

基于深度信念网络的苹果霉心病病害程度无损检测

周兆永^{1,2}, 何东健^{1,*}, 张海辉¹, 雷 雨¹, 苏 东¹, 陈克涛¹

(1.西北农林科技大学机械与电子工程学院, 陕西 杨凌 712100;

2.西北农林科技大学网络与教育技术中心, 陕西 杨凌 712100)

摘 要: 针对现有霉心病无损检测只能检测出有无病害, 无法对病害程度进行判断的问题, 研究并提出一种基于深度信念网络 (deep belief net, DBN) 的无监督检测模型。该模型由多层限制玻尔兹曼机 (restricted Boltzmann machine, RBM) 网络和1 层反向传播 (back propagation, BP) 神经网络组成, RBM网络实现最优特征向量映射, 输出的特征向量由BP神经网络对霉心病病害程度分类。对225 个苹果样本在波长200~1 025 nm获取其透射光谱后, 根据腐烂面积占横截面比例将霉心病病害程度分为健康、轻度、中度和重度4 种, 分别用150 个和75 个样本作为训练集和测试集, 以全光谱数据和基于连续投影算法提取的特征波长数据为输入构建病害程度判别模型, 并比较DBN模型与偏最小二乘判别分析、BP神经网络和支持向量机模型的识别效果, 实验结果表明, DBN模型病害判别准确率达到88.00%, 具有较好的识别效果。

关键词: 苹果霉心病; 病害程度; 透射光谱; 深度信念网络 (DBN); 限制玻尔兹曼机 (RBM)

Non-Destructive Detection of Moldy Core in Apple Fruit Based on Deep Belief Network

ZHOU Zhaoyong^{1,2}, HE Dongjian^{1,*}, ZHANG Haihui¹, LEI Yu¹, SU Dong¹, CHEN Ketao¹

(1. College of Mechanical and Electronic Engineering, Northwest A&F University, Yangling 712100, China;

2. Network and Education Technology Center, Northwest A&F University, Yangling 712100, China)

Abstract: Apple moldy core is a major disease affecting the internal quality of apple fruit. However, due to the lack of effective means to accurately detect moldy core in apple fruits, detection of moldy core in apples has become a major problem to be solved in the apple industry. To date, there have been no reports on the use of spectroscopy for distinguishing various degrees of moldy core decay in apple fruits. The objective of this study was to develop a non-destructive method for the detection of various degrees of moldy core decay in apple fruits using near infrared transmittance spectroscopy, successive projections algorithm (SPA), and multi-class classification algorithms partial least square-discriminant analysis (PLS-DA), back propagation artificial neural network (BP-ANN), support vector machine (SVM) and deep belief network (DBN). For developing a model to determine the degree of moldy core in apples, 225 samples were selected including a training set of 150 samples and a test set of 75 samples. The model consisted of several layers of restricted Boltzmann machine (RBM) network, which achieved eigenvector projection, and one layer of BP network, which allowed the classification of various degrees of moldy core based on the output eigenvector. The S_d value was calculated by dividing the lesion area by the total cross-sectional area. It was proposed that $S_d = 0$, $0 < S_d \leq 10\%$, $10\% < S_d < 30\%$ and $S_d \geq 30$ indicated health, mild, moderate and severe degrees, respectively. The classification accuracy of the DBN model was 88.00%, suggesting good performance of the model, and it was compared with those of the BP-ANN and SVM models.

Key words: moldy core in apples; degree of disease; transmittance spectroscopy; deep belief network (DBN); restricted Boltzmann machine (RBM)

DOI:10.7506/spkx1002-6630-201714046

中图分类号: S24

文献标志码: A

文章编号: 1002-6630 (2017) 14-0297-07

收稿日期: 2016-09-12

基金项目: 国家高技术研究发展计划 (863计划) 项目 (2013AA10230402); 国家自然科学基金面上项目 (61473235); 陕西省重大农技推广服务试点项目 (2016XXPT-05)

作者简介: 周兆永 (1980—), 男, 工程师, 博士研究生, 主要从事智能化检测、模式识别研究。E-mail: yzz@nwsuaf.edu.cn

*通信作者: 何东健 (1957—), 男, 教授, 博士, 主要从事智能化检测与控制、图像分析与计算机视觉、农业信息化研究。

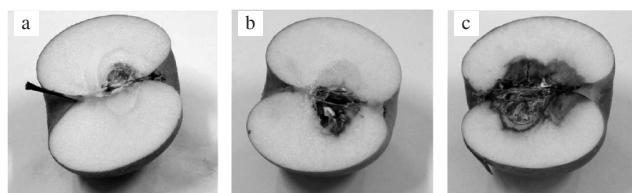
E-mail: hdj168@nwsuaf.edu.cn

引文格式:

