

鱼粉近红外光谱模型传递应用研究

郑一航^{1,2,3}, 宋涛^{1,2,3}, 张顺^{1,2,3}, 郭丽君^{1,2,3}, 张凤枰^{1,2,3*}

(1. 四川威尔检测技术股份有限公司, 四川 成都 610041; 2. 通威股份有限公司 水产畜禽营养与健康养殖农业农村部重点实验室, 四川 成都 610093; 3. 通威股份有限公司 水产健康养殖四川省重点实验室, 四川 成都 610093)

摘要: 为探讨光栅型与傅里叶变换型近红外分析仪之间模型传递的应用效果, 选取国产鱼粉为近红外光谱样本, DS2500F型近红外分析仪为源仪器, MPA型近红外分析仪为目标仪器, 采用分段直接校正(PDS)方法实现近红外光谱传递。分别建立水分、粗蛋白质、粗脂肪、蛋氨酸和赖氨酸等组分的预测模型, 通过交互验证决定系数(R_{cv}^2)、交互验证标准误差(RMSECV)、马氏距离(MD)、系统偏差(Bias)、预测均方根误差(RMSEP)和相对分析误差(RPD)等参数, 多维度评估光谱传递后所建预测模型的效果。结果表明, DS2500F仪器的近红外光谱传递到MPA型仪器时, 所建国产鱼粉的水分、粗蛋白质、粗脂肪、蛋氨酸、赖氨酸的预测模型与MPA型仪器原始预测模型各参数对比无显著差异, 预测效果基本一致, 说明国产鱼粉在DS2500F仪器上的近红外光谱通过传递可以替代MPA型仪器的原始光谱, 间接实现了模型传递, 且具有良好的适用性和共享性, 可提高近红外预测模型的应用效率。

关键词: 近红外光谱; 鱼粉; 预测模型; 光谱传递; 模型传递

中图分类号: O657.33; S816.2 文献标识码: A 文章编号: 1004-4957(2020)11-1378-07

Spectral Transfer of Near-infrared Spectrometric Model for Fish Meal

ZHENG Yi-hang^{1,2,3}, SONG Tao^{1,2,3}, ZHANG Shun^{1,2,3}, GUO Li-jun^{1,2,3}, ZHANG Feng-ping^{1,2,3*}

(1. Sichuan Willtest Technology Co. Ltd., Chengdu 610041, China; 2. Key Laboratory of Aquatic, Livestock, Poultry Nutrition and Healthy Culturing, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Tongwei Co. Ltd., Chengdu 610093, China; 3. Key Laboratory of Aquatic Healthy Aquaculture of Sichuan Province, Tongwei Co., Ltd., Chengdu 610093, China)

Abstract: In order to investigate the feasibility of spectral transfer between near-infrared spectrometric (NIRS) models of grating type and Fourier transform near infrared analyzer, the spectral transfer of original spectrum was performed by piecewise direct standardization (PDS) method, with domestic fish meal as the NIRS sample, DS2500F as the source instrument and MPA as the target one. The NIRS quantitative analysis prediction models for moisture, crude protein, crude fat, methionine and lysine were established, whose spectrum difference, applicability and accuracy were verified by correlation coefficient of cross validation (R_{cv}^2), root mean square error of cross validation (RMSECV), Mahalanobis distance (MD), bias, root mean square error of prediction (RMSEP) and relative prediction deviation (RPD), respectively. According to the verification and evaluation results, the various parameters of the prediction models established for moisture, crude protein, crude fat, methionine and lysine were not significantly different from the NIR spectrum of DS2500F instrument transferring to the target spectrum of MPA instrument. It showed that the NIR spectrum of domestic fish meal on the DS2500F instrument could be used to replace the original MPA spectrum by transmission, and model transfer was thus realized indirectly, which improved the application efficiency of NIR prediction model with good shareability and applicability.

