

黄良平, 杜泽丽, 范留军. 小波神经网络在玉米营养品质鉴定中的应用[J]. 江苏农业科学, 2020, 48(17): 225–228.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2020.17.045

小波神经网络在玉米营养品质鉴定中的应用

黄良平, 杜泽丽, 范留军

(郑州科技学院, 河南郑州 450064)

摘要:玉米是生态农业的关键农作物之一, 富含蛋白质、纤维素、脂肪等物质, 为实现优质玉米的培养, 需要对玉米营养品质进行快速鉴定。同时, 针对同一品种的玉米对不同频率的光会产生不同光谱响应数据的特点, 为实现利用光谱建模快速鉴定玉米营养品质的目的, 提出了基于 BP 神经网络的平均影响值 (BP_MIV) 光谱因子筛选方法。利用 BP_MIV 法筛选出对玉米营养品质贡献率大的波长对应的光谱响应数据列, 同时由于光谱测量过程中受到试验环境、仪器参数配置、光散射效应等因素的影响, 光谱响应数据中除包含玉米样品营养品质含量的信息外, 同时还存在各种噪音干扰, 因此, 对该响应数据进行小波去噪处理, 最后建立优选波长因子下的小波神经网络玉米营养品质鉴定预报模型。结果表明, 筛选出的波长因子能较好地代表众多光谱因子, 对玉米蛋白质的预报精度较传统的统计方法要高。

关键词:营养品质; BP_MIV; 贡献率; 小波去噪; 预报精度

中图分类号: TP183; S127 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2020)17-0225-04

河南省地处中原地区, 是人口大省, 也是我国重要的粮食产区。其中玉米又占其全部粮食产量的近 1/5。玉米的营养品质是指玉米中所含的蛋白质、纤维素、脂肪等各种营养成分。为实现优质玉米的培养, 首先要对玉米的营养品质进行快速鉴定。而光谱检测法^[1]是一种能快速检测物质成分含量的分析方法, 它根据物质的光谱响应特征来鉴别物质并确定化学组成和相对含量, 而光谱测量受到试验环境、仪器参数配置、光散射效应等因素的影响, 光谱响应数据中除了包含样品成分的信息, 同时还存在各种噪音干扰, 鉴于此, 引入了小波分析理论^[2-3]对这些响应值进行去噪处理。同时由于不同波长的光谱响应值之间必然存在包含或相关关系, 若把这些因子全部引入到预报模型中, 不但提高不了模型的预报精度, 反而会因超大的数据运算而对模型本身和计算机有很高的要求, 因此, 本研究提出了基于神经网络的平均影响值 (mean impact value based on BP, BP_MIV) 光谱因子筛选方法^[4]。最终利用该方法筛选出贡献率大的波长因子, 经小波去噪处理后建立基于小波神经网络的玉米营养品质鉴定模型, 并与传统的统计模型进行

比较。

1 不同波长下响应值的小波去噪

不同波长下测量得到的光谱响应数据主要反映的是玉米营养品质含量的信息, 同时也不可避免地包含有噪声信息, 其基本模型^[5]表示为

$$y_j = L_j' + \delta \cdot z_j. \quad (1)$$

式中: L_j' 表示原始信号的小波变换系数; δ 表示噪声级别; z_j 表示高斯白噪声, 且 $z_j \sim N(0, \sigma^2)$ 。

通过对式(1)中含噪声信号 y_j 进行去噪, 进而恢复原始信号 L_j' , 利用小波对不同波长下的不同玉米样品的响应值进行去噪, 主要分为 3 个步骤:

(1) 对各个波长下的不同玉米样品响应值进行分解。确定一个正交小波基函数后对含噪声信号 y_j 进行 N 尺度的小波分解。

(2) 高频系数的阈值选择。对各尺度下的高频信号设定一个合适的门限阈值, 通过含噪声信号的绝对值与所选定的阈值进行比较确定信号的取舍。本研究采用几乎硬阈值法对高频系数进行处理。

$$\tilde{x}_j = \begin{cases} \text{sng}(y_j) \sqrt{(|y_j|^2 - \delta^2)}, & |y_j| > \delta \\ 0, & |y_j| \leq \delta \end{cases}. \quad (2)$$

(3) 小波重构。利用几乎硬阈值法对高频信号 d_1, d_2, \dots, d_N 处理后得到的 d_1', d_2', \dots, d_N' 和第 N 层的低频系数 cd_N 进行一维信号的小波重构。

收稿日期: 2019-09-23

作者简介: 黄良平 (1987—), 男, 河南信阳人, 硕士, 助教, 主要从事测绘工程及地理信息系统应用研究。E-mail: 834835876@qq.com。

2 基于 BP_MIV 法的波长因子筛选

2.1 BP 神经网络基本理论

BP 神经网络(back propagation neural network)是一种非线性系统辨识工具,通过梯度下降的误差后向传播实现,具有结构简单、操作性强、快速实现模式识别和函数模拟等优点。通常网络有输入层、隐含层和输出层,网络模型结构见图 1。

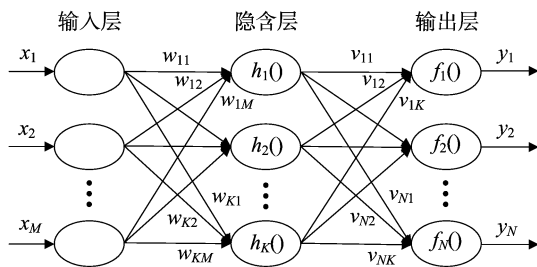


图1 BP神经网络模型结构

BP 模型结构图中隐含层 $h(\cdot)$ 为 sigmoid 函数;输出层 $f(\cdot)$ 为 Purlin 函数,即:

$$h(x) = \frac{1}{1 + e^x}; f(\cdot) = x. \quad (3)$$

BP 神经网络主要分 2 个阶段进行学习^[5-6]:

第 1 阶段(正向传播):输入层信息经过处理输给隐含层,并由隐含层输出:

$$H_k = h\left(\sum_{i=1}^M w_{ki} \times x_i - b1_k\right). \quad (4)$$

输出层计算各单元的输出值并输出:

$$O_n = f\left(\sum_{k=1}^K H_k \times w_{nk} - b2_k\right). \quad (5)$$

式中: w_{km} 、 w_{nk} 分别为隐含层-输入层权值、输出层-隐含层权值, $b1_k$ 、 $b2_k$ 为隐含层和输出层阈值。

第 2 阶段(反向传播):计算误差更新权重和阈值。误差计算:

$$e_n = Y_n - O_n.$$

式中: Y_n 为网络的期望输出。

更新权值和阈值计算:

$$w_{km} = w_{km} + \eta \times H_k (1 - H_k) \times x_i \times \sum_{n=1}^N w_{nk} \times e_n; \\ w_{nk} = w_{nk} + \eta \times H_k \times e_n. \quad (6)$$

$$b1_k = b1_k + \eta \times H_k (1 - H_k) \times \sum_{n=1}^N w_{nk} \times e_n; b2_k = b2_k + e_n. \quad (7)$$