周兆永, 何东健, 张海辉, 等. 基于深度信念网络的苹果霉心病病害程度无损检测[J]. 食品科学, 2017, 38(14): 297-303. DOI:10.7506/spkx1002-6630-201714046. <http://www.spkx.net.cn>

ZHOU Zhaoyong, HE Dongjian, ZHANG Haihui, et al. Non-destructive detection of moldy core in apple fruit based on deep belief network[J]. Food Science, 2017, 38(14): 297-303. (in Chinese with English abstract) DOI:10.7506/spkx1002-6630-201714046. <http://www.spkx.net.cn>

苹果霉心病又称霉腐病、心腐病, 是危害苹果内部品质的主要病害, 受害苹果果实从心室开始逐渐向外扩散腐烂, 果面无明显相关症状^[1]。因此, 霉心病果实较难识别, 其混在好果中流入市场, 不仅损害了消费者权益, 也会影响果商和产地的声誉, 甚至在国际市场上影响国家的声誉。苹果霉心病根据症状可分为褐变、霉心和腐烂3种主要类型, 如图1所示, 在田间比例分别为43.22%、26.10%和30.68%^[2]。霉心病菌在树体、土壤、病果或坏死组织上存活, 第2年春季开始传播侵染, 经空气传播, 因此增强苹果霉心病的预防极为必要。由于缺乏有效的检测手段准确剔除发病果实, 霉心病检测已成为苹果产业发展亟待解决的重大问题。



a.褐变型; b.霉心型; c.腐烂型。

图1 苹果霉心病症状类型图

Fig. 1 Different types of symptoms of moldy core in apple fruits

国内外学者尝试用不同的方法来检测苹果的霉心病。Chayaprasert等^[3]研究了采用低频(5.55 MHz)磁共振的苹果霉心病检测方法, 李芳等^[4]提出了利用生物阻抗特性分析的检测方法, 杨亮亮^[5]提出采用机器视觉和X射线相结合的方法获得苹果透视图像, 进而实现苹果霉心病的检测。近年来, 光谱技术在农产品检测^[6-14]中应用日益广泛, Clark^[7]和McGlone^[15]等利用700~900 nm近红外光漫反射光谱检测“Braeburn”苹果的褐心病, 建立模型的决定系数达0.91。上述研究均基于光谱漫反射方法检测苹果霉心病害, 但因苹果霉心病早期发生在果心及其附近, 表面光谱漫反射难以反映果心及深层果肉的特征信息。韩东海等^[16]用近红外连续透射光谱检测苹果内部褐变, 选择810、750、715 nm 3个波长对褐变果进行判别分析, 其样品的正确判别率达到95.65%。Shenderay等^[17]研究用近红外透射光谱技术检测苹果霉心病的方法, 用偏最小二乘回归建立判别模型, 测试集正确判别率为90.1%。雷雨等^[18]用可见-近红外透射能量光谱识别方法, 基于主成分分析-支持向量机模型对测试集和训练集的识别正确率分别为99.3%和96.7%。Zhou Zhaoyong等^[19]

基于遗传算法优选参数的支持向量机(genetic algorithm-support vector machine, GA-SVM)模型采用透射光谱进行霉心病有无检测, 识别正确率达到96.92%。

以上研究大多着眼于霉心病害的有无进行识别, 鲜见关于光谱技术检测霉心病程度的报道。霉心病程度的检测, 首先可以实现病害的有无判别, 防止误食霉心病果实, 也可将轻度霉心果分选出来特殊处理, 避免病害发展影响其他果实。此外, 检测出果园发生大量重度霉心病果实, 可用于指导果园灭菌处理, 对降低霉心病的再生具有指导意义。

本实验利用深度学习具有复杂函数逼近和较强的从样本集中学习的能力^[20], 研究并提出一种基于深度信念网络(deep belief net, DBN)的霉心病程度判别模型和方法, DBN由若干层限制玻尔兹曼机(restricted Boltzmann machine, RBM)和1层反向传播(back propagation, BP)网络组成的一种深层神经网络^[21-22]。RBM是一个典型的基于能量函数的模型, 每层RBM的神经元只有激活(1)和抑制(0)2种状态, 对任意一组给定的 (h, v) , 定义 E 作为一层RBM整体的能量函数。训练时RBM采用对比散度(contrastive divergence, CD)^[23]算法求得模型偏置参数和连接权值, 在每一次迭代中都都对训练数据进行吉布斯采样, 并更新参数。单层RBM如图2所示, 每一层RBM都由一个可见层和一个隐层组成, 与玻尔兹曼机不同的是, RBM去掉了每层神经元之间的连接, 并将可见层 v 和隐层 h 之间的节点通过权值 w 双向连接^[20], 而深度RBM, 是将多个RBM层叠, 前一层的输出作为后一层的输入^[21]。深度学习通过学习一种深层非线性网络结构, 实现复杂函数逼近, 表征输入数据分布式表示, 并展现了强大的从少数样本集中学习数据集本质特征的能力^[20]。Hinton等^[24]基于DBN提出非监督贪心逐层训练算法, 为解决深层结构相关的优化难题带来希望。为提高苹果霉心病病害程度检测正确率, 本实验研究一种基于DBN模型的苹果霉心病程度检测方法。