Key words: near-infrared spectroscopy; fish meal; predictive model; spectral transfer; model transfer

鱼粉是全鱼或分割的鱼体经蒸煮、压榨、干燥、粉碎获得的产品, 具有蛋白质含量高、适口性好等特点, 富含赖氨酸、蛋氨酸等必需氨基酸, 且磷、钙和硒含量高, 是水产饲料最重要的蛋白原料。

收稿日期: 2020-07-14; 修回日期: 2020-08-08

基金项目: 四川省青年科技创新研究团队专项计划项目(2019JDTD0025)

* 通讯作者: 张凤枰, 博士, 教授级高工, 研究方向: 饲料、农产品和食品质量安全, E-mail: fengpingzhang@163.com

鱼粉质量直接影响水产饲料的品质和养殖效果, 因此加强鱼粉营养成分分析对于把控水产饲料品质至关重要。采用传统化学分析方法检测其营养组分耗时耗力, 效率较低, 很难满足现代饲料生产的要求。与传统化学分析技术相比, 近红外光谱(Near-infrared spectroscopy, NIRS)分析技术在分析速度、检测成本、易操作性、掺假识别能力等主要检测性能方面具有显著优势, 已被饲料企业广泛应用于饲料原料品质的快速测定^[1-5]。在实际应用中, 建立可靠的预测模型是近红外光谱分析技术成功应用的前提和关键, 而建模需要大量具有代表性且化学值已知的样品, 对于存在不同型号近红外分析仪的应用场景, 则具有投入大、耗时长、成本高的不足。因此, 建立良好的 NIRS 定量分析预测模型并能实现不同型号近红外分析仪间的传递共享显得尤为重要。

国内外学者已在农业^[6-10]、工业^[11-12]和模型传递方法^[13-15]等不同领域开展了模型转移研究, 取得了良好效果, 但有关鱼粉营养成分 NIRS 预测模型传递的研究却很少。本文通过开展国产鱼粉营养成分预测模型在不同型号近红外分析仪之间的传递研究, 旨在为饲料生产企业进行近红外分析仪升级换代提供依据, 降低近红外分析仪的运行成本, 提高使用效率。

1 实验部分

1.1 样品采集与制备

采集 2019~2020 年国产鱼粉样品 150 个, 样品来自通威股份有限公司华东、华南、华西、华北、华中等地区饲料分公司。所有样品均采用 FW100 型高速万能粉碎机(天津市泰斯特仪器有限公司)粉碎, 过 40 目筛, 混合均匀, 装入密闭容器中于 2~4 °C 保存。其中每个片区各抽取 87% 为校正集样品, 13% 为外部验证集样品(见表 1)。

表 1 国产鱼粉样品来源
Table 1 Source of domestic fish meal samples

Area	North	East	West	South	Central	Total
Correction	23	21	18	57	11	130
Verification	4	3	3	8	2	20
Total	27	24	21	65	13	150

1.2 营养组分含量分析

水分: GB/T 6435-2014 直接干燥法^[16], 101-1AB 型电热鼓风干燥箱(北京中兴伟业仪器有限公司); 粗蛋白质: GB/T 6432-2018^[17], Kjeltac 2300 全自动凯氏定氮仪(丹麦 FOSS 公司); 粗脂肪: GB/T 6433-2006^[18], Soxtec 2055 脂肪测定仪(丹麦 FOSS 公司); 氨基酸: GB/T 18246-2000 酸水解法^[19], S-433D 全自动氨基酸分析仪(德国 SYKAM 公司)。

每种化学组分含量检测均做双平行试验, 以 2 次实验结果的算术平均值为最终测定结果。

1.3 近红外光谱数据采集

取出国产鱼粉样品置于室温下平衡 24 h, 分别用 MPA 型近红外分析仪(德国 Bruker 公司, 简称 MPA)、DS2500F 型近红外分析仪(丹麦 FOSS 公司, 简称 2500F)采集近红外光谱数据, 每个样品均扫描 2 次, 取其平均光谱。主要参数见表 2。

