仓储小麦隐蔽性害虫的检测模型及算法

史卫亚， 乔娜娜， 梁义涛， 王 锋

（1. 河南工业大学 信息科学与工程学院，河南 郑州 450001；2. 河南工业大学 粮食信息处理与控制教育部重点实验室，河南 郑州 450001）

摘要：粮食在存储过程中极易发生虫蚀现象，因此需要一种快速高效的检测手段来检测粮食是否染虫。结合机器学习和生物光子学的相关理论，分别测量正常和含虫小麦的自发光子数，然后提取 8 个统计特征和 13 个直方图特征，分别采用线性判别分析 LDA 和二次辨别分析 QDA 算法对正常小麦和含虫小麦进行识别，同时针对小样本情况下协方差矩阵奇异性问题，引入正则化判别分析 RDA 方法，对 QDA 算法进行优化，提高分类正确率。实验结果证实了所提方法的有效性。

关键字：生物光子；统计特征；直方图特征；识别

中图分类号：TS 201；TS 207；O 212 **文献标志码**：A **文章编号**：1673—1689(2016)06—0577—07

Model and Algorithm for the Detection of Hidden Insects in Wheat

SHI Weiya， *QIAO Nana*， *LIANG Yitao*， *WANG Feng*

（1. School of Information Science and Engineering，Henan University of Technology，Zhengzhou 450001，China；2. Food Information Processing and Control Key Laboratory of Education Ministry，Henan University of Technology，Zhengzhou 450001，China）

Abstract：In order to prevent the loss of grain mass and quality，a fast and efficient method for the early detection of insects in grains is urgently needed during trade and storage. Based on the biophoton analytical technology （BPAT），the experiments were made to measure spontaneous photon counts of wheat kernels and infested ones. Then statistical characteristics and histogram distribution were extracted and linear discriminant analysis （LDA） and quadratic discriminant analysis（QDA） were used to discriminate between normal and infested grains. In addition，due to the singularity and instability of the per class covariance matrices in the small sample，regularized discriminant analysis （RDA） was used to optimize QDA and increase the classification accuracy. Therefore，the proposed method is workable.

Keywords：biophoton，statistical characteristics，histogram distribution，identification

小麦是世界上最主要的粮食作物之一，也是中国的三大粮食作物之一，目前中国小麦播种面积已达 2 亿多公顷，总产量达到 5 亿多吨。在世界各地，储粮每年遭受仓虫危害所造成的损失非常普遍和

收稿日期：2014-12-14

基金项目：国家自然科学基金项目（31171775）；国家 863 计划项目（2012AA101608）；河南教育厅自然科学基金项目（14B550002）。

作者简介：史卫亚（1973—），男，河南周口人，工学博士，副教授，主要从事机器学习、人工智能和模式识别研究。E-mail：swymail@126.com

严重。据估计,在非洲和亚洲由于虫害造成的粮食损失高达30%[1]。小麦产后的储藏质量问题是粮食安全工作的一项重要工作。因此做好小麦虫害的监控和预防等工作对于降低仓储过程中的成本消耗、减少虫害造成的损失等都具有重要的意义[2]。

在我国,引起小麦储藏损失的最主要因素是隐蔽性害虫,其幼虫随着生长能够渗透到谷物籽粒中,以胚乳为食,成虫期便咀嚼破种子外壳,然后再摆脱其寄宿的籽粒[3]。由于隐蔽性害虫的整个生命周期几乎完全在小麦籽粒内部,因此,在没有剖开粮食之前,很难确定隐蔽性害虫。