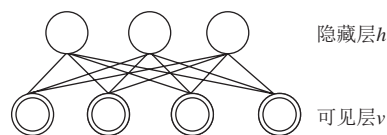


图2 RBM示意图

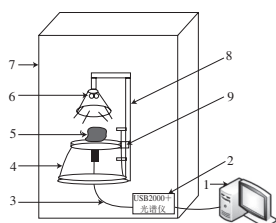
Fig. 2 Illustration for RBM

1 材料与方法

1.1 材料与试剂

供试苹果为红富士苹果,于2014年10月采集于陕西省洛川县凤栖镇好音村果园,根据果农经验,选取大小均匀、外表光滑、无机械损伤的疑似霉心病果和好果共计225个作为实验样本。将样本清洁擦净后进行编号,并置于实验室(22℃,相对湿度55%)内。

1.2 仪器与设备



1.台式电脑;2.光纤光谱仪;3.光纤;4.遮光幕帘;5.苹果;6.光源;7.暗箱;8.支架;9.高度可调载物台。

图3 苹果霉心病检测平台结构图

Fig.3 Schematic of testing platform of moldy core in apples

为研究苹果霉心病与透射光谱之间的关系,建立图3所示的检测平台,主要包括照射光源、检测室、便携式光谱仪、台式计算机等。采用美国Ocean Optics公司的USB2000+XR1便携式光谱仪,在200~1 025 nm波长范围获取苹果透射光谱,光谱分辨率为2.0 nm。检测室中4个50 W钨卤素灯泡作为照射光源,苹果样品置于高度可调、带有通孔的载物台上,位于苹果下方的光纤探头检测透射光经光纤传输至光谱仪,经光谱仪对各波段光谱进行接收和处理后,通过USB接口与台式计算机连接,用光谱仪自带的SpectraSuite光谱采集软件实现透射光谱数据的采集和存储,导出数据后用Matlab R2014a(MathWorks公司)进行数据分析处理。

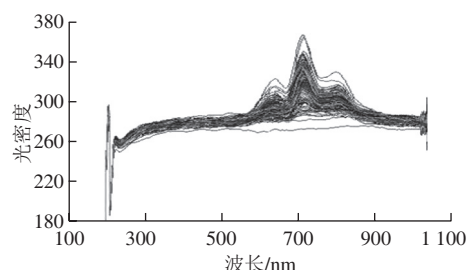
1.3 方法

1.3.1 光谱采集

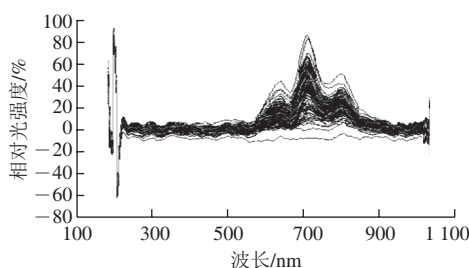
经过10 d染病果发病后,采集实验样本光谱数据。采集光谱数据时,提前15 min打开光源预热,以保证系统稳定。在SpectraSuite软件中设置主要采集参数为:积分时间100 ms,平均扫描次数10,平滑点数5,采样波长范围200~1 100 nm,分辨率2.0 nm,并勾选去除暗噪声。样品置于暗室内载物台上,苹果果轴与光源检测器垂直,光线从其赤道处穿过^[12]。调整载物台使光源距离载物台表面分别为10、12、15 cm进行实验,经预备实验对比知,光源距离载物台表面12 cm最优。关闭暗箱门保证无外界光进入,考虑到霉心病的发病位置和形态均不同,故每个样品采集3个点的的数据,各点之间约呈120°。取3个点光谱的平均值作为最终的建模光谱数据。在采集光谱数据期间,每间隔10个样品分别采集

3次参考光谱和暗光谱数据,分别取其平均值作为最终的参考光谱和暗光谱数据。采集结束后,从中心线部位将苹果切开,用Canon-EOS6D数码相机对切开截面拍照(设置焦距24~90 mm),目视判别有无病害,存储为JPEG格式的图像用于病害程度图像判定。破坏性实验后统计表明,样本中有健康果174个,霉心病果51个。分别从健康果和霉心病果中随机选取150个样本作为训练集(其中健康果120个,霉心病果30个),75个样本作为测试集(其中健康果54个,霉心病果21个)。