表 2 近红外分析仪的主要参数
Table 2 Instrument parameters of near-infrared spectrometer

Instrument model	Measuring type	Wavenumber range	Detector	Resolution
MPA	Fourier transform	10 000~4 000 cm ⁻¹	PbS	16 cm ⁻¹
DS2500F	Raster	850~2 500 nm	Si(850~1 100 nm) PbS(1 100~2 500 nm)	0.5 nm

1.4 近红外光谱差异分析与转换

以 MPA 型近红外分析仪为目标仪器, DS2500F 型近红外分析仪为源仪器, 样品经两种仪器扫描获得近红外光谱后需研究两者的差异性。欧式距离(D)能直观定量反映不同仪器间的光谱差异性大小^[20], 计算公式如下:

$$D = \sqrt{\sum_{k=1}^m (A_{sk} - \bar{A}_k)^2} \quad (1)$$

式中, $k=1, 2, 3, \dots, m$; k 为波长点数; s 为待计算光谱的条数; A_{sk} 为源仪器所采集的第 s 条光谱在第 k 个波长点数的吸光度值; \bar{A}_k 为目标仪器采集的所有样品的平均光谱在第 k 个波长点数的吸光度值。

由于两种型号的仪器测量原理不同, 近红外光谱格式不一致, 根据 $1 \text{ nm} = 10^7/\text{cm}^{-1}$ 进行对等换算, 利用 OPUS 软件将 FOSS 近红外光谱转换为 Bruker 格式, 并用 OPUS 软件中剪切功能将转换为 Bruker 格式的 FOSS 光谱截取波段 ($10\ 000 \sim 4\ 000 \text{ cm}^{-1}$), 使之与 Bruker 原始光谱波段范围一致。

1.5 近红外光谱传递方法

本文将光栅型近红外分析仪 (2500F) 光谱传递到傅里叶变换近红外分析仪 (MPA), 采用分段直接校正 (Piecewise direct standardization, PDS) 方法进行模型传递^[21]。PDS 算法是一种多元光谱标准化方法, 通过传递矩阵系数 b 将源仪器光谱矩阵 A_s 转换成目标仪器光谱矩阵 A_m , 减小 A_s 与 A_m 之间的差异, 使二者匹配。其中矩阵系数 b 为源、目标仪器光谱下的响应差异。

PDS 算法具体步骤为:

(1) 对应于目标仪器标样光谱矩阵 $A_{ms,i}$, 在源仪器标样光谱矩阵 A_{ss} 选取窗口为 $(k+j+1)$ 大小的光谱段 $A_{ss,k+j+1}$, 组成矩阵 $A_{s,i} = [A_{ss,i-j}, A_{ss,i-j+1}, \dots, A_{ss,i+k-1}, A_{ss,i+k}]$ 。

(2) 将 $A_{ms,i}$ 与 $A_{s,i}$ 进行关联, $A_{ms,i} = A_{s,i} b_i$, 转换系数 b_i 可由主成分回归法 (Principal component regression, PCR) 或偏最小二乘法 (Partial least squares, PLS) 求出。

(3) 循环 i 求出所有的 b_i , $i=1, 2, \dots, m$, m 为波长点数。

(4) 对源仪器校正集光谱 $A_{s,un}$ 经固定窗口分段, 由转换系数 b_i 循环得到与目标仪器 $A_{m,un}$ 相一致的光谱 $A_{s,un}^p$ 。对于 $A_{s,un}$ 两端, 窗口大小的波长范围 (1 to j and $m-k$ to m) 不能转换, 一般舍去, 也可通过外推法获得。

式中 $A_{ms,i}$ 为目标仪器的标准光谱矩阵; k, j 分别代表与 i 波长点的前后间隔。

1.6 预测模型建立与评价

近红外光谱易受仪器类型、环境条件、样品状态和装样方式等因素影响, 参考国内外近红外建模文献^[22-25], 采用标矢量归一化、多元散射处理、导数处理和平滑间隔处理等光谱预处理方法可消除光谱信号的基线漂移、随机噪音及颗粒度不均匀造成的影响。本文利用 OPUS 7.8 版本软件建立预测模型, 通过对比多种光谱预处理方法的效果选择最优的光谱预处理方法, 同时根据主成分分析计算马氏距离 (Mahalanobis distance, MD), 剔除超出马氏距离阈值的异常光谱。采用 PLS 法, 以内部交互验证的方式建立定标模型, 剔除预测值与化学值的绝对差大于定标平均误差 2 倍的化学异常值, 以最高交互验证决定系数 (Correlation coefficient of cross validation, R_{cv}^2)、最低交互验证标准误差 (Root mean square error of cross validation, RMSECV) 确定最佳定标模型。

