

DOI: 10.16210/j.cnki.1007-7561.2025.01.016

任国薇, 郑圣国, 卢丙, 等. 基于低场核磁共振与近红外数据融合的豆粕蛋白质含量预测模型[J]. 粮油食品科技, 2025, 33(1): 156-163.
REN G W, ZHENG S G, LU B, et al. Prediction model of soybean meal protein content based on low-field nuclear magnetic resonance and near-infrared data fusion[J]. Science and Technology of Cereals, Oils and Foods, 2025, 33(1): 156-163.

基于低场核磁共振与近红外数据融合的豆粕蛋白质含量预测模型

任国薇¹, 郑圣国¹, 卢丙², 陆道礼¹, 陈斌¹✉

(1. 江苏大学 机械工程学院, 江苏 镇江 212013;
2. 苏州纽迈分析仪器有限公司, 江苏 苏州 215163)

摘要: 在低场核磁共振与近红外光谱特征层数据融合的基础上建立豆粕蛋白质含量的预测模型, 实现对豆粕生产过程中蛋白质含量的快速检测。采集待测样品的低场核磁共振与近红外光谱数据, 对数据进行预处理。利用连续投影算法 (SPA) 提取低场核磁共振与近红外光谱的特征变量, 应用偏最小二乘法、BP 神经网络、麻雀搜索算法优化 BP 神经网络 (SSA-BP), 融合筛选出的特征变量, 建立豆粕蛋白质含量预测模型。将低场核磁共振数据、近红外光谱数据单独建模与两种技术数据融合后构建的模型相比较, 两种技术数据融合构建的 SSA-BP 模型效果最优, 校正集决定系数为 0.983 0, 校正集均方根误差为 0.127 3, 验证集决定系数为 0.956 4, 验证集均方根误差为 0.203 9。综上, 本方法能够实现豆粕蛋白质含量的快速、无损及准确定量检测, 也验证了低场核磁共振与近红外数据融合的可行性与有效性。

关键词: 蛋白质; 低场核磁共振; 近红外; 特征层融合; 豆粕蛋白质

中图分类号: TS 207.3 文献标识码: A 文章编号: 1007-7561(2025)01-0156-08

网络首发时间: 2024-12-25 15:43:34

网络首发地址: <https://link.cnki.net/urlid/11.3863.TS.20241225.1053.004>

Prediction Model of Soybean Meal Protein Content Based on Low-field Nuclear Magnetic Resonance and Near-infrared Data Fusion

REN Guo-wei¹, ZHENG Sheng-guo¹, LU Bing², LU Dao-li¹, CHEN Bin¹✉

(1. School of Mechanical Engineering, Jiangsu University, Zhenjiang, Jiangsu 212013, China;
2. Suzhou Niumag Analytical Instrument Corporation, Suzhou, Jiangsu 215163, China)

Abstract: A prediction model for soybean meal protein content was developed using low-field NMR and near-infrared spectral data fusion for rapid protein content detection during soybean meal production. Firstly, the low-field NMR and near-infrared spectral data were collected from test samples. Secondly, the two

收稿日期: 2024-05-08; 修回日期: 2024-06-06; 录用日期: 2024-06-07

基金项目: 国家重点研发计划 (31772056) 项目; 江苏大学-苏州纽迈分析仪器有限公司产学研项目 (8411363013)

Supported by: National Key Research and Development Project of China (No. 31772056); Industry-University-Research Project of Jiangsu University-Suzhou Niumag Analytical Instrument Co., LTD. (No. 8411363013)

第一作者: 任国薇, 女, 1999 年出生, 硕士, 研究方向为近红外光谱分析、化学计量学, E-mail: 2222218007@stmail.ujs.edu.cn

通信作者: 陈斌, 男, 1960 年出生, 博士, 教授, 研究方向为近红外光谱分析、无损检测, E-mail: 2212103042@stmail.ujs.edu.cn

collected signals were preprocessed and the Successive Projections Algorithm (SPA) was used to extract the characteristic variables of the low-field NMR and near-infrared spectra. The partial least squares method, BP (Back Propagation) neural network and Sparrow Search Algorithm (SSA) were employed to optimize the BP neural network (SSA-BP). The selected characteristic variables were fused to establish a prediction model for soybean meal protein content. The SSA-BP model, constructed by fusing low-field NMR and near-infrared feature layer data, showed the best performance, with a calibration set determination coefficient of 0.983 0, RMSE of 0.127 3, validation set determination coefficient of 0.956 4, and RMSE of 0.203 9. In summary, this method enables achieve rapid, non-destructive and accurate quantitative detection of soybean meal protein content while verifying, feasibility and effectiveness of low-field NMR and near-infrared data fusion.