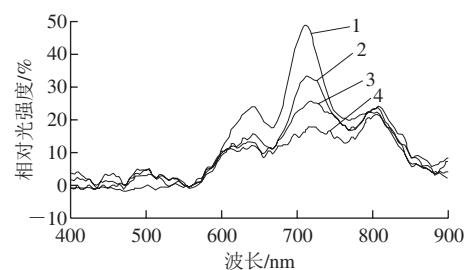
1.3.2 光谱数据预处理及光谱特性



a.原始透射光谱



b.减去暗光谱后的相对光强度



1.健康果;2.轻度霉心病果;3.中度霉心病果;4.重度霉心病果。

c.MSC预处理后相对光强度

图4 可见-近红外透射能量光谱数据曲线

Fig.4 Vis-NIR transmittance energy spectra

为研究光源能量的稳定性,对所采集的20条参考光谱数据进行分析,结果显示每个波长点的相对标准偏差(relative standard deviation, RSD)在0.18%~0.93%范围内。可认为光源能量稳定,可直接用能量光谱计算建立模型^[25]。210个样品的原始光谱曲线如图4a所示。(相应波长条件下光源透过苹果所发出的光通量在空间的分布密度通过A/D转换器转化成离散的数字量值)。为了消除来自高频随机噪声、基线漂移、光散射、样本间本身成

分含量信息的差异性影响,提高模型的收敛性能,需对原始光谱数据进行预处理^[26]。首先采用SG (Savitzky-Golay) 平滑法对光谱进行平滑(平滑点数为50),每10个样品的原始光谱分别减去对应的暗光谱,以消除环境因素的影响,处理后的光谱数据曲线如图4b所示。然后,采用多元散射校正(multiple scattering correction, MSC)对光谱数据进行预处理。为了消除数据首段与末端产生的高频噪声,同时考虑光谱特征与苹果霉心病的相关性,截取650~800 nm波段区间内370维的光谱作为全光谱(full spectrum, FS)数据进行苹果霉心病程度判别分析。如图4c所示,健康果在波长650、705、769、800 nm附近有明显波峰,在705~769 nm波长区间处的透过峰最高,霉心病果的透过峰均低于健康果,且发病程度越严重,透过峰越低。进一步分析表明,受害苹果从心室开始逐渐向外扩散腐烂,病发区呈黑色或者棕灰色,对光的吸收能力较强,发病程度越重,心部腐烂面积越大,吸收能力就越强,光透过的就越少,故透过峰越低,这为应用透射光谱进行苹果霉心病病害程度判别提供了理论依据。

1.3.3 数据降维方法

高维光谱数据会明显增加分析的复杂性,且每个样品的的光谱数据存在谱峰重叠问题,导致光谱数据信息冗余,因此需要对光谱数据进行降维处理^[27]。连续投影算法(successive projections algorithm, SPA)通过对光谱数据投影映射选取原始光谱中的少数波长,能够有效消除众多波长变量之间的共线性影响,并且可尽可能多地概括样本光谱信息,降低模型的复杂度^[28],故本实验用SPA进行降维处理。

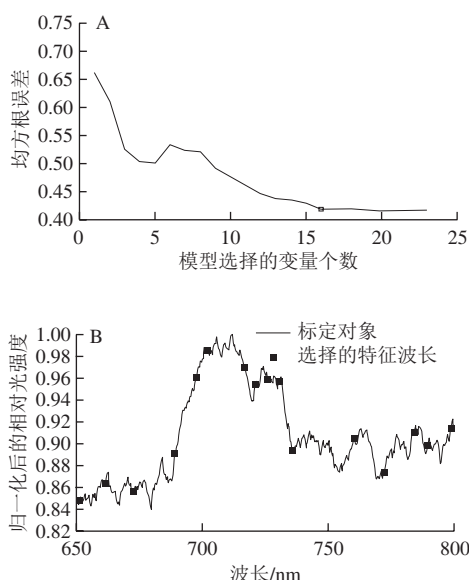
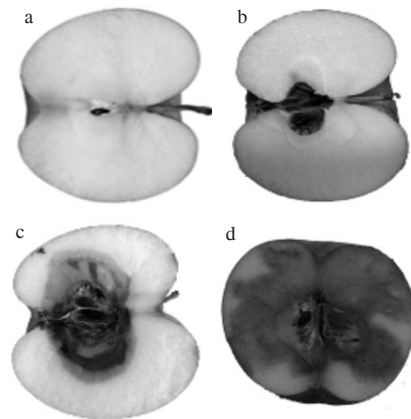


图5 交叉验证选择的特征波长数(A)和波长选择分布图(B)

Fig. 5 Characteristic wavelengths number selection by cross-validation (A) and selected variable wavelengths obtained by SPA (B)