分别用化学分析法和建立的近红外模型测定外部验证样品, 首先根据样品光谱的 MD 对模型光谱匹配度做判断, 当外部样品光谱 MD_t 大于定标 MD_v 阈值 ($MD_t > MD_{v,max}$) 时, 光谱报警, 表明外部样品与定标模型的光谱匹配度低, 则预测模型不可用; 当 $MD_t \leq MD_{v,max}$ 时, 表明光谱匹配度高, 预测模型可用; 再采用预测均方根误差 (Root mean square error of prediction, RMSEP) 和相对分析误差 (Relative prediction deviation, RPD) 对预测模型的准确度做进一步判断, 当 $RPD > 3$ 时, 模型的预测效果良好; 当 $2.25 \leq RPD \leq 3$ 时, 模型的预测效果基本可用; 当 $RPD < 2.25$ 时, 模型不可用^[26-27]。

2 结果与讨论

2.1 国产鱼粉营养成分含量的化学分析结果

按照上述方法测定国产鱼粉样品的营养成分含量, 校正集、外部验证集样品的水分、粗蛋白质、粗脂肪、蛋氨酸、赖氨酸测定结果见表 3。

表3 国产鱼粉样品营养成分含量的测定结果

Table 3 Determination results of nutrient contents of domestic fish meal samples

Component	Sample	Quantity	Min(%)	Max(%)	Average(%)	SD(%)
Moisture	Correction	130	5.44	9.80	7.75	0.85
	Verification	20	6.94	9.72	7.79	0.68
Crude protein	Correction	130	60.42	68.46	64.75	1.57
	Verification	20	63.01	67.52	65.15	1.40
Crude fat	Correction	130	6.04	13.62	9.17	1.64
	Verification	20	8.06	11.06	9.62	0.71
Methionine	Correction	130	1.65	2.11	1.85	0.17
	Verification	20	1.73	2.07	1.87	0.09
Lysine	Correction	130	4.23	5.45	4.80	0.46
	Verification	20	4.53	5.34	4.89	0.23

2.2 国产鱼粉的原始光谱与传递光谱

按照上述仪器参数扫描国产鱼粉校正集样品, 分别获得 MPA 和 2500F 仪器的原始 NIR 光谱, 并将 2500F 仪器的 NIR 光谱格式转换为 Bruker 格式(以下 2500F 原始 NIR 光谱均为仅转换为 Bruker 格式的光谱)。选取 10 个具有代表性的国产鱼粉样品分别在 2500F 和 MPA 仪器上扫描获得标准光谱, 利用 OPUS 软件的建立转移模型功能, 经反复测试选择最佳窗口为 7, 建立 2500F 仪器的 NIR 光谱传递到 MPA 仪器的方法(PDS 方法)。

由于 MPA 和 2500F 的测量原理、检测器、波数精度不同, MPA 原始 NIR 光谱的吸光度明显高于 2500F 原始 NIR 光谱, 与 2500F 传递到 MPA 仪器上的 NIR 光谱吸光度基本一致(见图 1)。图 2 为 2500F 仪器 NIR 光谱和 2500F 传递到 MPA 仪器上 NIR 光谱分别与 MPA 仪器原始 NIR 光谱平均光谱间的欧式距离差异分布情况, 原始光谱均经过归一化处理。由图 2 可知, MPA 原始 NIR 光谱与 2500F 传递到 MPA 仪器上 NIR 光谱的欧式距离在 0.01 范围内, 与 2500F 仪器 NIR 光谱的欧式距离在 0.02~0.10 范围内, 前者较后者的差异小。表明 MPA 与 2500F 的原始 NIR 光谱匹配度低, 与传递后的 NIR 光谱匹配度高, 即相似度高。说明实现 2500F 和 MPA 仪器的预测模型共享具有可行性。

