

# 优化 BP 神经网络提高高光谱检测调理鸡肉菌落总数精度

王浩云<sup>1,2</sup>, 宋进<sup>1</sup>, 潘磊庆<sup>3</sup>, 袁培森<sup>1</sup>, 郭振环<sup>4</sup>, 徐焕良<sup>1,2\*</sup>

(1. 南京农业大学信息科学技术学院, 南京 210095; 2. 南京农业大学农业工程博士后流动站, 南京 210031;  
3. 南京农业大学食品科技学院, 南京 210095; 4. 江苏益客食品集团股份有限公司, 宿迁 223800)

**摘要:** 针对调理鸡肉菌落总数在贮藏期间易受到外界因素影响, 提出了一种优化反向传播(back propagation, BP)神经网络的调理鸡肉菌落总数预测方法。以贮藏在 4℃ 条件下的调理鸡肉为研究对象, 采集其表面 400~1 000 nm 高光谱信息共计 419 个波段作为全波段, 并利用竞争性自适应重加权(competitive adaptive reweighted sampling, CARS)算法筛选出 34 个特征波段, 分别以全波段和特征波段对应的光谱值作为 BP 神经网络输入, 采用鸟群算法(bird swarm algorithm, BSA)和免疫算法(immune algorithm, IA)优化 BP 神经网络的初始权重和阈值, 建立调理鸡肉菌落总数的 BP、BSA-BP、IA-BP、BSA-IA-BP 预测模型。试验结果表明: 经过 CARS 筛选特征波长的 BSA-IA-BP 模型预测效果最佳, 预测集相关系数  $R_p$ 、均方根误差、剩余预测偏差分别为 0.93、0.31 lg(CFU/g)、2.68, 且模型稳定性最好。该研究为基于 BP 神经网络实现调理鸡肉菌落总数快速无损检测提供了算法支撑和理论基础。

**关键词:** 高光谱; 图像处理; 调理鸡肉; 菌落总数; 鸟群算法; 免疫算法

doi: 10.11975/j.issn.1002-6819.2020.05.035

中图分类号: TS217

文献标志码: A

文章编号: 1002-6819(2020)-05-0302-08

王浩云, 宋进, 潘磊庆, 袁培森, 郭振环, 徐焕良. 优化 BP 神经网络提高高光谱检测调理鸡肉菌落总数精度[J]. 农业工程学报, 2020, 36(5): 302—309. doi: 10.11975/j.issn.1002-6819.2020.05.035 http://www.tcsae.org

Wang Haoyun, Song Jin, Pan Leiqing, Yuan Peisen, Guo Zhenhuan, Xu Huanliang. Improving hyperspectral detection accuracy of total bacteria in prepared chicken using optimized BP neural network[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering (Transactions of the CSAE), 2020, 36(5): 302—309. (in Chinese with English abstract) doi: 10.11975/j.issn.1002-6819.2020.05.035 http://www.tcsae.org

## 0 引言

调理肉制品是以畜禽肉为主要原料, 经过多种复杂加工工艺, 在冷藏或冻藏条件下贮藏, 食用前需经简单加工的风味生肉制品。随着食品冷链的完善和人们消费观念的改变, 营养、安全、方便的调理肉制品越来越受消费者青睐<sup>[1]</sup>。但是调理肉制品由于生产工艺复杂, 加工中极易受微生物污染, 即使在低温冷链储运过程中, 假单胞菌也会生长繁殖<sup>[2]</sup>。微生物的大量滋生会导致调理肉制品腐败变质, 营养价值受到影响, 同时也给消费者健康带来极大隐患。目前肉品中菌落总数的测定主要采用平板计数法<sup>[3]</sup>, 该方法测量准确度高, 但存在检测周期长、样品破坏大等问题。随着技术的进步, 产生了一批新兴技术如三磷酸腺苷(adenosine triphosphate, ATP)生物发光技术<sup>[4]</sup>、酶联免疫法<sup>[5]</sup>、多聚酶链式反应<sup>[6]</sup>等。与传统平板计数相比, 这些新技术检测效率虽有明显提高, 但仍对样品具有破坏性, 无法满足肉类行业大批量、实

时、在线检测的要求<sup>[7]</sup>。

近年来, 高光谱成像作为一种快速无损检测技术, 被广泛应用到新鲜鸡肉<sup>[8]</sup>、虾肉<sup>[9]</sup>、猪肉<sup>[10]</sup>的菌落总数研究中, 并获得较好检测结果。这些研究主要针对鲜肉, 对调理鸡肉菌落总数研究较少。另外, 肉品腐败是一个复杂的过程, 其中微生物变化呈非线性增长。研究表明<sup>[11-13]</sup>, 对于肉中菌落总数预测, 非线性模型比线性模型预测效果更好。对于复杂非线性关系, 反向传播(back propagation, BP)神经网络具有较强泛化和拟合能力<sup>[14]</sup>, 但在应用中存在收敛速度慢、易陷入局部极小值和过拟合等问题<sup>[15]</sup>。针对这些问题, Mohamad 等<sup>[16]</sup>提出利用粒子群算法优化 BP 神经网络初始权重的方法, 可以有效提高岩石硬度估测模型的泛化能力和预测精度。Gu 等<sup>[17]</sup>在建立作物产量与灌溉水量的模型中, 采用遗传算法对 BP 神经网络初始参数进行优化, 这种方法极大提高了玉米产量预测精度以及网络收敛速度。刘东等<sup>[18]</sup>采用磷虾群算法(krill herd algorithm, KHA)对 BP 神经网络初始权重和阈值进行寻优, 建立地下水污染指标含量与污染等级的水质预测模型, 模型预测准确性和可靠性得到显著提升。但这些优化算法存在早熟收敛、局部寻优能力弱等缺点<sup>[19]</sup>。

为了提升 BP 神经网络预测性能, 本文提出一种利用鸟群算法(bird swarm algorithm, BSA)和免疫算法(immune algorithm, IA)优化菌落总数 BP 模型的方法。