式中: η 为学习因子。

2.2 BP_MIV 法对波长因子筛选

笼统地将所有波长因子下的玉米响应值纳入网络模型中,会使得模型运算耗时过长,甚至不能收敛,不利于提高模型的预报精度和可靠性^[7],因此要依据贡献率对这些波长因子进行剔除,而本研究采取基于 BP 神经网络的 MIV 法对因子进行筛选。基于 BP 神经网络的 MIV 法的基本思想:采用 214 种光波长在 4 000 ~ 10 000 cm^{-1} 范围内对 100 种玉米样品对应的光谱响应数据进行分析,同时采用生化方法精确检测出该 100 种玉米样品的蛋白质、纤维素、脂肪的含量。对光波 t 对应的 100 种玉米样品的响应数据分别加 10% 和减小 10%,其他光谱响应数据保持不变,得到 2 个数据样本 $P_{in}(t)$ 和 $P_{de}(t)$,分别进行 BP 神经网络训练得 $result_{in}(t)$ 和 $result_{de}(t)$,计算 2 次训练结果的差值并求平均值 $mean[result_{in}(t) - result_{de}(t)]$,直至 t 从波长 1 到波长 214,即 MIV_{-t} 。这 214 种光波长对玉米蛋白质含量的 MIV_{-t} 如图 2 所示。

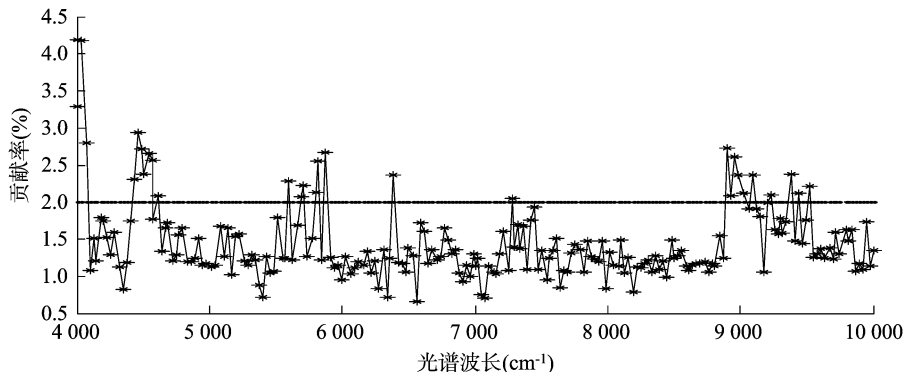


图2 214种光波对玉米蛋白质含量的贡献率分析

MIV_{-t} 值有正有负,其符号代表相关的方向,绝对值大小代表影响程度,图 2 是由 BP_MIV 算法运行 10 次,求得各次结果绝对值的平均值后作出的。可以看出,有 142 种波长对蛋白质含量的影响在

1.5% 以下,43 种波长贡献率在 1.5% ~ 2.0% 之间,29 种波长的贡献率在 2.0% 以上,且累计达 74%,较好地反映了波长与蛋白质含量贡献率的关系,因此选择这 29 种波长对应的光谱响应值进行建模。

这 29 种波长的 MIV_{-} 如表 1 所示。

3 建立玉米营养品质的 BP 神经网络预报模型

3.1 利用小波对光谱响应值进行去噪处理

采用 db6 小波函数对筛选出的 29 种波长下的光谱响应值进行尺度为 $j=3$ 的分解,各层的高频系数利用公式(2)去噪,最后应用 Mallat 快速重构算法获得光谱响应数据的滤波值。这 29 种波长对应的光谱响应数据滤波前后的信噪比(SNR)如表 2 所示。

由表 2 可知,经过 db6 小波滤波后 29 种光谱响应数据的信噪比均有所提高,滤波后的数据能更好地反映波长与玉米营养品质含量之间的关系。

表 1 29 种光波玉米蛋白质的贡献率

波长 (cm^{-1})	MIV	波长 (cm^{-1})	MIV	波长 (cm^{-1})	MIV
4 000	3.29	4 610	2.09	8 930	2.09
4 010	4.18	5 600	2.29	8 960	2.61
4 040	4.18	5 690	2.07	8 990	2.36
4 070	2.80	5 710	2.22	9 030	2.12
4 440	2.31	5 800	2.13	9 090	2.37
4 460	2.94	5 820	2.55	9 230	2.10
4 490	2.71	5 880	2.68	9 380	2.38
4 500	2.37	6 390	2.37	9 440	2.12
4 540	2.66	7 280	2.05	9 520	2.21
4 570	2.57	8 900	2.73		