2.3 国产鱼粉预测模型的建立

按照上述方法对 MPA 原始 NIR 光谱的水分、粗蛋白质、粗脂肪、蛋氨酸和赖氨酸进行建模, 波段选择范围均为 10 000~4 000 cm^{-1} , 各预测模型的参数见表 4。由表 4 可知, 选择矢量归一化+一阶导数(VN+1st DER)、平滑点 17 为最佳光谱预处理方法, 剔除光谱和化学异常值建立原始预测模型, 同理建立 2500F 原始预测模型和 2500F 传递到 MPA 上 NIR 光谱的预测模型。

由表 4 可以看出, 3 种 NIRS 光谱建立的预测模型对水分的 R_{cv}^2 为 96.99~97.98, RMSECV 为 0.119~0.140; 粗蛋白质的 R_{cv}^2 为 87.91~92.11, RMSECV 为 0.334~0.389; 粗脂肪的 R_{cv}^2 为 87.47~90.81, RMSECV 为 0.215~0.268; 蛋氨酸的 R_{cv}^2 为 78.23~82.60, RMSECV 为 0.028~0.031; 赖氨酸的 R_{cv}^2 为 89.43~90.86, RMSECV 为 0.061~0.067。经过最佳光谱预处理的 3 种光谱所建预测模型的相关性(R_{cv}^2)基本一致; 除 2500F 的粗蛋白质组分 RMSECV 值略高于其他两个预测模型外, 其他组分 3 种预测

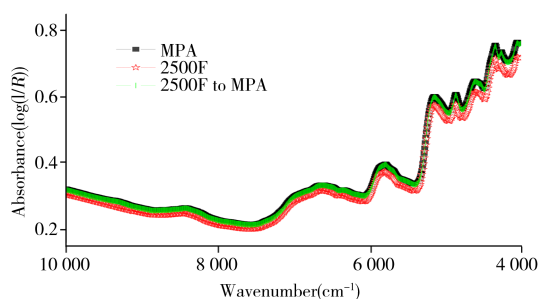


图1 MPA、2500F、2500F 传递到 MPA 样本的平均光谱图对比

Fig. 1 Comparison of average spectrum of MPA, 2500F and 2500F transferred to MPA samples

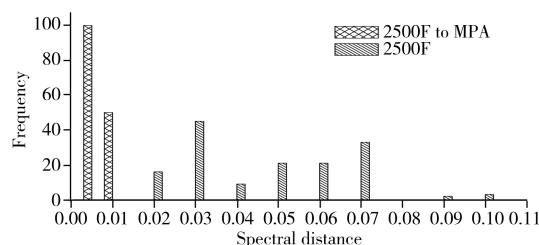


图2 2500F、2500F 传递到 MPA 的平均 NIR 光谱与 MPA 的欧式距离差异分布

Fig. 2 Euclidean distance of average spectrum of MPA, 2500F and 2500F transferred to MPA samples

模型的 RMSECV 均基本一致。

表 4 3 种 NIR 光谱所建预测模型的参数
Table 4 Parameters of prediction models established by three kinds of NIR spectra