Key words: protein; low-field nuclear magnetism resonance; near-infrared; feature layer fusion; soybean meal protein

豆粕是家畜、家禽的重要饲料之一，由大豆经去皮、研磨、压榨等工艺加工而成。它是大豆油加工的副产品，其主要成分是蛋白质，含量高达 40%~50%^[1]。因此，豆粕中蛋白质含量是评价其优劣的一个重要指标。当前，检测豆粕中蛋白质含量主要使用凯氏定氮法^[2]，该方法操作繁琐、耗时耗力、需要使用大量化学试剂和检测样品，检测产生的化学废液容易污染环境^[3]，且无法在短时间内收集大量样品的成分含量^[4]。

低场核磁共振 (Low-field nuclear magnetic resonance, LF-NMR) 技术近年来在食品检测领域得到广泛应用，基于核磁共振原理，通过检测样品中氢质子的弛豫时间来获取样品的信息。如 Tuo Leng 采用核磁共振技术与化学计量学相结合的方法，成功地对碎牛肉中掺假猪肉和鸭肉进行了快速鉴定和定量分析，掺假预测精度 100%，二元掺假、三元掺假的相关系数 (R_p) 分别为 0.915 3 和 0.934 8，均方根误差 ($RMSEP$) 分别为 0.111 2 与 0.082 1^[5]；汤舒越等使用低场核磁共振预测猪肉脂肪含量，以便改进索氏抽取法的试剂污染、耗时长等劣势^[6]。而近红外 (Near infrared, NIR) 主要反映含氢基团的特征信息，近年研究如王雨莹利用近红外光谱技术结合遗传算法，建立卷积神经网络模型判断香榧存储时间及条件的定性分析，准确度达 99.2%，还利用偏最小二乘法建立香榧蛋白质和脂肪含量的定量模型，准确度分别为 97.7%和 98.4%^[7]；杨凯应用近红外光谱技术结合特征波长提取算法，建立偏最小二乘模型对全

蛋白粉掺假含量的定量分析，预测集相关系数分别为 0.958 5、0.931 2、0.945 6 和 0.955 8，均方根误差分别为 4.689 1、5.813 4、4.604 1 和 3.802 9^[8]。

虽然在现有研究中，低场核磁共振并未直接用于检测豆粕中蛋白质的含量，但在其他食品科学研究中的应用证明了其间接反映蛋白质变化的潜力。如谢安国等运用 LF-NMR 对加热过程中的牛肉进行采样，通过分析弛豫信号峰的变化，发现随着加热时间增长，T21 峰与 T22 峰的高度和宽度发生变化且三个峰均显著左移，说明牛肉蛋白质在受热变形后空间结构遭到破坏且水分子与肽链形成氢键的间距缩短、类型增加^[9]。袁乙平等研究了 LF-NMR 在分析真空包装牦牛肉在贮藏过程中水分变化的应用，此研究将 LF-NMR 测量结果与蛋白质溶解度、TVB-N、TBARS 等与蛋白质相关的指标相结合进行综合分析，间接地反映了蛋白质的变化^[10]。朱学伸等研究了反复冻融处理对肉鸡不同部位肌肉品质的影响，由于蛋白质在肌肉中的分布和结构会影响水分的状态，所以在此研究中，低场核磁共振被用来测量肌肉中水分的状态和分布，间接了解蛋白质的状态和可能的结构变化^[11]。

尽管目前 NIR 结合化学计量学在蛋白质含量的检测方面已经较为便捷，但将其与 LF-NMR 相结合仍具有显著优势。首先，在测量像豆粕这类固态样品时，其颗粒大小、表面散射等都会对近红外光谱产生一定影响^[12]，而低场核磁共振检测

时不受样品形状影响,两者结合可以提高测量的准确性。其次, NIR 主要反映样品的化学成分,而 LF-NMR 可以提供关于样品物理性质的信息,通过两者数据融合可以引入更多的样品信息,弥补 NIR 单一光谱分析的不足,从而提高模型精度。另外,结合使用 NIR 和 LF-NMR 是一种新的尝试,可以为食品检测领域提供新的视角和方法。

1 材料与方法

1.1 实验样品与仪器设备

91 份豆粕样品,均为粉末状:由项目合作企业提供。

PQ001 低场核磁共振仪:苏州纽迈分析仪器股份有限公司; NIR-NT 光谱仪:德国 INSION 公司; 电子天平:上海菁海仪器股份有限公司。

1.2 实验方法

1.2.1 豆粕蛋白质含量测定

采集豆粕样品数据前,依据 GB/T 5511—2008《谷物与豆类氮含量测定和粗蛋白含量计算 凯氏法》方法测定豆粕中蛋白质含量,根据传统方法测定的理化值,作为后续数据建模、融合的基础。