表 2 29 种光谱响应数据滤波前后的信噪比

波长 (cm^{-1})	信噪比		波长 (cm^{-1})	信噪比		波长 (cm^{-1})	信噪比	
	原响应值	db6 率波		原响应值	db6 率波		原响应值	db6 率波
4 000	19.41	22.53	4 610	17.20	19.77	8 930	20.48	21.18
4 010	19.38	22.52	5 600	18.89	20.57	8 960	20.48	21.19
4 040	19.78	22.46	5 690	18.90	20.49	8 990	20.48	21.19
4 070	20.55	22.23	5 710	18.92	20.52	9 030	20.48	21.19
4 440	17.05	19.68	5 800	18.89	20.39	9 090	20.48	21.19
4 460	17.11	19.69	5 820	18.90	20.4	9 230	20.50	21.20
4 490	17.25	19.78	5 880	18.98	20.51	9 380	20.56	21.24
4 500	17.29	19.78	6 390	19.00	20.73	9 440	20.58	21.24
4 540	17.31	19.75	7 280	19.95	20.95	9 520	20.62	21.26
4 570	17.29	19.77	8 900	20.47	21.18	—	—	—

3.2 建立 BP 神经网络预报模型

筛选出 29 种波长对应的前 80 种样品的光谱响应数据训练样本,可见输入层神经元数为 29,根据高大启仿真经验公式^[8]得出隐含层神经元数为 10,输出层为蛋白质含量,从而构建 $29 \times 10 \times 1$ 的小波 BP_MIV 模型。利用构建的小波 BP_MIV 模型对后 20 种玉米样品的蛋白质含量进行预报,并与多元线性回归模型^[9]预报的结果进行比较,结果如表 3 所示。为更直观地反映 3 种模型的预报演结果,作残差图(图 3)。

由表 3 和图 3 可以看出,3 种模型对玉米蛋白质预报结果总体上均与生化方法实测值相符,3 种模型的均方根误差(RMSE)分别为 1.31、1.11、0.86 g;平均相对偏差(RAD)分别为 10%、8%、7%,表明基于 BP 网络的玉米蛋白质非线性拟合模型较多元线性回归模型预报的结果更稳定,且

精度更高;同时,经过 BP_MIV 预先筛选并利用小波去噪处理后所建立的小波 BP 网络模型的预报精度最高,大部分样品的蛋白质含量与实测值吻合。

4 结束语

本试验主要研究基于 BP 神经网络 MIV 光谱筛选方法,针对光谱响应值测量过程中存在的误差,利用小波进行去噪,最终建立具有较高贡献率波长因子的小波 BP 网络模型,并应用于玉米蛋白质含量的预报中,结果表明,小波 BP 网络模型在预报精度和算法收敛时间上均优于不做预先处理和因子筛选的 BP 网络模型,鉴于该模型在蛋白质含量预报中的高精度性,还可利用该模型预报玉米其他营养物质的含量,如脂肪、纤维素,进而为农作物的营养物质快速鉴定和预报提供一种思路。