Component	Spectral source	Spectral preprocessing	Smooth	Factor	R_{cv}^2	RMSECV	$MD_{v,max}$	
Moisture	MPA	VN	17	7	97.69	0.128	0.23	
		1 st DER	17	4	97.03	0.140	0.12	
		2 nd DER	17	4	96.99	0.136	0.13	
		VN + 1 st DER	17	5	97.91	0.119	0.16	
		VN + 1 st DER	17	5	97.98	0.119	0.16	
Crude protein	2500F to MPA	VN + 1 st DER	17	5	97.96	0.123	0.16	
		MPA	VN	17	6	91.39	0.372	0.25
		1 st DER	17	4	89.98	0.357	0.21	
		2 nd DER	17	3	87.91	0.361	0.16	
		VN + 1 st DER	17	3	92.11	0.334	0.17	
Crude fat	2500F to MPA	VN + 1 st DER	17	3	89.07	0.389	0.17	
		MPA	VN	17	6	87.47	0.268	0.21
		1 st DER	17	5	88.57	0.250	0.19	
		2 nd DER	17	4	88.93	0.252	0.14	
		VN + 1 st DER	17	5	90.81	0.227	0.17	
Methionine	2500F to MPA	VN + 1 st DER	17	5	89.45	0.258	0.19	
		MPA	VN	17	3	80.80	0.031	0.17
		1 st DER	17	3	78.23	0.029	0.17	
		2 nd DER	17	3	81.35	0.028	0.15	
		VN + 1 st DER	17	2	81.55	0.029	0.12	
Lysine	2500F to MPA	VN + 1 st DER	17	2	80.35	0.030	0.12	
		MPA	VN	17	7	90.15	0.063	0.32
		1 st DER	17	6	90.12	0.066	0.20	
		2 nd DER	17	4	89.95	0.067	0.17	
		VN + 1 st DER	17	4	90.19	0.063	0.16	
	2500F to MPA	VN + 1 st DER	17	8	89.43	0.067	0.28	
		VN + 1 st DER	17	8	90.86	0.061	0.28	

* VN: vector normalization; 1st DER: 1st derivative(一阶导数); 2nd DER: 2nd derivative(二阶导数)

2.4 外部样品集验证

衡量预测模型效果的统计参数除了 R_{cv}^2 和 RMSECV 外, 最关键的是通过外部样品集验证预测模型是否报警 ($MD_i > MD_{v,max}$)、系统偏差 (Bias)、预测均方根误差 (RMSEP) 和相对分析误差 (RPD) 确定模型的适用性和精确度。取 20 个国产鱼粉验证集样品, 用 MPA 仪器扫描样品以验证 3 种光谱所建预测模型的效果, 各参数见表 5。

由表 5 可知, 外部样品验证 MPA 预测模型时, 仅粗脂肪和赖氨酸各有 1 个样品报警 ($MD_i > MD_{v,max}$), 其他均未报警 ($MD_i \leq MD_{v,max}$); 2500F 预测模型基本全部报警, 不能应用于日常分析, 主要原因是两种仪器的测量参数不同, 导致两种原始 NIR 光谱的匹配度较低; 2500F 光谱传递到 MPA 仪器上所建的 NIR 预测模型, 仅粗脂肪有 3 个样品报警, 其他均未报警, 表明通过 PDS 方法传递的光谱与 MPA 基本一致, 再次说明 2500F 传递到 MPA 仪器的 NIR 光谱与 MPA 仪器的匹配度较高。由于 2500F 预测模型在 MPA 仪器上不能应用于日常分析, 因此只能通过光谱传递实现模型共享, 且无需统计 2500F 预测模型的其他验证参数。通过 Bias 和 RMSEP 来看, MPA 原始预测模型和 2500F 传递到 MPA 仪器上 NIR 光谱所建模型的预测效果基本一致; 通过 RPD 来看, 两种预测模型除了蛋氨酸组分基本可用 ($2.25 \leq RPD \leq 3$) 外, 其他组分的预测效果均良好 ($RPD > 3$)。综上, 2500F 仪器的 NIR 光谱传递到 MPA 后, 所建国产鱼粉的水分、粗蛋白质、粗脂肪、蛋氨酸、赖氨酸预测模型可以替代 MPA 原始预测模型。

表5 外部样品验证3种预测模型的参数
Table 5 Parameters of external samples verified by three kinds of predictive models