收稿日期: 2019-10-13 修订日期: 2020-02-06

基金项目: 江苏省重点研发计划(L201704); 中央高校基本科研业务费专项资金资助项目(No.KJQN201732, No.KYZ201914); 国家自然科学基金项目(No.31601545); 大学生创新创业训练计划专项计划(S20190025)

作者简介: 王浩云, 副教授, 主要从事农业物联网、温室智能控制和无损检测研究。Email: wanghy@njau.edu.cn

※通信作者: 徐焕良, 教授, 博导, 主要从事农业物联网关键技术研究及应用。Email: huanliangxu@njau.edu.cn

以调理鸡肉为研究对象,采集其表面光谱信息,使用竞争性自适应重加权(competitive adaptive reweighted sampling, CARS)算法提取特征波段,将全波段和特征波段对应光谱值作为BP模型的输入,菌落总数作为BP模型的输出,通过多种方法优化BP神经网络初始参数,建立调理鸡肉菌落总数预测模型。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料与试剂

试验样本来自江苏益客食品集团股份有限公司,将新鲜包装好的“骨肉相连”调理鸡肉在无菌环境下分为一份3串,每份质量约为110 g,并用自封袋密封包装后编号置于4℃冰箱冷藏,每隔1 d进行取样。在第19天时,样品微生物含量已超过国标 GB16869—2005,并散发明显腐败性气味,失去商品价值,因此贮藏时间总共为19 d。为保证试验结论更具有代表性,进行了3批次重复试验,每批采集80个样本,共计240个样本。

平板计数琼脂(plate count agar, PCA)培养基:胰蛋白胨5.0 g,酵母浸粉2.5 g,葡萄糖1.0 g,琼脂15.0 g,蒸馏水1 L, pH值7.0±0.2;

### 1.2 仪器与设备

成像光谱仪(ImSpectorV-10E, 美国Specim公司), CCD摄像机(ICL-B1620, 美国Imperx公司), 可调谐光源(3900ER, 美国Illumination Technologies公司), 图像采集软件(Spectra Image, 台湾Isuzu公司), 恒温恒湿箱(HWS-150, 宁波赛福实验仪器有限公司), 紫外超净台(SW-CJ-2FD, 苏州苏净安泰有限公司), 振荡培养箱(BS-1E, 常州国华电器有限公司)。

### 1.3 数据采集方法

#### 1.3.1 高光谱信息采集

采用线性扫描模式获取高光谱反射图像,主要设置参数为相机镜头距样本30.0 cm,光源功率为90 W且光源以45°对准样本,曝光时间为1.8 ms,输送速度为6.8 mm/s。消除前后噪声波段后,高光谱有效波长范围为400~1 000 nm,共419个波段。

#### 1.3.2 菌落总数测定

采集调理鸡肉样品高光谱图像后,在无菌环境下,迅速提取纯调理鸡肉(去除木棒),并对样品进行常温匀质化处理,随机取3次匀质后的样品进行菌落含量测定,最终将3次测定结果平均值作为该样品菌落总数含量。菌落总数测定方法参照GB 4789.2—2010《食品微生物学检验—菌落总数测定》<sup>[20]</sup>方法。

### 1.4 数据处理方法

#### 1.4.1 感兴趣区域提取

图1a为样品黑白校正后的高光谱图像。对校正后的高光谱图像,选取图1b中标记的整个区域作为感兴趣区域,并利用ENVI 4.8人工提取该区域的高光谱数据,计算感兴趣区域内所有像素点光谱的平均值,作为该样本的光谱信息,如图2为调理鸡肉平均反射光谱曲线。

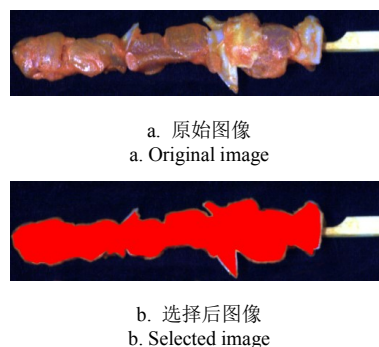


图1 感兴趣区域选择  
Fig.1 Selection of interest area

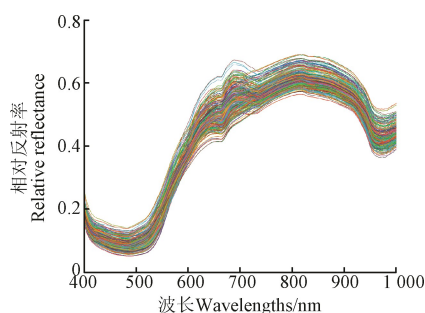


图2 240份调理鸡肉平均反射光谱曲线  
Fig.2 Average spectral reflectance of 240 prepared chicken

#### 1.4.2 预处理

本文采用求导、归一化、多元散射校正预处理方法,消除光谱基线漂移以及由于样品表面形状差异而造成的光散射现象<sup>[21]</sup>。以交叉验证集相关系数 $R_{CV}$ 和交叉验证集均方根误差(root mean square error of cross validation,  $RMSE_{CV}$ )为评判指标<sup>[22]</sup>挑选出最佳预处理方法。

#### 1.4.3 特征波长提取

由于高光谱图像存在较大的数据冗余<sup>[23]</sup>,本文采用CARS算法提取光谱特征,选择具有代表性和区分性的特定波长。CARS算法主要依据达尔文进化论的“适者生存”原则<sup>[24]</sup>,将每个波长当作独立的变量,利用自适应重加权采样技术筛选出偏最小二乘回归(partial least squares regression, PLSR)模型中回归系数绝对值大的变量,删除回归系数绝对值小的变量,通过多次重复筛选得到一系列的波长变量子集,并采用十折交叉验证选出PLSR模型中 $RMSE_{CV}$ 最小的变量子集,即为最优特征波长组合。