对随机划分后的光谱数据采用SPA提取特征波长,经交叉验证得到16个特征波长对应的均方根误差为0.417 9,如图5A所示,运行时间62 s。图5B中用实心方框给出16个特征波长,分别为652.16、662.85、674.06、690.35、699.68、703.55、718.28、722.63、727.62、732.33、737.35、761.86、773.53、785.45、790.58、799.78 nm。在波长652、690、703、720、800 nm有明显波峰处均选取有特征波长点,体现出SPA提取的优点。为验证所选波长的有效性,将测试集样本16个特征波长的相对光强度作为输入,建立偏最小二乘判别分析(partial least square-discriminant analysis, PLS-DA)、BP神经网络(BP-artificial neural network, BP-ANN)、SVM和基于DBN的病害程度预测模型,并用测试集样本进行检验。

1.3.4 苹果霉心病的评价及模型的评价标准



a.健康果; b.轻度霉心病果; c.中度霉心病果; d.重度霉心病果。

图6 不同发病程度的苹果霉心病果样本

Fig. 6 Different degrees of moldy core in apple samples tested

为判断苹果霉心病的腐烂程度等级,对拍摄的苹果截面数字图像采用Matlab进行处理,计算霉心面积所占截面积的百分比 S_d ,并用 S_d 代表霉心病程度。通过咨询苹果病害专家,规定 S_d 不大于10%、 $10\% < S_d < 30\%$ 和 S_d 不小于30%分别代表轻度、中度和重度霉心,故将判别类型分为健康、轻度、中度和重度霉心4个类别,如图6所示。训练集样本中,4个类别样本个数依次为120、14、9个和7个,测试集样本中,4个类别样本个数分别依次为54、9、6个和6个。本实验采用霉心病程度类型判别正确率(测试集中类型正确判别样本数与测试集样品总数之比)对识别模型进行评价。

1.3.5 基于深度学习的建模方法

1.3.5.1 DBN模型结构的确定

为寻找较优的网络结构,分别改变RBM层数和各层的神经元数进行训练和测试。当RBM层数设置为2、3、4,各层神经元确定时,发现RBM层数为2时预测结果较差,而RBM层数分别设置为3和4时预测结果较好,且预测

正确率基本相当。为减小模型运行时间,最终选择RBM层数为3。在确定RBM层数为3的基础上进一步确定各层神经元数量,第1层和第2层RBM神经元数量从100开始每50一个步长进行增加,第3层RBM神经元数量按照第2层神经元数量的1、2、3、4倍分别考虑。经过反复实验,最终确定的模型结构为1个输入层、3个隐含层和1个BP网络输出层,如图7所示,网络的节点数依次为370-250-250-750-4。

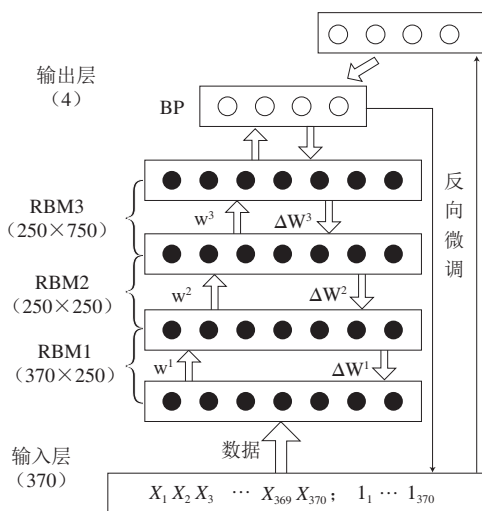


图7 DBN网络结构

Fig. 7 DBN network architecture

1.3.5.2 DBN模型训练过程

该模型以苹果透射光谱为输入,病害程度为输出,实现苹果霉心病程度的无损检测。模型训练的过程主要分为两步:第1步,分别单独无监督地训练每一层RBM网络,确保特征向量映射到不同特征空间时,都尽可能多地保留特征信息;第2步,在DBN的最后一层设置BP网络,以RBM的输出特征向量作为它的输入特征向量,有监督地训练分类器。而且每一层RBM网络只能确保自身层内的权值对该层特征向量映射达到最优,并不是对整个DBN的特征向量映射达到最优,故BP网络还将错误信息自顶向下传播至每一层RBM,微调整个DBN网络。RBM网络训练模型的过程可以看作对一个深层BP网络权值参数进行初始化,使DBN克服BP网络因随机初始化权值而易陷入局部最优和训练时间长的缺点。

1.3.5.3 DBN模型训练方法

实验中,首先对650~800 nm波段区间内370维光谱数据进行归一化处理,将225个样本划分为训练集150个和测试集75个。将数据集划分为15个为一批次,训练集10个批次和测试集5个批次,评价标准是正确识别率。采用1个输入层,3个隐含层和BP网络分类的输出层,网络的节点数依次是370-250-250-750-4。整个网络权值的获得流程如下:

步骤1:首先训练第1个RBM网络,即输入层370维

和第1个隐含层250维构成的网络。采用RBM优化方法,该过程采用训练样本,优化完毕后,计算训练样本在隐含层的输出值。

步骤2:利用步骤1中的结果作为第2个RBM网络训练的输入值,同样用RBM网络来优化第2个RBM网络,并计算出网络的输出值,并且用同样的方法训练第3个RBM网络。

步骤3:将上面3个RBM网络展开连接成新的网络,且分成encoder和decoder部分。并用步骤1、2得到的网络值给该新网络赋初值。

步骤4:本实验拟将霉心病程度分为4类,故新网络中最后一层为有4个输出节点的BP网络分类器。采用BP算法计算网络的代价函数和代价函数的偏导数。

步骤5:利用步骤3的初始值和步骤4的代价值和偏导值,采用共轭梯度下降法优化整个新网络,得到最终的网络权值。

基于随机法划分数据,将FS和经SPA提取的特征波长作为DBN模型的输入变量,建立霉心病病害程度判别模型,并用测试集样本对模型进行预测。理论上,输出1(0001)为健康果,输出2(0010)为轻度霉心病果,输出3(0100)为中度霉心病果,输出4(1000)为重度霉心病果。实验中,各节点输出大于0.90,则判定为该果。

2 结果与分析

2.1 霉心病病害程度常规建模方法识别效果

根据FS、SPA选择的特征波长,分别建立特征波长与PLS-DA、BP-ANN和SVM苹果霉心病病害程度判别模型。BP网络隐含层传递函数采用“tansig”,输出层传递函数采用“purelin”,训练函数选择“trainlm”(LM训练法),目标误差为0.001,训练最大步数设为1 000。SVM 4种病害程度识别模型采用SVM决策树,由多个二类分类模型组成,实验中采用一对余类SVM多类分类模型,对应4种霉心病程度,共构造4个二类分类器。PLS-DA、BP-ANN和SVM模型的判别正确率(判别正确的果数数目与训练集或测试集样本总数的比率)如表1所示。

表1 苹果霉心病病害程度的判别正确率
Table 1 Classification accuracy of different degrees of moldy core in apples by different classification models

建模方法	特征提取方法	训练集					测试集				
		正确识别个数				判别正确率/%	正确识别个数				判别正确率/%
		健康(120)	轻度(14)	中度(9)	重度(7)		健康(54)	轻度(9)	中度(6)	重度(6)	
PLS-DA	FS	118	10	5	2	90.00	54	1	1	4	80.00
	SPA	120	2	3	3	85.33	54	1	2	5	82.67
BP-ANN	FS	120	6	6	3	90.00	54	1	1	5	81.33
	SPA	120	7	6	2	90.00	54	1	1	6	82.67
SVM	FS	120	4	3	5	88.00	54	1	1	5	81.33
	SPA	120	5	4	6	90.00	54	1	1	6	82.67

由表1可知, FS-PLS-DA模型对测试集的判别正确率为80%, FS-BP-ANN和FS-SVM模型对测试集的判别正确率为81.33%, SPA-PLS-DA、SPA-BP-ANN和SPA-SVM模型对测试集的判别正确率均为82.67%。上述结果表明, BP-ANN、SVM等模型判别正确率最高达到82.67%, 这是因为这些模型均属于浅层结构算法, 在有限样本条件下, 计算单元对复杂函数的表示能力有限, 复杂分类问题泛化能力受到一定制约, 故需要研究新的建模方法, 以提高判别正确率。

2.2 霉心病病害程度DBN建模方法判别效果

表 2 苹果霉心病病害程度的判别正确率

Table 2 Classification accuracy of different degrees of moldy core in apple fruits in training and test sets by DBN models

建模方法	特征提取方法	训练集					测试集				
		正确识别个数				判别正确率/%	正确识别个数				判别正确率/%
		健康 (120)	轻度 (14)	中度 (9)	重度 (7)		健康 (54)	轻度 (9)	中度 (6)	重度 (6)	
DBN	FS	120	4	8	6	92.00	54	1	5	6	88.00
	SPA	120	5	7	6	92.00	54	1	5	6	88.00

由表2可知, 在DBN模型中, FS-DBN模型对训练集和测试集中病害等级的判别正确率分别为92.00%和88.00%, 对于训练集, 分别有0、10、1、1个样本发生误判, 对于测试集, 分别有0、8、1、0个样本发生误判, 通过对训练集和测试集的误判分析发现, 误判主要发生在轻度霉心病果误判为健康果, 以及中度霉心病果误判为轻度霉心病果, 这与健康果与轻度霉心病果之间、轻度与中度霉心病果之间的光谱特征曲线区别并不是很明显一致。SPA-DBN模型对训练集和测试集中样本的判别正确率分别为92.00%和88.00%, 对于训练集, 分别有0、9、2、1个样本发生误判, 对于测试集, 分别有0、8、1、0个样本发生误判。SPA-DBN模型预测的正确率与传统线性分类方法PLS-DA提高5.33个百分点, 与非线性方法BP-ANN、SVM相比亦提高5.33个百分点。表明DBN算法优于PLS-DA、BP-ANN、SVM算法, 提高了霉心病程度判别正确率。