1.2.2 低场核磁与近红外光谱采集

检测前对低场核磁与近红外联用系统进行预热,保证联用设备中磁体温度保持在 $(32 \pm 0.1)^\circ\text{C}$ 。室温环境下,取豆粕样品,每份样品质量为 $(3.00 \pm 0.01)\text{g}$,置于磁场中心区域的射频探头线圈中,进行低场核磁共振弛豫数据与近红外光谱数据采集;低场核磁共振弛豫数据采集挑选的脉冲序列为 CPMG,采样频率 250 KHz,回波个数 4 096,累加次数 4 次,模拟增益 20.0 dB,数字增益 3;近红外光谱数据采集参数设置积分时间 15 ms,扫描次数:64 次,每份豆粕样品采集 3 次,取其平均值作为 1 条光谱数据。

1.2.3 数据预处理

常用的预处理方法有微分、平滑、归一化、去趋势和多元散射校正等^[13]。利用实验室自研的 NIRSA5.3.9 软件对低场核磁弛豫谱与近红外光谱进行卷积平滑 (Savitzky-golay, SG)、标准正态变换 (Standard normal variate, SNV)、归一化 (Normalization, NOR) 与一阶导数 (First-

derivative, 1-D) 处理^[14]。采用适当的预处理方法能够有效提高模型的适用能力,过滤谱图中噪声信息,保留有效信息,从而降低模型的复杂度及提高模型的稳健性^[15]。

1.2.4 样品集划分与建模

本文利用主成分分析 (Principal component analysis, PCA)^[16],提取的主成分向量代替样品信号向量计算的马氏距离 (Mahalanobis distance),以此作为划分校正集与验证集的根据,并剔除异常样品^[17]。

异常样品剔除后,使用 Kennard-Stone (K-S) 方法进行校正集与验证集划分, K-S 方法是一种用于数据采样和分割的方法,该方法通过基于欧式距离选择一部分样品来代表整个数据集,校正集与验证集的比例为 3:1,划分后,使用偏最小二乘法 (Partial least squares, PLS) 建立豆粕蛋白质含量预测模型。

1.2.5 特征变量提取

连续投影法 (Successive projections algorithm, SPA) 是一种前向迭代搜索方法,即从一个波长开始,然后在每次迭代中加入一个新变量,直至所选变量数达到设定值 N ^[18]。SPA 的目的是选择光谱信息最少冗余的波长以解决共线性问题。该算法简要步骤如下:

记初始迭代向量为 $x_{k(0)}$,需要提取的变量个数为 N ,光谱矩阵为 J 列。

Step1: 任选光谱矩阵的 1 列 (第 j 列),把校正集的第 j 列赋值给 x_j ,记为 $x_{k(0)}$;

Step2: 将未选入的列向量位置的集合记为 S , $S = \{j, 1 \leq j \leq J, j \notin \{k(0), \dots, k(n-1)\}\}$ 式 (1)

Step3: 分别计算 x_j 对剩余列向量的投影:

$$P_{x_j} = x_j - (x_j^T x_{k(n-1)} (x_{k(n-1)}^T x_{k(n-1)})^{-1}) x_{k(n-1)}, j \in S \quad \text{式 (2)}$$

Step4: 提取最大投影向量的波谱波长,

$$K(n) = \arg(\max(|P_{x_j}|)), j \in S \quad \text{式 (3)}$$

Step5: 令 $x_j = P_{x_j}$, $j \in S$ 。

Step6: $n = n + 1$, 如果 $n < N$, 则按 Step1 循环计算。

1.2.6 模型评判标准

校正集与验证集的相关系数 R^2 及均方差 MSE 作为模型的评判标准。其中相关系数 R^2 越接

近 1，均方差 MSE 越小，则表明建立的模型越稳定及预测精度越高^[19]。

1.3 统计分析

分析软件为 MATLAB R2022b; 美国 MathWorks 公司; NIRSA5.3.9: 实验室自主研发。

2 结果与讨论

2.1 豆粕低场核磁共振与近红外谱图

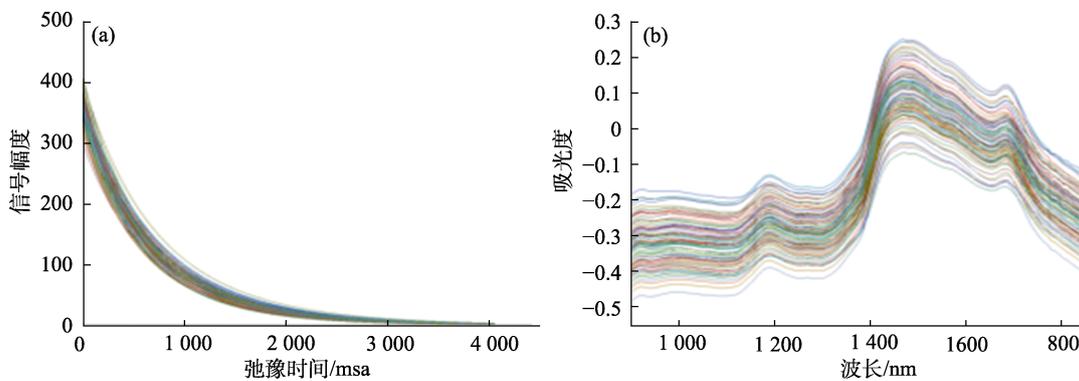
图 1 (a) 为豆粕的低场核磁共振谱图，从图中能够观察到，在 4 000 ms 后样品中氢质子恢复平衡状态; 图 1 (b) 为豆粕近红外光谱图，在 900~1 700 nm 波长范围内，出现 3 个明显特征吸收峰，