### 1.5 改进的BSA-IA-BP模型

#### 1.5.1 BSA算法

BSA算法于2016年由Meng等<sup>[25]</sup>提出,是一种全新的智能优化算法,主要思想来源于鸟类觅食、警戒和迁徙3种群体行为。BSA中觅食行为与粒子群算法类似,因此BSA算法在具有粒子群算法收敛速度快的同时,还具有求解精度高、鲁棒性强等<sup>[26]</sup>特点。BSA算法将待优化参数包含在鸟群个体所在的空间位置中,通过适应度函数对个体所处空间位置优劣进行评价,并依据鸟群搜寻食物过程中觅食行为、警戒行为

和迁徙行为等策略不断更新个体位置,直到获取最佳个体空间位置。

### 1.5.2 IA 算法

IA 是模仿生物免疫机制,设计出的一种新型智能搜索算法,继承了生物免疫系统全局搜索能力、多样性保持机制以及并行分布式搜索机制等特点<sup>[27]</sup>。IA 算法寻优的过程是通过算子来实现的,主要包括:亲和度评价算子、抗体浓度评价算子、激励度计算算子、免疫选择算子、克隆算子、变异算子、克隆抑制算子等<sup>[28]</sup>。其主要原理是将待优化参数、问题分别当抗体和抗原,利用亲和度函数来评价抗体的质量,并通过克隆、变异和抑制等免疫操作对抗体进行不断优化,直到获得最优抗体。

### 1.5.3 改进的 BSA-IA-BP 模型

BSA 算法收敛速度快,但在寻优后期极易陷入局部最优<sup>[29]</sup>,而 IA 算法具有较强的寻优能力。因此本文在 BSA 算法迭代过程中引入 IA 算法的免疫操作,对个体产生突变,增加群体多样性,扩大搜寻范围,以摆脱局部极值。BSA-IA-BP 主要步骤为:

- 1) 确定 BP 神经网络结构,输入为不同波段光谱值,输出为菌落总数。
- 2) BSA、IA 参数初始化,包括种群规模  $N$ 、迭代次数  $M$ 、飞行频率  $FQ$ 、觅食概率  $P$ 、克隆抗体数  $N_{cl}$ 、变异概率  $P_m$  和常量参数  $C$ 、 $S$ 、 $a_1$ 、 $a_2$ 、 $a$ 、 $b$ 。
- 3) 随机初始化种群中个体位置  $X_i = \{x_i, x_2, \dots, x_k\}$ ,  $k$  为 BP 神经网络权重和阈值个数之和。根据公式 (1) 计算个体适应度,将种群中最小适应度作为群体最佳适应度  $Gbest$  初始值,并记录群体最佳位置。同时,将每个随机个体适应度作为个体最佳适应度  $Pbest_i$  初始值,并记录相应位置。采用绝对误差作为适应度函数  $f(x)$ ,  $M_i$  与  $P_i$  分别为菌落总数真实值和预测值,  $n$  为训练样本数,函数公式如下:

$$f(x) = \sum_{i=1}^n |M_i - P_i| \quad (1)$$

- 4) 迭代开始,根据 BSA 迁徙、觅食和警戒规则更新位置,并计算个体适应度。
- 5) 将个体适应度值按升序排序,前  $N/2$  个个体记为  $P_1$ ,后  $N/2$  个个体记为  $P_2$ 。
- 6) 保留  $P_1$ ,对  $P_2$  群体进行克隆、变异等免疫操作得到  $P_3$ 。
- 7) 合并群体  $P_1$  和  $P_3$ ,重新计算个体适应度,若群体适应度最小值小于  $Gbest$ ,则更新  $Gbest$  及最优个体位置;同时比较每个个体当前适应度与先前自身最佳适应度大小,若当前个体适应度比  $Pbest_i$  小,则更新  $Pbest_i$  及相应个体位置。
- 8) 判断是否达到最大迭代次数,若迭代结束转至步骤 9);否则转回步骤 3)。
- 9) 输出  $Gbest$  及其所对应个体,并将最优个体代入 BP 神经网络中进行训练和预测。BSA-IA-BP 建模流程图如图 3 所示。

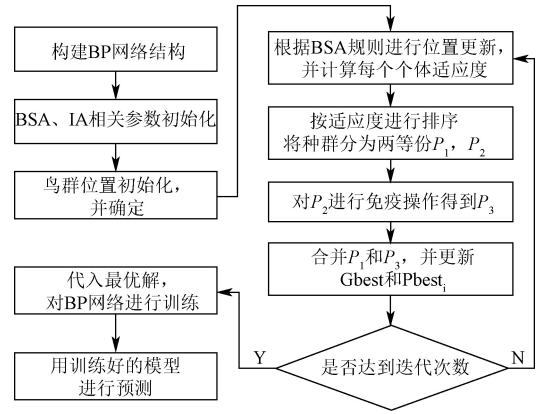


图 3 BSA-IA-BP 模型流程图

Fig.3 Flowchart of BSA-IA-BP model

## 2 结果与分析

### 2.1 调理鸡肉贮藏过程中微生物生长情况

由图 4 可知:随着贮藏时间的增加,调理鸡肉中的菌落总数呈 S 型变化趋势,存在明显的对数期和迟缓期。调理鸡肉的初始菌落总数为 4.65 lg(CFU/g),在贮藏 3 d 内,菌落总数增幅仅为 0.52 lg(CFU/g),在第 9 天时,菌落总数的增幅达到最大值 2.63 lg(CFU/g)。由于在贮藏初期,调理鸡肉中微生物需要对新环境做适应性调整,增长速度缓慢,经过 3 d 适应期后,菌落数呈对数式增长。根据国家标准<sup>[30]</sup>,当样本中菌落总数超过 6.00 lg(CFU/g)时为腐败等级,因此在第 5 天左右,调理鸡肉中的菌落总数已达到腐败的标准。