应用可见-近红外透射能量光谱进行定性分析时, 高维光谱数据增加了分析的复杂性, 而单个样品的光谱数据会存在谱峰重叠问题, 导致光谱数据信息冗余, 网络运算很容易陷入局部极小且解析困难, 实验中对光谱数据进行平滑和MSC预处理后, 基于FS、SPA建立识别模型。实验结果表明8种模型无欠拟合及过拟合现象, 表明基于可见-近红外透射能量光谱分析方法对苹果霉心病病害程度进行识别可行。

对比基于FS和SPA 2种方法所建DBN模型, 基于SPA和FS所建模型的运行时间分别为52.36 s和790.5 s, 用特征波长所建模型比FS建立的模型运行速度提高了15倍。这是因为DBN网络的输入时有370个, 而SPA所建模型的输

入变量只有16个, 仅为FS所建模型输入变量数的4.32%, 故运算速度更快, 更能适应现场实时检测的要求。

对比PLS-DA、BP-ANN、SVM和DBN 4种苹果霉心病病害程度判别模型, BP-ANN、SVM等模型判别正确率最高达到82.67%, 但是他们均属于浅层结构算法, 在有限样本条件下, 计算单元对复杂函数的表示能力有限, 复杂分类问题泛化能力受到一定制约。DBN模型有效克服了BP网络因随机初始化权值参数而容易陷入局部最优和训练时间长的缺点, 能较好解决高维数、非线性和局部极小点等实际问题, 具有较好的鲁棒性, 并且有效避免过学习和欠学习状态的发生。DBN模型对训练集和测试集中样品的判别正确率均分别达到92.00%和88.00%, 可见DBN模型的性能要优于BP-ANN、SVM和PLS-DA模型, 在实际应用中也更加稳定和可靠。

3 结 论

提出了一种基于可见-近红外透射能量光谱进行苹果霉心病病害程度的多类分类模型和方法。同时实验分析发现, 健康果在波长705~769 nm区间处的透过峰最高, 霉心病果的透过峰均低于健康果, 且发病程度越严重, 透过峰越低。

光谱预处理方法对建模的复杂度有较大影响。分别建立了基于FS、SPA的PLS-DA、BP-ANN、SVM、DBN识别模型。基于SPA所建模型的输入变量数仅相当于基于FS所建模型输入变量数的4.32%, 极大降低了模型的复杂度, 提高了模型的运算速度。

DBN模型具有更高的学习能力和预测能力, 对训练集和测试集中霉心病病害等级的判别正确率分别为92.00%和88.00%。表明基于DBN模型可用于苹果霉心病病害程度的快速无损识别。

参考文献:

[1] 乌日娜, 尚洁. 水果及其制品中棒曲霉素的残留分析进展[J]. 中国国境卫生检疫杂志, 2007, 30(3): 188-190. DOI:10.3969/j.issn.1004-9770.2007.03.019.

[2] 高玲玲. 陕西省富士苹果霉心病病原多样性研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2010: 23.

[3] CHAYAPRASERT W, STROSHINE R. Rapid sensing of internal browning in whole apples using a low-cost, low-field proton magnetic resonance sensor[J]. Postharvest Biology and Technology, 2005, 36(3): 291-301.

[4] 李芳, 蔡聘, 马惠玲, 等. 基于生物阻抗特性分析的苹果霉心病无损检测[J]. 食品科学, 2013, 34(18): 197-202. DOI:10.7506/spkx1002-6630-201318040.

[5] 杨亮亮. 基于机器视觉和X射线的苹果霉心病检测方法研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2009: 10.

[6] 何东健. 水果内部品质在线近红外分光检测装置及试验[J]. 农业工程学报, 2001, 17(1): 146-148. DOI:10.3321/j.issn:1002-6819.2001.01.031.