表 3 3 种网络模型的蛋白质预报结果分析

g

样品	实测值	多元线性回归		BP 模型		小波 BP_MIV 模型	
		预测值	残差	预测值	残差	预测值	残差
81	11.0	11.4	-0.4	10.4	0.6	10.0	1.0
82	10.1	11.5	-1.4	10.0	0.1	9.9	0.2
83	10.6	11.4	-0.8	10.8	-0.2	9.9	0.7
84	11.4	11.0	0.4	12.1	-0.7	11.1	0.3
85	9.2	10.4	-1.2	9.7	-0.5	10.1	-0.9
86	12.4	10.0	2.4	12.1	0.3	11.8	0.6
87	10.1	10.8	-0.7	8.7	1.4	9.8	0.3
88	8.3	11.7	-3.4	8.7	-0.4	9.7	-1.4
89	11.6	10.7	0.9	11.0	0.6	10.8	0.8
90	10.5	10.6	-0.1	10.4	0.1	10.5	0.0
91	11.7	11.7	0.0	10.5	1.2	10.4	1.3
92	9.3	10.4	-1.1	8.5	0.8	10.4	-1.1
93	8.9	9.7	-0.8	8.2	0.7	8.3	0.6
94	10.4	9.5	0.9	9.6	0.8	10.3	0.1
95	8.6	9.2	-0.6	9.5	-0.9	10.3	-1.7
96	11.5	11.0	0.5	9.9	1.6	10.4	1.1
97	11.8	11.7	0.1	11.0	0.8	11.6	0.2
98	10.5	12.1	-1.6	12.3	-1.8	10.5	0.0
99	11.1	11.7	-0.6	9.6	1.5	10.4	0.7
100	11.6	9.3	2.3	8.7	2.9	10.4	1.2
RMSE		1.31		1.11		0.86	
RAD		10%		8%		7%	

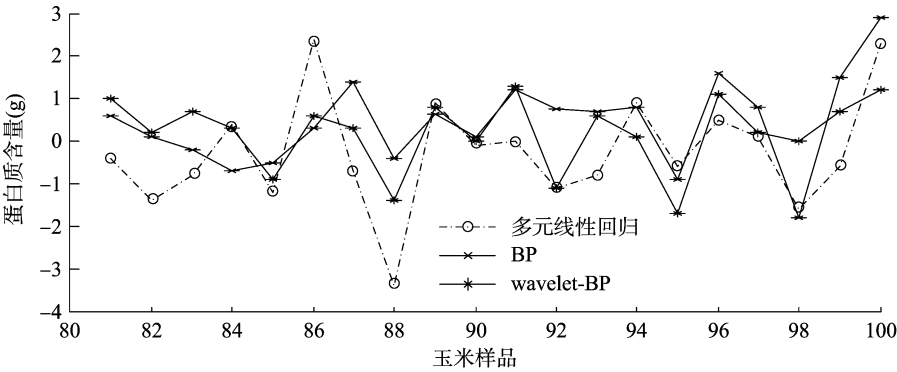


图3 3 种预报模型玉米蛋白质含量残差结果比较

参考文献:

[1]周 竹,李小昱,高海龙,等. 马铃薯干物质含量高光谱检测中变量选择方法比较[J]. 农业机械学报,2012,43(2):128-133.

[2]梁 亮,杨敏华,臧 卓. 基于小波去噪与SVR的小麦冠层含氮率高光谱测定[J]. 农业工程学报,2010,26(12):248-253.

[3]胡昌华,李国华,周 涛. 基于 MATLAB 7. X 的系统分析与设计——小波分析[M]. 西安:西安电子科技大学,2008.

[4]胡纪元,文鸿雁,周 吕,等. 基于 IPSO-BP 模型的大坝多源监测数据预报与反演[J]. 大地测量与地球动力学,2014,34(4):67-70.

[5]程正兴,杨守志,冯晓霞. 小波分析的理论、算法、进展与应用[M]. 北京:国防工业出版社,2007.

[6]谢国权,戚 蓝,曾新华. 基于小波和神经网络拱坝变形预测的组合模型研究[J]. 武汉大学学报(工学版),2006,39(2):16-19,27.

[7]苏 博,刘 鲁,杨方廷. GM(1,N)灰色系统与BP神经网络方法的粮食产量预测比较研究[J]. 中国农业大学学报,2006,11(4):99-104.

[8]高大启. 有教师的线性基本函数前向三层神经网络结构研究[J]. 计算机学报,1998,21(1):80-85.

[9]李 想,徐伟平,郭永田,等. 信息技术应用对农户农业经营收入的影响研究[J]. 中国农业科技导报,2014,16(1):172-181.