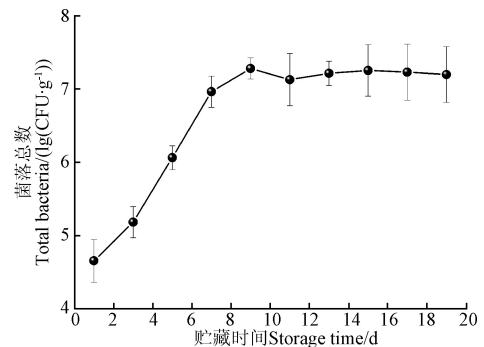


图 4 调理鸡肉中菌落总数变化

Fig.4 Change of total bacteria in prepared chicken

### 2.2 调理鸡肉贮藏过程中高光谱信息变化情况

图 5 为调理鸡肉第 3 天、第 7 天、第 11 天、第 15 天、第 19 天高光谱图像的均值特征曲线,图中每条特征曲线均由当天所有样本的特征曲线求取平均得到。

由图 5 可知,在 485、660、760、980 nm 波长附近存在明显吸收峰。结合调理鸡肉中的化学成分及其光学特性,可以发现在 485 nm 左右为高铁肌红蛋白 (metMb) 分子上氧化血红素的吸收峰<sup>[31]</sup>,980 nm 左右为水吸收峰<sup>[32]</sup>,760 nm 左右为血红蛋白以及肌红蛋白质的吸收峰<sup>[33]</sup>。随着贮藏时间的延长,光谱的反射值有上升的趋势,可能由于调理鸡肉腐败程度加深,内部水分溢出,自由水对可见近红外光的吸收减少,导致光谱反射值增加<sup>[34]</sup>。

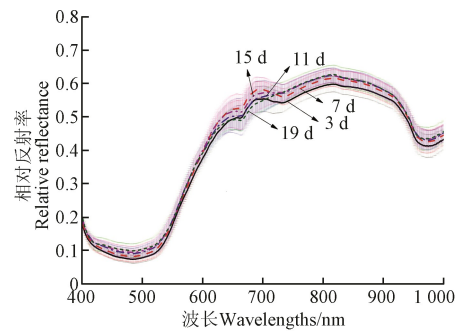


图 5 不同贮藏时间样本的光谱均值特征曲线  
Fig.5 Spectral mean feature curve of samples with different storage time

2.3 调理鸡肉样本高光谱信息预处理

2.3.1 样本集划分

采用 SPXY (sample set partitioning based on joint X-Y distance, SPXY) 算法将 240 个调理鸡肉样本按照 2:1 比例划分为校正集和预测集。利用 IBM SPSS Statistics R24 工具对划分的样本进行统计, 结果如表 1 所示, 校正集的范围均大于预测集, 且平均值和标准差相近, 说明样本的划分较为合理。

表 1 菌落总数结果统计  
Table 1 Statistics of total bacteria

样本集 Sample set	样本数 Number of sample	菌落总数 Total bacteria/(lg(CFU·g <sup>-1</sup> ))			
		最小值 Minimum	最大值 Maximum	平均值 Mean	标准差 SD
校正集 Calibration	Set 160	4.25	7.93	6.59	0.99
预测集 Prediction	Set 80	4.25	7.79	6.79	0.84

2.3.2 预处理

采用标准正态变量变换、多元散射校正、一阶导数、二阶导数 4 种方法对高光谱信息进行预处理, 其中一阶导数和二阶导数均用 Savitzky-Golay 求导, 选择的平滑窗口为 15, 多项式次数为 2。为了对每种预处理方法效果进行定量分析, 采用 PLSR 对预处理的光谱信息进行建模, 并结合留一法对模型进行交叉验证, 通过  $R_{CV}$  和  $RMSE_{CV}$  确定最优预处理方法。本文中 PLSR 主成分个数求取方法: 当主成分数为  $h$  时, 将所有样本分为两部分, 其中一个样本作为测试集, 其他剩余样本作为训练集, 利用训练集建立主成分数为  $h$  的 PLSR 模型, 计算预测集的预测值与真实值误差平方和, 并循环将每个样本作为一次预测集, 将所有样本预测值与真实值误差平方和进行求和, 得到总误差  $PRESS_h$ 。同时利用所有样本集在主成分为  $h-1$  的情况下, 建立 PLSR 模型, 计算每个样本预测值与真实值误差平方和, 并对所有样本误差平方和求和得到  $SS_{h-1}$ 。当  $PRESS_h$  与  $SS_{h-1}$  比值小于 0.95<sup>2</sup> 时, 确定当前主成分有意义。主成分数  $h$  从 2 开始进行迭代, 直到当前主成分没有意义或达到终止条件, 最终输出主成分个数。如表 2 所示, 为不同预处理方法下 PLSR 建模效果。

表 2 不同预处理方法下的 PLSR 建模结果  
Table 2 Performance of PLSR calibration models of samples via different pretreatment methods

预处理方法 Pretreatment methods	主成分个数 Number of principal components	相关系数 $R_{CV}$	均方根误差 $RMSE_{CV}/(lg(CFU·g^{-1}))$
原始光谱 Original spectra	6	0.83	0.54
标准正态变量变换 Standard normalized variate	6	0.84	0.53
多元散射校正 Multiplicative scatter correction	6	0.84	0.53
一阶导数 First derivative	6	0.86	0.50
二阶导数 Second derivative	7	0.91	0.41

由表 2 可得, 与原始高光谱信息建立的模型相比, 经过标准正态变量变换、多元散射校正、一阶导数与二阶导数等预处理后, 模型  $R_{CV}$  均有上升, 同时  $RMSE_{CV}$  均有下降, 说明这 4 种预处理方法能有效去除原始光谱中的噪声信息, 其中二阶导数预处理效果较好, 模型的  $R_{CV}$  为 0.91,  $RMSE_{CV}$  为 0.41 lg(CFU/g)。根据  $R_{CV}$ 、 $RMSE_{CV}$  结果, 确定二阶导数为最佳预处理方法。后文所使用的光谱数据, 均经过二阶导数预处理。