分别在 1 200、1 500、1 700 nm 处。

2.2 国标法测定结果分析

利用国标法对 91 份豆粕蛋白质含量进行测定，数据样品划分如表 1 所示，样品按照 3 : 1 进行校正集与验证集划分，其中校正集有 68 份，验证集有 23 份。

校正集主要用于建模，故校正集样品有效信息的涵盖范围影响着模型预测的精确度。从表 1 能够看出，豆粕样品蛋白质含量最大值及最小值都在校正集中，且校正集与验证集的平均值及标准偏差十分接近，说明 K-S 方法划分样品集符合数据分析要求。



注：(a) 低场核磁共振谱图；(b) 近红外光谱原始图。

Note: (a) low-field NMR spectra and (b) NIR spectra.

图 1 采集豆粕检测原始谱图

Fig.1 Raw spectra of soybean meal

表 1 豆粕蛋白质的样品集划分情况

Table 1 Sample set division of soybean meal protein

数据集	样品数量/份	最小值/%	最大值%	平均值/%	标准偏差
总数	91	40.83	46.58	42.91	0.99
校正集	68	40.83	46.58	42.96	1.05
预测集	23	41.19	44.32	42.74	0.77

表 2 基于低场核磁与近红外的豆粕蛋白质偏最小二乘回归模型的评判结果

Table 2 Evaluation results of soybean meal protein partial least squares regression model based on low-field NMR and near-infrared

建模方法	预处理	校正模型评判结果		验证模型评判结果	
		R_c^2	$RMSEC$	R_p^2	$RMSEP$
近红外	归一化	0.948 2	0.204 6	0.917 0	0.278 7
	SGF	0.946 4	0.217 3	0.912 7	0.288 5
	一阶求导	0.923 4	0.252 0	0.911 8	0.307 3
	SGF+一阶	0.861 1	0.361 5	0.807 8	0.397 2
低场核磁	SNV	0.912 0	0.302 3	0.892 1	0.315 2
	归一化	0.874 8	0.359 6	0.856 2	0.385 2
	SGF	0.932 2	0.221 7	0.914 3	0.279 8
	一阶求导	0.8238	0.393 2	0.801 7	0.400 2
低场核磁	SGF+一阶	0.814 1	0.396 1	0.774 6	0.407 8
	SNV	0.885 1	0.324 3	0.875 6	0.326 9

2.3 不同预处理方法下偏最小二乘法模型的建立与检验

如表 2 所示，不同预处理下豆粕蛋白质含量的评判结果。根据相关系数与标准偏差来评价模型的好坏，一般认为相关系数 R 越接近 1 及标准偏差越小，模型效果越好^[20]。

从表 2 能够看出，同样预处理情况下，低场核磁共振数据建立的预测模型均略高于近红外数据

建立的预测模型。这是因为豆粕样品颗粒大小、表面散射对光谱的影响,而低场核磁共振检测时不受样品的形状、状态影响。

对比各预处理后的模型评判指标,其中低场核磁共振,利用矢量归一化结合 PLSR 算法建立的校正集相关系数 R_c^2 为 0.948 2,校正集标准偏差 $RMSEC$ 为 0.204 6;验证集相关系数 R_p^2 为 0.917 0,校正标准偏差 $RMSEP$ 为 0.278 7。而近红外,利用 SGF 结合 PLSR 算法建立的校正集相关系数 R_c^2 为 0.932 2,校正集标准偏差 $RMSEC$ 为 0.221 7;验证集相关系数 R_p^2 为 0.914 3,校正标准偏差 $RMSEP$ 为 0.279 8。说明豆粕蛋白质实测值与预测值相关性良好且模型预测精度高。同时也说明了低场核磁共振和近红外都与豆粕蛋白质具有较高相关性。

2.4 基于数据融合的豆粕蛋白质定量预测模型

与单一的数据集相比较,不同信号来源的数据集进行融合不仅能够增添样品检测信息,还能够提高模型预测精度^[21]。低场核磁数据与近红外数据的融合是整个联用系统数据信息优势互补的核心,由于近红外光谱分析技术采集的光谱图是波长与吸光度产生的对应关系,而低场核磁氢谱主要是样品中氢原子被激发后衰减形成的,故两种数据量纲存在较大差异,在数据融合之前需要进行归一化,使得两个数据在一个量纲中实现数据融合。

