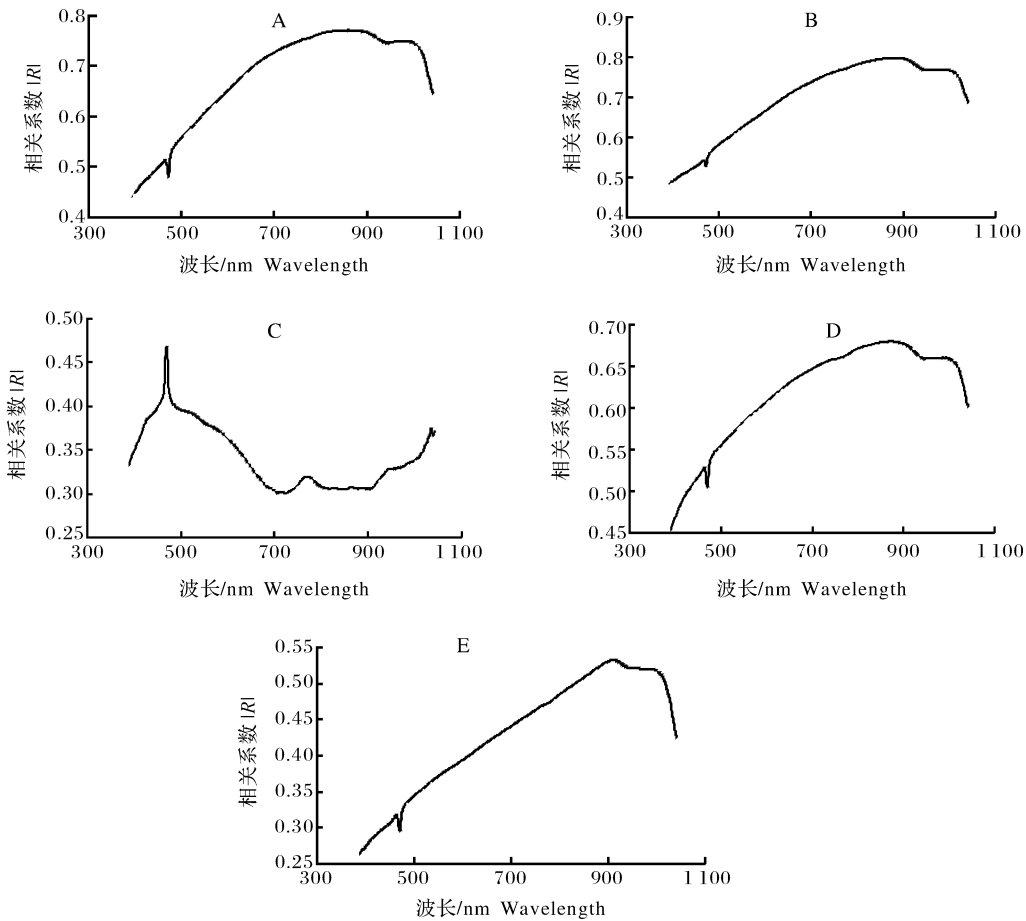


图 3 粗蛋白(A)、粗灰分(B)、水分(C)、总磷(D)、钙含量(E)与高光谱波长的相关系数

Fig.3 Correlation coefficient of crude protein(A), crude ash(B), water(C), total phosphorus(D) and calcium(E) content and hyperspectral wavelength

nm,钙为 722.83 ~1 034.35 nm。

2.6 模型建立与验证

1)模型建立。分别采用粗蛋白、粗灰分、水分、总磷、钙的最优光谱预处理方法,在其特征光谱波段内,建立 PLS 定量分析模型,并与全波段的模型参数进行比较。建立的 PLS 模型参数统计结果见表 3。由表 3 可以看出,采用特征段所建校正模型的决定系数和相对分析误差较全波段建模时均得到了提高,同时校正集均方根误差也降低了。对于粗蛋白来说,采用 AS+FD+SNV 在其特征波段所建模