2.4 特征波段选择

图 6 为 CARS 算法筛选特征变量过程, 蒙特卡罗采样次数为 50。从图 6a 中可以发现, 随着采样次数增加, 所选择特征波长数量越少, 且减少的速度由快到慢, 体现特征波长选择过程具有从粗到细的特点。图 6b 为交叉验证  $RMSE_{CV}$  的变化趋势, 随着采样次数增加,  $RMSE_{CV}$  总体变化趋势表现为先减小后增加, 在第 24 次采样时,  $RMSE_{CV}$  值最小, 说明在前 24 次采样中剔除了与菌落总数无关的波长变量, 而在后 26 次采样中可能剔除了与菌落总数有关的关键变量。图 6c 中最小  $RMSE_{CV}$  对应的采样次数已用星号标出, 图中每条曲线代表各光谱变量回归系数随着采样次数的变化趋势。由  $RMSE_{CV}$  最小, 得到 34 个特征波长, 分别为 408.03、426.91、522.09、562.99、614.36、654.70、731.72、746.32、749.25、760.94、762.41、763.87、777.04、787.29、790.22、797.55、815.13、853.24、854.71、857.64、876.68、885.46、891.32、892.78、930.77、940.98、949.72、971.54、980.25、983.15、987.50、990.40、993.30、999.09 nm。

2.5 分析与建模

对预处理后的光谱信息, 分别建立基于全波段和 CARS 筛选特征波段的 BP、BSA-BP、IA-BP、BSA-IA-BP 预测模型。并根据测试集中预测值与实测值相关系数  $R$ 、均方根误差 (root mean square error, RMSE), 以及剩余预测偏差 (residual predictive deviation, RPD) 对模型预测性能进行评价<sup>[35]</sup>。

模型具体参数: 迭代次数  $M=800$ , 群体规模  $N=100$ , 飞行频率  $FQ=10$ , 克隆抗体数  $Ncl=10$ , 变异概率  $P_m=0.7$ , 相似度阈值  $\delta_s=0.2$ ,  $a=b=1$ ,  $C=1.5$ ,  $S=1.5$ ,  $a_1=a_2=1$ ; BP 神经网络最大训练次数  $10^4$ , 学习率 0.01, 训练目标最小误差 0.001, 最小性能梯度  $10^{-5}$ , 隐藏层数 1, 其节点数参照公式 (2):



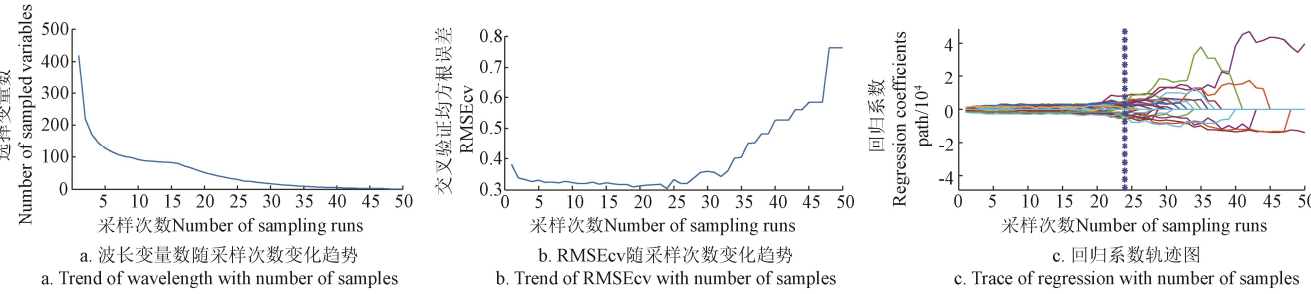


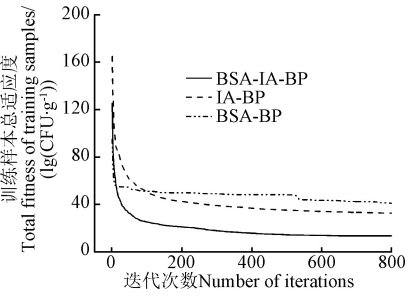
图 6 CARS 算法变量筛选流程  
Fig.6 Variable selection process of CARS algorithm

$$n_m = \sqrt{n_i + n_o} + m \quad (2)$$

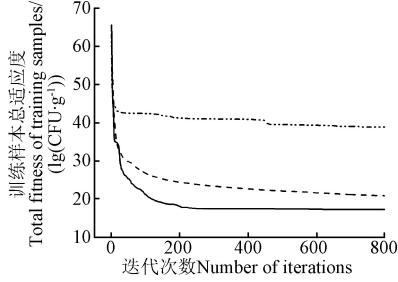
式中  $n_m$  为隐藏层节点数;  $n_i$  为输入层节点数;  $n_o$  为输出层节点数; 本文  $m$  取 1。根据上述参数设置, 利用 MATLAB 2016b 进行仿真。

图 7a 和 7b, 分别为全波段和特征波段下, IA-BP、BSA-BP、BSA-IA-BP 模型最优个体适应度值的变化曲线。从图 7a 和 7b 可以看出, 3 个模型在迭代初期, 个体最优适应度下降的趋势都比较明显, 在迭代到一定次数后, BSA-IA-BP 模型的个体最优适应度值一直保持在三者中最低状态, 而 BSA-BP 模型的个体最优适应度一直处于三者中最高。在迭代后期, BSA-BP 模型有可能陷于局部最优, 无法搜寻到更佳位置。因此, 说明 IA 算法可以提高 BSA 算法搜索能力, 避免陷入局部最优。

IA-BP、BSA-BP、BSA-IA-BP 模型中 BP 网络的初始权重和阈值, 取自迭代 800 次后最优个体。普通 BP 模型中的初始权重和阈值, 选自迭代前使得所有训练样本适应度总和最小的一个随机个体。为了客观进行评价, 采取 10 次独立重复训练, 将 10 次仿真结果平均值作为最终参考依据, 如表 3 所示, 利用 IBM SPSS Statistics R24 对不同模型 10 次预测效果进行分析。



a. 全波段下 3 种模型适应度曲线  
a. Fitness curve of three models under full bands



b. 特征波段下 3 种模型适应度曲线  
b. Fitness curve of three models under characteristic bands