本次数据融合使用 PLSR 算法、BP (Back propagation) 神经网络及麻雀搜索算法 (Sparrow search algorithm, SSA) 优化 BP 神经网络进行回归模型建立,从线性与非线性两方面进行分析。其中 BP 神经网络是一种常用的机器学习模型,用于回归和分类问题。其主要利用梯度下降法来改变神经网络的连接权阈值,并进行误差的反向传播,这使得整个训练过程容易陷入局部最优解,导致预测性能不佳^[22]。为了提高 BP 神经网络的预测能力,选用 SSA 优化 BP 神经网络的初始权重与阈值,选取训练集与测试集整体的均方差误差为适应度值。

而 SSA 的启发来自于麻雀群体的搜索觅食行为,通过模拟麻雀在寻找食物和规避天敌过程中的行为,完成寻找最优目标函数的目的。该算法具

有搜索效率高、参数设置简单等优点^[23]。算法实现流程如下:

Step1: 初始化种群,迭代次数,初始化捕食者和追随者比例;

Step2: 计算适应度,并排序;

Step3: 更新捕食者位置;

$$X_{i,j}^{t+1} = \begin{cases} X_{i,j} \cdot \exp\left(-\frac{i}{a \cdot N}\right), R_2 < ST \\ X_{i,j} + Q \cdot L, R_2 > ST \end{cases} \quad \text{式(4)}$$

式 4 中: $X_{i,j}$ 表示第 i 个麻雀在第 j 维中的位置信息; $a \in (0, 1]$ 是一个随机数; $R_2 \in [0, 1]$ 表示预警值, $ST \in [0.5, 1]$ 表示安全值; Q 是服从正态分布的随机数; L 表示一个单位行向量; N 是一个常数,表示最大迭代次数; t 表示当前迭代次数。

Step4: 更新加入者位置;

$$X_{i,j}^{t+1} = \begin{cases} Q \cdot \exp\left(\frac{X_{\text{worst}} - X_{i,j}^t}{i^2}\right), i > \frac{n}{2} \\ X_p^{t+1} + |X_{i,j}^t - X_p^{t+1}| \cdot A^+ \cdot L, i \leq \frac{n}{2} \end{cases} \quad \text{式(5)}$$

式 5 中, X_p 是当前发现者所占据的最优位置; X_{worst} 表示当前全局最差的位置; A 表示一个 $1 \times d$ 的矩阵,其中每个元素随机赋值为 1 或 -1,并且 $A^+ = A^T (AA^T)^{-1}$ ^[24]。

Step5: 更新警戒者位置;

$$X_{i,j}^{t+1} = \begin{cases} X_{\text{best}}^t + \beta \cdot |X_{i,j}^t - X_{\text{best}}^t|, f_i > f_g \\ X_{i,j}^t + K \cdot \left(\frac{X_{i,j}^t - X_{\text{worst}}^t}{(f_i - f_w) + \varepsilon}\right), f_i > f_g \end{cases} \quad \text{式(6)}$$

式 6 中, X_{best} 是当前全局最优位置; β 作为步长控制参数,是服从均值为 0,方差为 1 的正态分布的随机数; $K \in [-1, 1]$ 是随机数^[25]; f_i 则是当前麻雀个体的适应度值; f_g 与 f_w 表示当前全局最佳和最差适应度; ε 是常数,防止分母出现零。

Step6: 计算适应度值并且更新麻雀位置;

Step7: 是否满足停止条件,满足则退出,输出结果;否则,重复上述 2~6 步骤,直到满足条件。具体优化过程如图 2 所示。

2.4.1 特征变量提取

1 个豆粕样品的低场核磁的变量数为 4 096、近红外数据的变量数为 117,为了从众多的变量

数中选择最佳变量且降低数据集的维数，使用 SPA 进行特征提取。

在 MATLAB2022b 软件上进行 SPA 算法的代码编写，随后将低场核磁共振、近红外数据进行特征提取，其中低场核磁共振特征筛选出 6 个特征变量，近红外特征筛选出 16 个特征变量，结果如下图所示。