型的决定系数  $R_c^2$  为 0.837 3,均方根误差 RMSEC 为 2.1327%,相对分析误差  $RPD_c$  为 2.485 1,说明所建模型预测值比较接近实测值;对于粗灰分来说,在特征波段内建立的模型比全波段模型效果稍好,特征波段所建模型的  $R_c^2$  为 0.793 2, RMSEC 为 1.010 7,  $RPD_c$  为 2.206 4,说明该模型的预测效果较为理想;对于水分来说,采用 AS+ OSC+ Detrend 组合预处理并在其特征波段建模,模型  $R_c^2$  为 0.647 0, RMSEC 为 1.8221%,  $RPD_c$  为 1.684 9,虽然校正模型效果较全波段略有提高,但仍不够理想;



对于总磷而言,采用 AS+FD+SNV 预处理方法,在特征波段建立的校正模型  $R_c^2$  为0.603 8,RMSEP 为0.1656%,RPD<sub>c</sub>为 1.570 0,实测值与模型预测值有一定的差距;对于钙来说,采用 AS+OSC+Detrend 预处理方法,在其特征波段所建模型的效果虽然优于全波段建模的效果,预测值与实测值间的差距很大, $R_c^2$  仅为 0.478 4, RMSEC 为 0.1676%,

RPD<sub>c</sub>为 1.372 3。

2)模型的验证。为了验证模型的预测能力,利用最优光谱预处理方法,在特征波段内建立的粗蛋白、粗灰分、水分、总磷和钙的可见/近红外光谱 PLS 模型,分别对独立验证集各项营养成分的含量进行预测。PLS 模型对验证集样本的预测统计结果见表 4。

表 3 校正集饲料样本主要营养成分 PLS 模型参数统计结果

Table 3 Statistical results of main nutritional components hyperspectral PLS model performance parameters					
成分 Component	预处理 Pretreatment	波长/nm Wavelength	校正集 Calibration set		
			$R_c^2$	RMSEC/%	RPD <sub>c</sub>
粗蛋白 Crude protein	AS+FD+SNV	全波段 Full wavelength	0.814 5	2.277 2	2.327 4
		656.25~1 028.07	0.837 3	2.132 7	2.485 1
粗灰分 Crude ash	AS+FD+SNV	全波段 Full wavelength	0.786 3	1.027 5	2.170 3
		643.69~1 041.37	0.793 2	1.010 7	2.206 4
水分 Water	AS+ OSC+Detrend	全波段 Full wavelength	0.546 9	2.064 3	1.487 2
		403.77~622.34 1 020.53~1 041.37	0.647 0	1.822 1	1.684 9
总磷 Total phosphorus	AS+FD+SNV	全波段 Full wavelength	0.595 6	0.167 4	1.553 2
		711.52~1 019.28	0.603 8	0.165 6	1.570 0
钙 Calcium	AS+OSC+Detrend	全波段 Full wavelength	0.477 6	0.167 7	1.371 5
		722.83~1 034.35	0.478 4	0.167 6	1.372 3

表 4 PLS 模型对主要营养成分预测统计结果(验证集)

Table 4 Statistical results of main nutritional components NIRS PLS model performance parameters(validation set)					
成分 Component	预处理 Pretreatment	波长/nm Wavelength	验证集 Validation set		
			$R_v^2$	RMSEP/%	RPD <sub>v</sub>
粗蛋白 Crude protein	AS+FD+SNV	656.25~1 028.07	0.777 8	2.615 5	2.114 3
粗灰分 Crude ash	AS+FD+SNV	643.69~1 041.37	0.775 8	1.061 1	2.120 4
水分 Water	AS+ OSC+Detrend	403.77~622.34 1 020.53~1 041.37	0.631 4	1.600 3	1.937 1
总磷 Total phosphorus	AS+FD+SNV	711.52~1 019.28	0.467 2	0.191 6	1.357 0
钙 Calcium	AS+OSC+Detrend	722.83~1 034.35	0.440 6	0.175 5	1.310 5

从表 4 得知,在特征波段粗蛋白验证模型的  $R_v^2$  为 0.777 8,RMSEP 为 2.6155%,RPD<sub>v</sub> 为 2.114 3,说明验证模型预测值比较接近实测值,模型能用于实际的粗蛋白定量分析中;粗灰分  $R_v^2$  为 0.775 8, RMSEP 为 1.0611%,RPD<sub>v</sub> 为 2.120 4,说明模型的预测性能较好,模型预测值接近实测值,能用于实际定量分析;水分模型的  $R_v^2$  为 0.631 4, RMSEP 为