图 7 不同波段数模型的适应度曲线  
Fig.7 Fitness curve of model with different bands

表 3 不同模型预测效果  
Table 3 Prediction results of different models

模型 Model	波段数 Number of waveband	建模时长 Modeling duration /s	迭代次数 Number of iterations	校正集 Calibration set		预测集 Prediction Set		
				$R_c$	RMSE <sub>c</sub> / (lg(CFU·g <sup>-1</sup> ))	$R_p$	RMSE <sub>p</sub> / (lg(CFU·g <sup>-1</sup> ))	RPD
BP	34	0.98	10	0.95±0.02	0.32±0.05	0.83±0.03	0.51±0.05	1.68±0.18
IA-BP		0.49	7	0.97±0.01	0.26±0.04	0.88±0.03	0.40±0.05	2.10±0.23
BSA-BP		0.58	8	0.96±0.01	0.27±0.04	0.90±0.02	0.38±0.05	2.25±0.25
BSA-IA-BP		0.48	7	0.97±0.01	0.25±0.04	0.93±0.01	0.31±0.01	2.68±0.13
BP	419	95.47	7	0.90±0.03	0.46±0.07	0.66±0.03	0.81±0.08	1.05±0.11
IA-BP		51.72	5	0.95±0.01	0.31±0.04	0.83±0.02	0.49±0.03	1.72±0.12
BSA-BP		52.59	5	0.95±0.02	0.31±0.06	0.86±0.03	0.43±0.04	1.96±0.18
BSA-IA-BP		38.51	2	0.97±0.00	0.25±0.01	0.86±0.01	0.44±0.01	1.91±0.07

由表 3 可知, 在 BP、IA-BP、BSA-BP、BSA-IA-BP 4 种模型中, BSA-IA-BP 模型预测精度和收敛速度最佳。其中特征波段下的 BSA-IA-BP 模型预测精度最高, 预测集相关系数  $R_p$  为 0.93, 均方根误差为 0.31 lg(CFU/g), 剩余预测偏差 RPD 为 2.68; 全波段下的 BSA-IA-BP 模型迭代次数最少为 2。说明通过 IA 算法产生突变个体, 能有效增强 BSA 算法寻优能力, 避免陷入局部最优, 在一定

程度上提高模型预测精度和收敛速度。根据多次运行结果, BSA-IA-BP 模型所有评价指标标准差均较低, 其  $R_c$  和  $R_p$  都不超过 0.01, 说明 BSA-IA 改进算法能提高 BP 模型稳定性。表中建模时间仅为建立 BP 模型时间, 不考虑前期优化 BP 初始参数所消耗时间, 从表中可以看出, 经过 BSA-IA 优化 BP 初始参数后, BP 建模效率最高, 特别是在全波段下, 效果最为明显。

另外, 通过特征波段和全波段进行对比, 特征波段总的预测效果要优于全波段, 其中全波段下 BSA-IA-BP 模型的  $R_C$ 、 $R_P$ 、迭代次数分别为 0.97、0.86、2, 特征波段下 BSA-IA-BP 模型的  $R_C$ 、 $R_P$ 、迭代次数分别为 0.97、0.93、7。经过特征提取后, BSA-IA-BP 模型校正集的相关系数没有多大提升, 而预测集的相关系数有了显著的提升, 收敛速度也变慢。在试验中当样本总数少于全波段数量时, 通过提取特征波段可以克服预测模型收敛速度快、过拟合等情况。

### 3 结 论

为了实现调理鸡肉菌落总数含量快速、无损、准确预测, 本文以调理鸡肉为研究对象, 采集其表面可见近红外光谱信息, 利用 CARS (competitive adaptive reweighted sampling) 算法提取特征波段, 并通过多种算法优化 BP (back propagation) 神经网络初始权重和阈值, 建立基于全波段和特征波段菌落总数的 BP、IA-BP (immune algorithm-back propagation)、BSA-BP (bird swarm algorithm-back propagation)、BSA-IA-BP (bird swarm algorithm-immune algorithm-back propagation) 模型, 结果表明:

1) 通过引入 IA (immune algorithm) 算法的免疫操作, 在迭代稳定后, BSA-IA-BP 训练样本适应度总和明显低于 BSA-BP。说明 BSA-IA (bird swarm algorithm-immune algorithm) 融合算法搜索能力得到提升, 可以有效避免 BSA (bird swarm algorithm) 算法后期陷入局部最优。

2) 4 种模型中, BSA-IA-BP 模型预测精度高, 收敛速度快, 且具有较好的稳定性。其中特征波段下的 BSA-IA-BP 模型预测精度最好, 校正集相关系数  $R_C$  为 0.97, 预测集相关系数  $R_P$ 、均方根误差以及剩余预测偏差 RPD (residual predictive deviation) 分别为 0.93、0.31 lg(CFU/g)、2.68。经过多次试验,  $R_C$  和  $R_P$  标准差不超过 0.01。综上, 利用高光谱技术, 对贮藏期间调理鸡肉中菌落总数含量进行无损检测具有一定的可行性, 为今后实现调理鸡肉线上快速无损检测提供思路和方法。

#### [参 考 文 献]

- [1] 高可蒙, 梅林, 薛秀恒, 等. 无磷保水剂对冷冻调理猪肉的影响[J]. 食品科学, 2015, 36(6): 257—261.  
Gao Kemeng, Mei Lin, Xue Xiuheng, et al. Influence of non-phosphate additive on water-holding capacity of frozen prepared pork[J]. Food Science, 2015, 36(6): 257—261. (in Chinese with English abstract)
- [2] Li Miaoyun, Li Yuanhui, Huang Xianqing, et al. Evaluating growth models of *Pseudomonas* spp. in seasoned prepared chicken stored at different temperatures by the principal component analysis (PCA)[J]. Food Microbiology, 2014, 40: 41—47.
- [3] Han Fangkai, Huang Xingyi, Mahunu G K. Exploratory review on safety of edible raw fish per the hazard factors and

their detection methods[J]. Trends in Food Science & Technology, 2017, 59: 37—48.