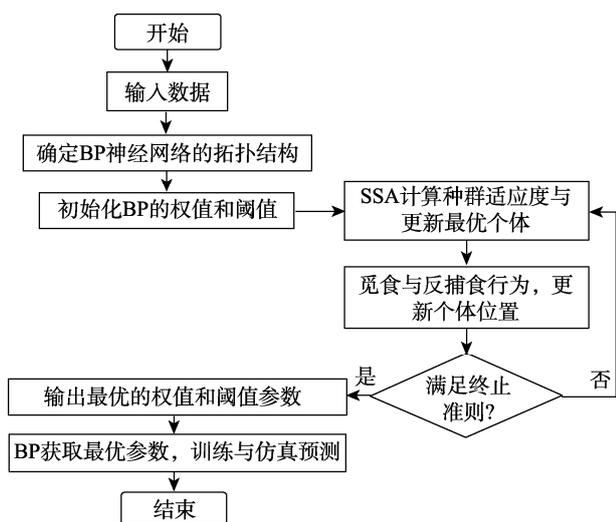
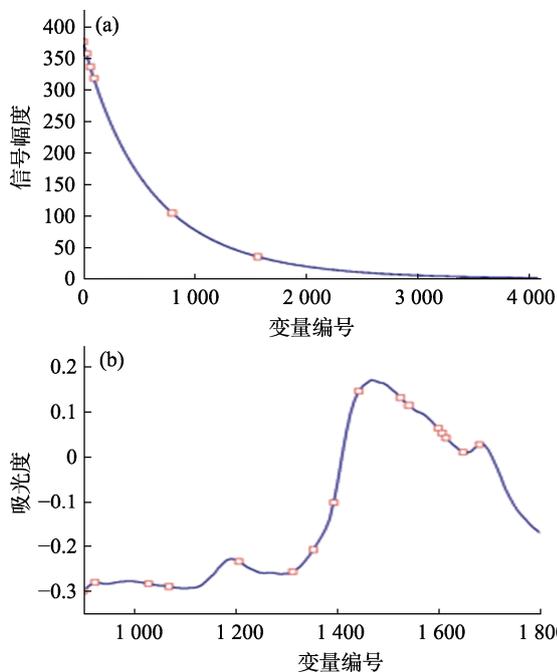


图 2 SSA 优化 BP 神经网络回归预测流程图

Fig.2 SSA optimized BP neural network regression prediction flowchart



注：(a) 低场核磁共振特征提取结果；(b) 近红外光谱特征提取结果。

Note: (a) feature extraction results by LF-NMR; (b) spectral feature extraction results by NIR.

图 3 连续投影法豆粕蛋白质特征提取结果

Fig.3 Protein feature extraction results of soybean meal by continuous projection method

2.4.2 豆粕蛋白质定量预测模型建立

低场核磁共振弛豫数据与近红外光谱数据特征提取完毕以后，由于低场核磁共振与近红外数据量纲不同，需要对低场核磁共振数据进行归一化，使得低场核磁共振数据与近红外光谱数据在一个量纲上，然后将两组数据拼接成一个矩阵，再利用偏最小二乘法、BP 神经网络、SSA-BP 神经网络对豆粕蛋白质进行训练，得到的具体结果。如表 3 所示。其中神经网络建立三层网络，豆粕特征提取后拼接的矩阵数据作为输入层，隐藏层节点数设为 15，蛋白质作为输出层，BP 神经网络设置的参数为：训练次数 1 000 次，训练目标 0.001，学习速率 0.01^[26]。麻雀搜索算法参数设置为：种群规模为 20，种群迭代次数为 50，安全值为 0.7，发现者占种群比 0.4，意识危险麻雀所占比重为 0.2。

表 3 SPA 特征提取下豆粕蛋白质模型评判结果

Table 3 Evaluation results of soybean meal protein model under SPA feature extraction

特征提取变量数	建模方法	校正集评判结果 R_c^2	校正集评判结果 $RMSEC$	验证集评判结果 R_p^2	验证集评判结果 $RMSEP$
LF-NMR	PLSR	0.972 8	0.158 9	0.946 4	0.168 5
16	BP	0.971 1	0.172 1	0.919 8	0.395 7
	SSA-BP	0.983 0	0.127 3	0.956 4	0.203 9

由表 3 能够看出，使用 SSA 算法对低场核磁共振数据与近红外数据进行特征提取，对应的低场核磁共振数据的变量数减少了 99.22%，近红外光谱数据的变量数减少了 94.87%，最终获取的总变量数为 22 个。对比表 2 能够看出，低场核磁共振与近红外数据融合建立的校正模型效果均优于单一分析方法的模型效果，校正集与预测集的预测的精度分别最高提升了 3.54%与 4.12%，其中利用 SSA-BP 建立的融合数据模型效果最好， R_c^2 为 0.983 0， $RMSEC$ 为 0.127 3； R_p^2 为 0.956 4， $RMSEP$ 为 0.203 9。说明基于特征层融合模型对豆粕蛋白质含量具有满意的预测效果。

2.4.3 实际样品测定

从市面上购买不同产地的豆粕，共计 5 种，并用国标法对其蛋白质含量进行检测，然后将其代入到数据融合后的 PLSR、BP 神经网络及 SSA-BP 神经网络模型进行验证，结果如表 4 所示。

表4 不同产地豆粕的检测结果

序号	国标法	PLSR	BP 神经网络	SSA-BP 神经网络
1	43.23	43.29	43.39	43.21
2	42.56	43.48	42.48	42.60
3	46.73	46.66	46.53	46.77
4	44.28	44.21	44.19	44.31
5	41.38	41.46	42.48	41.42