1.6003%,RPD<sub>v</sub> 为 1.937 1,实测值与预测值之间的差距较大,模型精度有待进一步提高;总磷的预测效果较差,验证集的  $R_v^2$  为 0.467 2, RMSEP 为 0.1916%,RPD<sub>v</sub> 为 1.357 0,说明模型不能用于实际应用中;钙含量模型验证集决定系数  $R_v^2$  仅为 0.440 6,模型的预测性能很差,不能用于实际定量分析。

### 3 讨 论

本研究采用高光谱图像技术,通过异常样本的剔除、样本集划分、最优光谱预处理和特征波段选择等技术手段和方法,结合偏最小二乘法的化学计量方法,分别建立配合饲料中粗蛋白、粗灰分、水分、总磷、钙含量的定量分析模型,并对模型进行验证。采用 SPXY 法划分的粗蛋白样本集和采用 CG 法划分的粗灰分样本集,结合 AS、FD 和 SNV 的组合方法预处理,在特征波段建立的定量分析模型效果最优。其中粗蛋白最优模型校正集决定系数  $R_c^2$  为 0.837 3,均方根误差 RMSEC 为 2.1327%,相对分析误差 RPD<sub>c</sub> 为 2.485 1,其验证集  $R_v^2$  为 0.777 8, RMSEP 为 2.6155%, RPD<sub>v</sub> 为 2.114 3;粗灰分最优模型  $R_c^2$  为 0.793 2, RMSEC 为 1.0107%, RPD<sub>c</sub> 为 2.206 4,  $R_v^2$  为 0.775 8, RMSEP 为 1.0611%, RPD<sub>v</sub> 为 2.120 4。粗蛋白与粗灰分的定量分析模型均表现出较好的预测性能,能用于实际的定量分析。采用 CG 法划分的水分样本集结合 AS、OSC、Detrend 预处理在特征波段建立的模型效果最优,其校正集  $R_c^2$  为 0.647 0, RMSEC 为 1.8221%, RPD<sub>c</sub> 为 1.684 9, 其验证集  $R_v^2$  为 0.631 4, RMSEP 为 1.6003%, RPD<sub>v</sub> 为 1.937 1,虽然模型能用于实际的定量分析中,但其预测精度仍需要进一步优化。采用 CG 法划分的总磷样本集结合 AS、FD、SNV 组合预处理方法得到的定量分析模型效果最优,最优模型的  $R_c^2$ 、RMSEC、RPD<sub>c</sub> 分别为 0.603 8、0.1656%、1.570 0,验证集  $R_v^2$ 、RMSEP、RPD<sub>v</sub> 分别为 0.467 2、0.1916%、1.357 0,校正模型和验证模型的性能参数均较差,说明模型的预测能力很差,不能用于实际的定量分析中。采用 CG 法划分的钙样本集结合 AS、OSC、Detrend 组合方法预处理后,在其特征波段建立的定量分析模型效果最优,最优模型的  $R_c^2$  为 0.478 4,验证集  $R_v^2$  仅为 0.440 6,模型的预测效果很差,不能在实际分析中应用。基于高光谱图像技术建立的粗蛋白最优定量分析模型的预测精度最好,粗灰分模型的预测性能次之,均能较准确地用于实际检测中;建立的水分最优定量分析模型预测精度有待提高;而总磷、钙的最优定量分析模型预测性能很差,并不能用于实际检测。