Component	Model source	Alarm sample	Bias	RMSEP	RPD
Moisture	MPA	0	-0.02	0.12	6.91
	2500F	20	- *	-	-
	2500F to MPA	0	-0.06	0.16	7.00
Crude protein	MPA	0	-0.07	0.57	3.56
	2500F	20	-	-	-
	2500F to MPA	0	0.17	0.62	3.30
Crude fat	MPA	1	0.17	0.31	3.30
	2500F	19	-	-	-
	2500F to MPA	3	0.22	0.43	3.11
Methionine	MPA	0	0.00	0.06	2.33
	2500F	20	-	-	-
	2500F to MPA	0	0.00	0.06	2.40
Lysine	MPA	1	0.00	0.12	3.19
	2500F	20	-	-	-
	2500F to MPA	0	0.09	0.13	3.31

* not counted(未统计)

3 结 论

本文采用PDS方法将2500F近红外分析仪上鱼粉的NIR光谱传递到MPA近红外分析仪上,建立了水分、粗蛋白质、粗脂肪、蛋氨酸、赖氨酸等组分的预测模型,通过评价传递模型的效果,探讨了光栅型与傅里叶变换型近红外分析仪之间模型传递的可行性以及PDS方法传递模型的适用性。从定标模型交互验证决定系数(R_{cv}^2)、交互验证标准误差(RMSECV)、马氏距离(MD)、系统偏差(Bias)、预测均方根误差(RMSEP)和相对分析误差(RPD)等参数来看,2500F仪器NIR光谱传递到MPA仪器上所建国产鱼粉的水分、粗蛋白质、粗脂肪、蛋氨酸、赖氨酸预测模型与MPA原始预测模型的预测效果基本一致,适用于日常分析。光栅型近红外分析仪(DS2500F)和傅里叶变换近红外分析仪(MPA)可以实现预测模型传递共享,极大地降低了建模成本,提高了建模效率及运用率。

参考文献:

- [1] Páscoa R N M J, Porto P A L S, Cerdeira A L, Lopes J A. *Talanta*, **2020**, 214: 120852.
- [2] Yang Z L, Yang Q K, Shen G H, Mei J Q, Huang Y P, Han L J. *Trans. Chin. Soc. Agric. Mach.* (杨增玲, 杨钦楷, 沈广辉, 梅佳琪, 黄圆萍, 韩鲁佳. 农业机械学报), **2019**, 50(8): 358-363, 371.
- [3] Feng D, Teng Z W, Liang M J, Gao T Y. *Chin. J. Anim. Nutr.* (冯豆, 滕战伟, 梁美娟, 高腾云. 动物营养学报), **2018**, 30(11): 4349-4356.
- [4] Chu X L, Shi Y Y, Chen B, Li J Y, Xu Y P. *J. Instrum. Anal.* (褚小立, 史云颖, 陈瀑, 李敬岩, 许育鹏. 分析测试学报), **2019**, 38(5): 603-611.
- [5] Hu R W, Yu Y, Ni M L, Yu J, Zhou J W, Zhu C, Li Z M. *Food Sci.* (胡仁伟, 俞玥, 倪明龙, 俞娇, 周俊伟, 朱诚, 李占明. 食品科学), **2020**, 41(6): 298-303.
- [6] Li T R, Liu C L, Wei L N, Wu J Z, Sun X R. *J. Chin. Cereals Oils Assoc.* (李天瑞, 刘翠玲, 位丽娜, 吴静珠, 孙晓荣. 中国粮油学报), **2018**, 33(1): 118-124, 139.
- [7] Ding K, Zhang Y J, Shen G H, Yu X L, Yang Z L, Liu X. *Spectrosc. Spectral Anal.* (丁柯, 张月敬, 沈广辉, 于贤龙, 杨增玲, 刘贤. 光谱学与光谱分析), **2016**, 36(5): 1334-1339.
- [8] Xin X W, Gong H L, Ding X Q, Zeng J X, Liu Q Y. *Spectrosc. Spectral Anal.* (信晓伟, 宫会丽, 丁香乾, 曾建新, 刘奇燕. 光谱学与光谱分析), **2017**, 37(12): 3709-3713.
- [9] Lancelot E, Courcoux P, Chevallier S, Le-Bail A, Jaillais B. *J. Near Infrared Spectrosc.*, **2020**, 28(3): 140-147.
- [10] Liu C L, Li T R, Wei L N, Xu Y Y, Wu J Z. *Spectrosc. Spectral Anal.* (刘翠玲, 李天瑞, 位丽娜, 徐莹莹, 吴静珠. 光谱学与光谱分析), **2017**, 37(10): 3042-3050.
- [11] Wu L J, Wang B X, Zhang L, Duan R M, Gao R, Yin Y F, Liu X R T, Bai X L. *J. Near Infrared Spectrosc.*, **2020**, 28(3): 153-162.
- [12] Wang Y H, Hu W Y, Song P F, Shu R X, Yang K, Wang L P, Zhao L L, Li J H. *Spectrosc. Spectral Anal.* (王宇恒, 胡文雁, 宋鹏飞, 束茹欣, 杨凯, 王蓓萍, 赵龙莲, 李军会. 光谱学与光谱分析), **2019**, 39(3): 964-968.
- [13] Shi Y Y, Li J Y, Chu X L. *Chin. J. Anal. Chem.* (史云颖, 李敬岩, 褚小立. 分析化学), **2019**, 47(4): 479-487.