本研究使用的模型预测结果与国标法检测结果基本一致,蛋白质含量差值均在0.1%以内。说明该方法能够应用于豆粕蛋白质含量的测定。

3 结论

本研究使用特征层数据融合技术,将低场核磁共振与近红外光谱进行融合,建立豆粕蛋白质含量的预测模型,做到多源信息特征层数据融合对豆粕蛋白质含量进行预测。研究表明低场核磁共振数据与近红外数据在特征层融合的效果优于单数据集预测效果,其中最优校正集模型精度提高了3.71%,验证集模型精度提高了4.15%。再利用建模以外的样品对数据融合后建立的预测模型进行验证,结果表明低场核磁共振与近红外特征层数据融合能够提高模型预测精度,能够应用于豆粕生产过程中蛋白质含量预测,这为固态食品粉末状样品提供了新的技术支持,在食品加工、医药检测等领域有着广阔的应用前景。

参考文献:

- [1] 樊炯, 马骏骅, 张慧恩, 等. 大豆蛋白复配挤压工艺优化研究[J]. 农产品加工, 2022, (12): 52-56.
FAN J, MA J H, ZHANG H E, et al. Research on optimization of soybean protein compound extrusion process[J]. Agricultural Products Processing, 2022, (12): 52-56.
- [2] 李一举, 张宇, 武天亮, 等. 低热量藜麦夹心团子的生产工艺研究[J]. 粮食与油脂, 2024, 37(4): 115-118.
LI Y J, ZHANG Y, WU T L, et al. Research on the production process of low-calorie quinoa sandwich dumplings[J]. Grains and Oils, 2024, 37(4): 115-118.
- [3] 秦琳, 黄世群, 仲伶俐, 等. 杜马斯燃烧法和凯氏定氮法在土壤全氮检测中的比较研究[J]. 中国土壤与肥料, 2020, (4): 258-265.
QIN L, HUANG S Q, ZHONG L L, et al. Comparative study of Dumas combustion method and Kjeldahl nitrogen determination method in soil total nitrogen detection[J]. China Soil and Fertilizer, 2020, (4): 258-265.
- [4] 纳嵘. 豆粕蛋白质含量近红外快速测定技术的研究[J]. 畜牧与饲料科学, 2017, 38(8): 14-15+35.
NA R. Study on near infrared rapid determination of protein content in soybean meal[J]. Animal Husbandry and Feed Science, 2017, 38(8): 14-15+35.
- [5] LENG T, HU X, CHEN Y. Rapid identification and quantitation of pork and duck meat of binary and ternary adulteration in minced beef by ¹H NMR combined with multivariate data fusion[J]. Food Control, 2023, 154: 110018.
- [6] 汤舒越, 汤晓艳, 张宇慧, 等. 低场核磁共振法测定猪肉中脂肪含量[J]. 食品科学, 2022, 43(20): 269-274.
TANG S Y, TANG X Y, ZHANG Y H, et al. Determination of fat content in pork by low-field nuclear magnetic resonance[J]. Food Science, 2022, 43(20): 269-274.
- [7] 王雨莹, 戴宇佳, 王悦悦, 等. 基于近红外光谱技术的香榧蛋白质和脂肪含量无损检测方法研究[J/OL]. 食品工业科技, 1-13.
WANG Y Y, DAI Y J, WANG Y Y, et al. Non-destructive detection method of protein and fat content of Cinnamon chinensis based on near-infrared spectroscopy[J]. Science and Technology for the Food Industry, 1-13.
- [8] 杨凯, 何昱廷, 李沃霖, 等. 基于近红外光谱技术检测全蛋粉掺假[J]. 华中农业大学学报, 2024, 43(2): 264-272.
YANG K, HE Y T, LI W L, et al. Detection of adulteration of whole egg powder based on near-infrared spectroscopy[J]. Journal of Huazhong Agricultural University, 2024, 43(2): 264-272.
- [9] 谢安国, 王满生, 石晓微, 等. 牛肉加热过程中低场核磁共振信号与品质特征的动态分析[J]. 食品与机械, 2020, 36(7): 23-27+71.
XIE A G, WANG M S, SHI X W, et al. Dynamic analysis of low-field NMR relaxation signal and quality characteristics during beef heating[J]. Food & Machinery, 2020, 36(7): 23-27+71.
- [10] 袁乙平, 李靖, 马嫻, 等. 低场核磁结合理化指标分析低温贮藏真空包装牦牛肉的品质[J]. 食品工业科技, 2019, 40(6): 31-36.
YUAN Y P, LI J, MA Y, et al. Low-field NMR combined with physical and chemical indexes to analyze the quality of vacuum packed yak meat during low-temperature storage[J]. Science and Technology for the Food Industry, 2019, 40(6): 31-36.
- [11] 朱学伸, 黄雪方, 鲁小讯, 等. 结合低场核磁共振分析反复冻融处理对肉鸡不同部位肌肉品质的影响[J]. 食品科学, 2016, 37(9): 23-28.
ZHU X S, HUANG X F, LU X X, et al. Combined with low-field nuclear magnetic resonance (MRI), the effects of repeated freeze-thaw treatment on muscle quality in different parts of broilers were analyzed[J]. Food Science, 2016, 37(9): 23-28.