- [4] Yan Shoulei, Miao Suna, Deng Shaoya, et al. ATP bioluminescence rapid detection of total viable count in soy sauce[J]. Luminescence, 2012, 27(1): 34—38.
- [5] Mandli J, El Fatimi I, Seddaoui N, et al. Enzyme immunoassay (ELISA/immunosensor) for a sensitive detection of pork adulteration in meat[J]. Food Chemistry, 2018, 255: 380—389.
- [6] Dolan A, Burgess C M, Fanning S, et al. Application of quantitative reverse-transcription PCR (qRT-PCR) for the determination of the total viable count (TVC) on meat samples[J]. Journal of Applied Microbiology, 2010, 109(1): 91—98.
- [7] Hameed Saima, Xie Lijuan, Ying Yibin. Conventional and emerging detection techniques for pathogenic bacteria in food science: A review[J]. Trends in Food Science & Technology, 2018, 81: 61—73.
- [8] Ye Xujun, Lino Kanako, Zhang Shuhuai. Monitoring of bacterial contamination on chicken meat surface using a novel narrowband spectral index derived from hyperspectral imagery data[J]. Meat Science, 2016, 122: 25—31.
- [9] Yu Xinjie, Yu Xin, Wen Shiting, et al. Using deep learning and hyperspectral imaging to predict total viable count (TVC) in peeled Pacific white shrimp[J]. Journal of Food Measurement and Characterization, 2019, 13(3): 2082—2094.
- [10] Tao Feifei, Peng Yankun, Li Yongyu. Feature extraction method of hyperspectral scattering images for prediction of total viable count in pork meat[J]. International Journal of Agricultural and Biological Engineering, 2015, 8(4): 95—105.
- [11] Li Huanhuan, Kutsanedzie F, Zhao Jiewen, et al. Quantifying total viable count in pork meat using combined hyperspectral imaging and artificial olfaction techniques[J]. Food Analytical Methods, 2016, 9(11): 3015—3024.
- [12] Siripatrawan U, Makino Y. Simultaneous assessment of multiple quality attributes and shelf life of packaged bratwurst during storage using hyperspectral imaging[J]. Meat Science, 2018, 146: 26—33.
- [13] Tao Feifei, Peng Yankun, Gomes C L, et al. A comparative study for improving prediction of total viable count in beef based on hyperspectral scattering characteristics[J]. Journal of Food Engineering, 2015, 162: 38—47.
- [14] 石惠娴, 孟祥真, 游煜成, 等. 植物工厂地源热泵系统热负荷 BP 神经网络预测及验证[J]. 农业工程学报, 2019, 35(2): 196—202.  
Shi Huixian, Meng Xiangzhen, You Yucheng, et al. Prediction and verification on heating load of ground source heat pump heating system based on BP neural network for plant factory[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering (Transactions of the CSAE), 2019, 35(2): 196—202. (in Chinese with English abstract)

- [15] Wang Jian, Wen Yanqing, Ye Zhenyun, et al. Convergence analysis of BP neural networks via sparse response regularization[J]. *Applied Soft Computing*, 2017, 61: 354—363.
- [16] Mohamad E T, Armaghani D J, Momeni E, et al. Rock strength estimation: a PSO-based BP approach[J]. *Neural Computing and Applications*, 2018, 30(5): 1635—1646.
- [17] Gu Jian, Yin Guanghua, Huang Pengfei, et al. An improved back propagation neural network prediction model for subsurface drip irrigation system[J]. *Computers & Electrical Engineering*, 2017, 60: 58—65.
- [18] 刘东, 李帅, 付强, 等. 基于 KHA 优化 BP 神经网络的地下水水质综合评价方法[J]. *农业机械学报*, 2018, 49(9): 275—284.
- Liu Dong, Li Shuai, Fu Qiang, et al. Comprehensive evaluation method of groundwater quality based on BP network optimized by Krill Herd Algorithm[J]. *Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery*, 2018, 49(9): 275—284. (in Chinese with English abstract)
- [19] 孔祥鑫, 周炜, 王晓丹. 基于改进磷虾群算法的 SVDD 参数优化[J]. *计算机工程与应用*, 2017, 53(22): 137—142, 216.
- Kong Xiangxin, Zhou Wei, Wang Xiaodan. Parameter optimization for SVDD based on improved krill herd algorithm[J]. *Computer Engineering and Applications*, 2017, 53(22): 137—142, 216. (in Chinese with English abstract)
- [20] 中华人民共和国卫生部. 食品微生物学检验—菌落总数测定: GB 4789.2—2010[S]. 北京: 中国标准出版社, 2010.
- [21] Siedliska A, Baranowski P, Zubik M, et al. Detection of fungal infections in strawberry fruit by VNIR/SWIR hyperspectral imaging[J]. *Postharvest Biology and Technology*, 2018, 139: 115—126.
- [22] 邵园园, 王永贤, 玄冠涛, 等. 高光谱成像快速检测壳聚糖涂膜草莓可溶性固形物[J]. *农业工程学报*, 2019, 35(18): 245—254.
- Shao Yuanyuan, Wang Yongxian, Xuan Guantao, et al. Rapid detection of soluble solids content in strawberry coated with chitosan based on hyperspectral imaging[J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering (Transactions of the CSAE)*, 2019, 35(18): 245—254. (in Chinese with English abstract)
- [23] Xu J L, Riccioli C, Sun D W. Development of an alternative technique for rapid and accurate determination of fish caloric density based on hyperspectral imaging[J]. *Journal of Food Engineering*, 2016, 190: 185—194.
- [24] Zheng Kaiyi, Feng Tao, Zhang Wen, et al. Variable selection by double competitive adaptive reweighted sampling for calibration transfer of near infrared spectra[J]. *Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems*, 2019, 191: 109—117.
- [25] Meng Xianbing, Gao X Z, Lu Lihua, et al. A new bio-inspired optimisation algorithm: Bird Swarm Algorithm[J]. *Journal of Experimental and Theoretical Artificial Intelligence*, 2016, 28(4): 673—687.
- [26] Xiang Ling, Deng Zeqi, Hu Aijun. Forecasting short-term wind speed based on IEWT-LSSVM model optimized by bird swarm algorithm[J]. *IEEE Access*, 2019, 7: 59333—59345.
- [27] Timmis J, Hone A, Stibor T, et al. Theoretical advances in artificial immune systems[J]. *Theoretical Computer Science*, 2008, 403(1): 11—32.
- [28] 张卫祥, 齐玉华. 基于人工免疫算法的软件输出域覆盖测试[J]. *南京大学学报: 自然科学*, 2018, 54(4): 742—750.
- Zhang Weixiang, Qi Yuhua. Software testing for output domain coverage based on artificial immune algorithm[J]. *Journal of Nanjing University: Natural Science*, 2018, 54(4): 742—750. (in Chinese with English abstract)
- [29] Yang Han, Chen Tao, Huang Nanjing. An adaptive bird swarm algorithm with irregular random flight and its application[J]. *Journal of Computational Science*, 2019, 35: 57—65.
- [30] 中国国家标准化管理委员会, 中华人民共和国国家质量监督检验检疫总局. GB16869—2005 鲜、冻禽产品[S]. 北京: 中国标准出版社, 2006.
- [31] Hawkins S A, Bowker B, Zhuang H, et al. Post-mortem chemical changes in poultry breast meat monitored with visible-near infrared spectroscopy[J]. *Journal of Food Research*, 2014, 3(3): 57—65.
- [32] Bowker B, Hawkins S, Zhuang H. Measurement of water-holding capacity in raw and freeze-dried broiler breast meat with visible and near-infrared spectroscopy[J]. *Poultry Science*, 2014, 93(7): 1834—1841.
- [33] 朱启兵, 肖盼, 黄敏, 等. 基于特征融合的猪肉新鲜度高光谱图像检测[J]. *食品与生物技术学报*, 2015, 34(3): 246—252.
- Zhu Qibing, Xiao Pan, Huang Ming, et al. Feature fusion for detection of pork freshness based on hyperspectral imaging technology[J]. *Journal of Food Science and Biotechnology*, 2015, 34(3): 246—252. (in Chinese with English abstract)
- [34] 谢安国. 冷冻冷藏过程中猪肉的光谱特性研究及其品质的快速检测[D]. 广州: 华南理工大学, 2016.
- Xie Anguo. Spectral Characteristics of Pork Meat During the Freezing Process and Cold Storage and Rapid Detection of Product Quality[D]. Guangzhou: South China University of Technology, 2016. (in Chinese with English abstract)
- [35] Qiao T, Ren J, Craigie C, et al. Quantitative prediction of beef quality using visible and nir spectroscopy with large data samples under industry conditions[J]. *Journal of Applied Spectroscopy*, 2015, 82(1): 137—144.