### 参 考 文 献

- [1] 牛智有,韩鲁佳.饲料中肉骨粉含量的近红外反射光谱检测方法[J].农业工程学报,2008,24(4):271-274.
- [2] 洪添胜,李震,吴春胤,等.高光谱图像技术在水果品质无损检测中的应用[J].农业工程学报,2007,23(11):280-285.
- [3] 刘善梅,李小昱,钟雄斌,等.基于高光谱成像技术的生鲜猪肉含水率无损检测[J].农业机械学报,2013,44(S1):165-170.
- [4] RAJKUMAR P, WANG N, EIMASRY G, et al. Studies on banana fruit quality and maturity stages using hyperspectral imaging[J]. Journal of food engineering, 2012, 108(1): 194-200.
- [5] 黄敏,朱启兵.基于 SVD 的苹果粉质化高光谱散射图像特征提取[J].光谱学与光谱分析,2011,31(3):767-770.
- [6] 徐爽,何建国,易东,等.基于高光谱图像技术的长枣糖度无损检测[J].食品与机械,2012,28(6):168-170.
- [7] 柴阿丽,廖宁放,田立勋,等.基于高光谱成像和判别分析的黄瓜病害识别[J].光谱学与光谱分析,2010,30(5):1357-1361.
- [8] KAMRUZZAMAN M, BARBIN D, ELMASRY G, et al. Potential of hyperspectral imaging and pattern recognition for categorization and authentication of red meat[J]. Innovative food science & emerging technologies, 2012, 16(1): 316-325.
- [9] WU D, SHI H, WANG S J, et al. Rapid prediction of moisture content of dehydrated prawns using online hyperspectral imaging system[J]. Analytica chimica acta, 2012, 726(9): 57-66.
- [10] 付苗苗,刘梅英,牛智有,等.基于近红外光谱法的水稻秸秆可溶性糖快速检测[J].华中农业大学学报,2016,35(2):115-121.
- [11] 李晓金,朱凯,牛智有,等.基于 PLS 算法的生物质秸秆元素分析 NIRS 快速检测[J].华中农业大学学报,2015,34(2):131-135.
- [12] 史波林,赵镭,刘文,等.苹果内部品质近红外光谱检测的异常样本分析[J].农业机械学报,2010,41(2):132-137.
- [13] 闵顺耕,李宁,张明祥.近红外光谱分析中异常值的判别与定量模型优化[J].光谱学与光谱分析,2004,24(10):1205-1209.
- [14] 谢庚楠.基于 NIRS 的水稻和油菜秸秆干物质和可溶性糖快速测定方法及模型建立[D].武汉:华中农业大学,2013.
- [15] GALVAO R K H, ARAUJO M C U, JOSÉ G E, et al. A method for calibration and validation subset partitioning[J]. Talanta, 2005, 67(4): 736-740.
- [16] TAN C, LI M, QIN X. Random subspace regression ensemble for near-infrared spectroscopic calibration of tobacco samples[J]. Analytical sciences, 2008, 24(5): 647-653.
- [17] 杨海清.基于光谱技术的土壤成分和植物生长信息快速获取建模和仪器研究[D].杭州:浙江大学,2011.
- [18] 王毅.近红外光谱分析技术在食用植物油品质检测中的应用[D].镇江:江苏大学,2010.

Inspection methods of feed main nutritional components  
by NIRS and hyperspectral imaging

FU Miaomiao LIU Meiyong NIU Zhiyou

College of Engineering, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China

**Abstract** 403 samples of compound feed were collected to study the rapid detection methods of hyperspectral imaging used to detect the nutrition components of the compound feed. Visible/infrared reflectance spectroscopy information of samples was collected by hyperspectral imager and leverage-students residuals were used to eliminate outliers. Sample set was divided by the method of CG, SPXY and K-S according to the proportion of 3 : 1. Combined with different spectral pretreatment methods of MC, AS, FD, SD, OSC, MSC, SNV, Detrend and their combinations, the optimal optical wave length was selected by correlation index. Partial least squares (PLS) stoichiometric methods were used to establish the quantitative analysis model of crude protein, crude ash, moisture, total phosphorus, calcium content in compound feed based on hyperspectral image technology. Through validation, the validation set decision coefficient  $R^2_V$  of crude protein, root mean square error RMSEP, and relative analysis error  $RPD_V$  was 0.777 8, 2.6155%, and 2.114 3, respectively. When the  $R^2_V$  of crude ash was 0.775 8, RMSEP and  $RPD_V$  was 1.0611% and 2.120 4. When the  $R^2_V$  of water was 0.631 4, RMSEP and  $RPD_V$  was 1.6003% and 1.937 1. When the  $R^2_V$  of total phosphorus was 0.467 2, RMSEP and  $RPD_V$  was 0.1916% and 1.357 0. When the  $R^2_V$  of calcium was 0.440 6, RMSEP and  $RPD_V$  was 0.1755% and 1.310 5. Comparing those models, the effect of the optimal model of crude protein and crude ash established by the hyperspectral image technology was found to estimate performance better. Both of them can be used in the actual quantitative analysis. The quantitative analysis model of water prediction accuracy is still not ideal and needs to be further optimized. The quantitative analysis model of calcium and total phosphorus prediction ability is poor and cannot be used for quantitative analysis.

**Keywords** compound feed; nutrition components; hyperspectral imaging technology; rapid detection; partial least squares

(责任编辑:陆文昌)