- [7] CLARK C J, McGLONE V A, JORDAN R B. Detection of brownheart in 'Braeburn' apple by transmission NIR spectroscopy[J]. *Postharvest Biology and Technology*, 2003, 28(1): 87-96. DOI:10.1016/S0925-5214(02)00122-9.
- [8] 刘燕德, 应义斌. 近红外漫反射式水果糖份含量的测量系统[J]. *光电工程*, 2004, 31(2): 51-53. DOI:10.3969/j.issn.1003-501X.2004.02.016.
- [9] 刘燕德, 应义斌, 傅霞萍. 近红外漫反射用于检测苹果糖度及有效酸度的研究[J]. *光谱学与光谱分析*, 2005, 25(11): 1794-1796. DOI:10.3321/j.issn.1000-0593.2005.11.014.
- [10] GUTHRIE J A, LIEBENBERG C J, WALSH K B. NIR model development and robustness in prediction of melon fruit total soluble solids[J]. *Crop and Pasture Science*, 2006, 57(4): 411-418. DOI:10.1071/AR05123.
- [11] 王加华, 韩东海. 基于遗传算法的苹果糖度近红外光谱分析[J]. *光谱学与光谱分析*, 2008, 28(10): 2308-2311. DOI:10.3964/j.issn.1000-0593(2008)10-2308-04.
- [12] 李顺峰, 张丽华, 刘兴华, 等. 基于主成分分析的苹果霉心病近红外漫反射光谱判别[J]. *农业机械学报*, 2011, 42(10): 158-161. DOI:10.3969/j.issn.1000-1298.2011.10.031.
- [13] 苏东, 张海辉, 陈克涛, 等. 基于透射光谱的苹果霉心病多因子无损检测[J]. *食品科学*, 2016, 37(8): 207-211. DOI:10.7506/spkx1002-6630-201608037.
- [14] 张海辉, 陈克涛, 苏东, 等. 基于特征光谱的苹果霉心病无损检测设备设计[J]. *农业工程学报*, 2016, 32(18): 255-262. DOI:10.11975/j.issn.1002-6819.2016.18.035.
- [15] McGLONE V A, MARTINSEN P J, CLARK C J, et al. On-line detection of Brownheart in Breaburn apples using near infrared transmission measurements[J]. *Postharvest Biology and Technology*, 2005, 37(2): 142-151. DOI:10.1016/j.postharvbio.2005.04.011.
- [16] 韩东海, 刘新鑫, 鲁超, 等. 苹果内部褐变的光学无损检测研究[J]. *农业机械学报*, 2006, 37(6): 86-88. DOI:10.3969/j.issn.1000-1298.2006.06.022.
- [17] SHENDER EY C, SHMULEVICH I, ALCHANATIS V, et al. NIRS detection of moldy core in apples[J]. *Food Bioprocess Technology*, 2010, 3(1): 79-86. DOI:10.1007/s11947-009-0256-1.
- [18] 雷雨, 何东健, 周兆永, 等. 苹果霉心病可见/近红外透射能量光谱识别方法[J]. *农业机械学报*, 2016, 47(4): 193-200. DOI:10.6041/j.issn.1000-1298.2016.04.026.
- [19] ZHOU Zhaoyong, HE Dongjian, LEI Yu, et al. NIRS detection of moldy core in apples[J]. *International Journal of Agricultural and Biological Engineering*, 2016, 9(6): 148-155. DOI:10.3965/j.ijabe.20160906.2235.
- [20] BENGIO Y, DELALLEAU O. On the Expressive power of deep architectures[C]//*Proceedings of the 22nd International Conference on Algorithmic Learning Theory*. Espoo, Finland: Springer-Verlag, 2011: 18-36. DOI:10.1007/978-3-642-24412-4_3.
- [21] SALAKHUTDINOV R, HINTON G E. Deep boltzmann machines[C]//*Proceedings of the Twelfth International Conference on Artificial Intelligence and Statistics*. Florida, USA: ACM, 2009: 448-455.
- [22] BENGIO Y. Learning deep architectures for AI[J]. *Foundations and Trends in Machine Learning*, 2009, 2(1): 1-12.
- [23] HINTON G E. Training products of experts by minimizing contrastive divergence[J]. *Neural Computation*, 2002, 14(8): 1771-1800. DOI:10.1162/089976602760128018.
- [24] HINTON G, OSINDERO S, TEH Y. A fast learning algorithm for deep belief nets[J]. *Neural Computation*, 2006, 18(7): 1527-1554. DOI:10.1162/neco.2006.18.7.1527.
- [25] 王加华, 孙旭东, 潘璐, 等. 基于可见/近红外能量光谱的苹果褐腐病和水心鉴别[J]. *光谱学与光谱分析*, 2008, 28(9): 2098-2102. DOI:10.3964/j.issn.1000-0593(2008)09-2098-05.
- [26] 刘燕德, 周延睿, 潘圆媛. 基于最小二乘支持向量机的辣椒可溶性固形物和维生素C含量近红外光谱检测[J]. *光学精密工程*, 2014, 22(2): 281-288. DOI:10.3788/OPE.20142202.0281.
- [27] 岳学军, 全东平, 洪添胜, 等. 柑橘叶片叶绿素含量高光谱无损检测模型[J]. *农业工程学报*, 2015, 31(1): 294-302. DOI:10.3969/j.issn.1002-6819.2015.01.039.
- [28] 何东健, 陈煦. 基于光谱分析的土壤有机质含量田间实时测定方法[J]. *农业机械学报*, 2015, 46(3): 152-157. DOI:10.6041/j.issn.1000-1298.2015.03.021.