## Improving hyperspectral detection accuracy of total bacteria in prepared chicken using optimized BP neural network

Wang Haoyun<sup>1,2</sup>, Song Jin<sup>1</sup>, Pan Leiqing<sup>3</sup>, Yuan Peisen<sup>1</sup>, Guo Zhenhuan<sup>4</sup>, Xu Huanliang<sup>1,2\*</sup>

(1. College of Information Science & Technology, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China; 2. Postdoctoral Mobile Station of Agricultural Engineering, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210031, China; 3. College of Food Science & Technology, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China; 4. Jiangsu Yike Food Group Company Limited, Suqian 223800, China)

**Abstract:** Meat spoilage is a relatively complicated process, in which microorganisms increase nonlinearly. As a non-linear model, BP neural network has strong generalization ability and fitting ability, but there are some shortcomings in the application, such as slow convergence speed, easy to fall into local minima and overfitting. Thus an optimized BP neural network was proposed. Prepared chicken was stored in a refrigerator at 4 °C, and 240 samples were collected. After obtaining 400-1000 nm hyperspectral images of each prepared chicken sample, sub-samples were randomly selected from each homogenized sample to determine the total bacteria. Then, the spectral data was preprocessed by different methods such as differentiation, standard normalized variate, and multiplicative scatter correction. The PLSR model was cross-validated by the leave-one-out method, and the best preprocessing method was determined based on RMSE<sub>CV</sub> (root mean square error of cross validation). After that, based on the pre-processed spectral information, 34 characteristic bands were extracted by CARS (competitive adaptive reweighted sampling) algorithm. Finally, the spectral values corresponding to the full-band and filtered characteristic bands were used as the input of the BP (back propagation) neural network, and the total bacteria was used as the output of the BP neural network. Bird swarm algorithm (BSA) and immune algorithm (IA) optimization were used to optimize the initial weight and threshold of the BP neural network. The prediction models of the total bacteria were established by using BP, BSA-BP, IA-BP, and BSA-IA-BP. The results showed that: 1) by introducing the IA algorithm's immune operation, after iterative stabilization, the total fitness of BSA-IA-BP was significantly lower than BSA-BP based on training samples. This showed that the search ability of the BSA-IA fusion algorithm was improved, which could effectively prevent the BSA algorithm from falling into a local optimum in the later stage. At the same time, among the four models of BP, IA-BP, BSA-BP, and BSA-IA-BP, the BSA-IA-BP model had the best prediction accuracy and convergence speed. Among them, the BSA-IA-BP model in the characteristic band had the highest prediction accuracy. The  $R_p$  (the correlation coefficient), RMSE<sub>p</sub> (the root mean square error) and RPD (the residual predictive deviation) of the prediction set was 0.93, 0.31 lg(CFU/g), 2.68, respectively. 2) By comparing the characteristic band and the full band, the overall prediction effect of the characteristic band was better than the full band, which indicating that the CARS algorithm could effectively delete the wavelengths, reduced redundant information interference, and improved the model prediction efficiency. In general, the use of hyperspectral technology for non-destructive testing of the total bacteria in prepared chicken was feasible, which can provide technical support for the online testing of prepared chicken.

**Keywords:** hyperspectral; image processing; prepared chicken; total bacteria; bird swarm algorithm; immune algorithm