- [14] Zhang J, Cai W S, Shao X G. *Prog. Chem.* (张进, 蔡文生, 邵学广. 化学进展), **2017**, 29(8): 902 – 910, 903.
- [15] Zhang J, Guo C, Cui X Y, Cai W S, Shao X G. *Anal. Chim. Acta*, **2019**, 1050: 25 – 31.
- [16] GB/T 6435 – 2014. Determination of Moisture in Feedstuffs. National Standards of the People's Republic of China(饲料中水分的测定. 中华人民共和国国家标准).
- [17] GB/T 6432 – 2018. Determination of Crude Protein in Feeds—Kjeldahl Method. National Standards of the People's Republic of China(饲料中粗蛋白的测定——凯氏定氮法. 中华人民共和国国家标准).
- [18] GB/T 6433 – 2006. Determination of Crude Fat in Feeds. National Standards of the People's Republic of China(饲料中粗脂肪的测定. 中华人民共和国国家标准).
- [19] GB/T 18246 – 2000. Determination of Amino Acids in Feeds. National Standards of the People's Republic of China(饲料中氨基酸的测定. 中华人民共和国国家标准).
- [20] Duan R L, Liu T X, Zhang S W, Duan L M, Tian J, Wang Z P, Tian B. *Arid Area Res.* (段瑞鲁, 刘廷玺, 张圣微, 段利民, 田晶, 王兆葡, 田波. 干旱区研究), **2014**, 31(4): 750 – 755.
- [21] Chu X L, Yuan H F, Lu W Z. *Spectrosc. Spectral Anal.* (褚小立, 袁洪福, 陆婉珍. 光谱学与光谱分析), **2001**, 21(6): 881 – 885.
- [22] Han L, Cui X Y, Cai W S, Shao X G. *Talanta*, **2020**, 217: 121036.
- [23] Song T, Song J, Liu Y M, Mi X L, Rao J Y, Zhao Y, Fan X L. *Food Sci.* (宋涛, 宋军, 刘耀敏, 米学林, 饶瑾瑜, 赵艳, 范秀丽. 食品科学), **2015**, 36(24): 260 – 264.
- [24] Wang Y S, Li J, Wang B, Zhang Y T, Geng J L. *Chin. J. Anim. Nutr.* (王勇生, 李洁, 王博, 张宇婷, 耿俊林. 动物营养学报), **2020**, 32(3): 1353 – 1361.
- [25] Xu G T, Yuan H F, Lu W Z. *Spectrosc. Spectral Anal.* (徐广通, 袁洪福, 陆婉珍. 光谱学与光谱分析), **2000**, 20(2): 7 – 15.
- [26] Williams P C, Sobering D C. *J. Near Infrared Spectrosc.*, **1993**, 1: 25 – 32.
- [27] Malley D F, McClure C, Martin P D. *Commun. Soil Sci. Plant Anal.*, **2005**, 36(4/6): 455 – 475.

(责任编辑: 丁 岩)