- [12] 盛晓慧, 李子文, 李宗朋, 等. 基于近红外光谱分析技术测定库尔勒香梨硬度[J]. 光谱学与光谱分析, 2019, 39(9): 2818-2822.
SHENG X H, LI Z W, LI Z P, et al. The hardness of Korla fragrant pear was determined based on near-infrared spectroscopy analysis technology[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2019, 39(9): 2818-2822.
- [13] 杨欢. 基于高光谱成像技术的玉米种子品种鉴别研究[D]. 镇江: 江苏大学, 2023.
YANG H. Research on the identification of maize seed varieties based on hyperspectral imaging technology[D]. Zhenjiang: Jiangsu University, 2023.
- [14] YUAN Y, LI J, HE S, et al. Composition of phenolic and antioxidant activity of water chestnut peel during digestion *in vitro* as affected by blanching time[J]. International Journal of Food Properties, 2019, 22(1): 71-83.
- [15] WEI C, BIN Z, JINZHAO Y, et al. Research on rapid detection of cross-scale defects in surface based on deep learning[J]. Journal of Manufacturing Processes, 2024, 10(9): 345-358.
- [16] 王梅, 张天时, 王志宝, 等. 基于空间投影和聚类划分的SVR加速算法[J]. 计算机技术与发展, 2024, 34(4): 24-29.
WANG M, ZHANG T S, WANG Z B, et al. SVR acceleration algorithm based on spatial projection and clustering[J]. Computer Technology and Development, 2024, 34(4): 24-29.
- [17] 卢冠疆. 基于高光谱成像技术的玉米新陈度快速无损检测方法研究[D]. 郑州: 河南工业大学, 2023.
LU G Q. Research on rapid nondestructive detection method of maize freshness based on hyperspectral imaging technology[D]. Zhengzhou: Henan University of Technology, 2023.
- [18] SHENG G, HUIHUI S, XIAOYAN H, et al. Performance audit evaluation of marine development projects based on SPA and BP neural network model[J]. Open Geosciences, 2023, 15(1): 153-157.
- [19] 顾旭鹏, 杨林林, 齐大明, 等. 傅里叶变换红外光谱技术对金银花中有效成分定量模型建立及含量测定[J]. 光谱学与光谱分析, 2024, 44(2): 467-473.
GU X P, YANG L L, QI D M, et al. Fourier transform infrared spectroscopy for the establishment of quantitative model and content determination of active ingredients in honeysuckle[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2024, 44(2): 467-473.
- [20] 王聪颖, 罗华平, 高峰, 等. 基于近红外光谱技术的杏叶含水率反演研究[J]. 塔里木大学学报, 2023, 35(2): 89-96.
WANG C Y, LUO H P, GAO F, et al. Inversion of moisture content of apricot leaves based on near-infrared spectroscopy[J]. Journal of Tarim University, 2023, 35(2): 89-96.
- [21] 向江华, 刘缠牢. 基于多光谱图像融合的光学表面疵病检测[J]. 电子测量技术, 2022, 45(3): 131-135.
XIANG J H, LIU C L. Detection of optical surface defects based on multispectral image fusion[J]. Electronic Measurement Technology, 2022, 45(3): 131-135.
- [22] LIU Y, SUN X, OUYANG A. Nondestructive measurement of soluble solid content of navel orange fruit by visible-NIR spectrometric technique with PLSR and PCA-BPNN[J]. LWT-Food Sci Technol, 2010, 43(4): 602-607.
- [23] XUE J K, SHEN B. A novel swarm intelligence optimization approach: sparrow search algorithm[J]. Systems Science & Control Engineering, 2020, 8(1): 22-34.
- [24] 李英顺, 张国莹, 张杨. 基于SSA算法优化SVM的发动机润滑油信息状态评估[J]. 润滑与密封, 2023, 48(2): 129-134.
LI Y S, ZHANG G Y, ZHANG Y. Engine lubricating oil information status evaluation based on SSA algorithm optimization SVM[J]. Lubrication and Sealing, 2023, 48(2): 129-134.
- [25] 王浩, 陈婷, 陈兴候, 等. 基于改进SSA-BP神经网络的复烤水分和温度预测[J]. 农业与技术, 2022, 42(6): 18-25.
WANG H, CHEN T, CHEN X H, et al. Prediction of moisture and temperature for re-roasting based on improved SSA-BP neural network[J]. Agriculture and Technology, 2022, 42(6): 18-25.
- [26] SUN L Z, GUO Y, PAN S E, et al. Reflow soldering process virtual test based on BPNN-GA and ANSYS[J]. Applied Mechanics and Materials, 2013, 2213(281-281): 417-421. 完
- 备注: 本文的彩色图表可从本刊官网 (<http://lyspkj.ijournal.cn>)、中国知网、万方、维普、超星等数据库下载获取。