目前,已经实际应用或者处于实验研究的储粮害虫检测方法较多,其中信息素诱捕法[4]、取样过筛检查[5]、全谷物的浮选方法[6]等属于传统的检测方法,这些方法操作方便,但很难满足现代储粮检测技术要求。声波法[7]、X射线成像[8]、电导率法[9]、近红外光谱法[10]等属于现代新型物理技术,它们在检测隐蔽性害虫方面存在一些缺陷。声波法主要是通过采集储粮害虫爬行的声音信号,从而对粮粒内是否含有害虫进行分析检测,但易受外界环境影响,少量虫害感染不易检测出来;X射线法原理是通过穿透物体,使原子电离和某些物质发出荧光,从而被检测成像,一旦粮粒被害虫侵蚀,其密度的下降能够导致X成像有所变化,因此可用于害虫检测,能够检测出粮粒内外部的害虫以及区分死虫和活虫,但很难检测出微小的幼虫及虫卵;电导率法通过测量粮粒两端的电压来确定电导率,如果粮粒内部有虫害存在,电导率信号会突然降低,根据这一系统的电导率信号特征并通过计算电导率信号的电压变化幅度就可区分虫害粮粒,但检测单个粮粒耗时长,具有破坏性,对虫卵内部死虫的粮粒无法检测出来;近红外光谱法属于快速无损检测,据小麦籽粒经近红外扫描后其反射与吸收的光谱不同来识别检测害虫样本,局限是无法检测轻微粮虫感染,对样本湿度较敏感,不能检测出死虫。

生物光子学的出现和发展,为粮虫检测提供了一个新的探索思路。与生物发光、化学发光不同,所有生物系统都存在着超微弱的光辐射,即生物的超微弱发光,其强度极低,数量级为10~1 000光子/(s·cm^2)[11]。生物光子辐射谱分布相当平稳,其测量范围为200~800 nm,并且当生物系统处于受伤、外界环境突变、病变等情况时,其辐射行为会发生显著变化。伴随着生物光子辐射的实验理论研究,产生了新的分析技术,即"生物光子分析技术"。它的优点在于快速、灵敏、可靠、无损。目前已经涉及到许多领域,包括小麦发芽率检测、种子含油量测定、植物生理特性检测等方面。

结合机器学习和生物光子学的相关理论,根据小麦隐蔽性害虫检测的实际需求,进行小麦籽粒受到隐蔽性害虫入侵前后生物光子变化的机理分析,建立检测模型。模型首先使用BPCL超微弱发光测量仪对正常小麦和含虫小麦自发光进行测量,获得自发光光子数作为研究数据,然后选取8个统计特征(均值、方差、中位数、四分位数、平均差、离散系数、偏度、峰度)和直方图特征作为特征参量[12],并分别采用判别分析算法(Linear Discriminant Analysis,LDA和Quadratic Discriminant Analysis,QDA)设计分类模型,实现对正常小麦和含虫小麦的分类判别;由于小样本数据的协方差矩阵存在奇异性,会对分类结果产生影响,正则化判别分析方法(Regularized Discriminant Analysis,RDA)被引进,用来优化QDA算法,提高分类效率。所提出的模型是一种新的精准、无损检测手段,可用于虫害发生早期的辅助决策。

1 材料与方法

1.1 样品准备

实验样品以小麦为研究对象,隐蔽性害虫选用玉米象。

实验所选的小麦品种为矮抗58。制备小麦样品前,对小麦进行挑选,选出的小麦籽粒饱满、无病变,然后清洗3遍,减少小麦籽粒表面微生物对实验的影响;然后进行干燥处理,干燥箱温度设为60 ℃,直至小麦水分质量分数(13.7±0.2)%。

称小麦40 g,取20 g制备染虫小麦样品,余下20 g做正常小麦对照组。

染虫小麦制备:取20头成虫玉米象放入20 g小麦中,然后放置在30 ℃生化培养箱中(玉米象的最佳培养温度),两天后挑选出成虫,此时培养瓶中的小麦已经含有玉米象虫卵。

1.2 小麦自发光数据获取

测量仪器采用的是北京建新力拓科技有限公司生产的BPCL-ZL-TGC超微弱发光测量仪,测量仪主要由探测器、信号分析器主机、信号处理软件与

硬件系统组成。探测器由特殊型号的光电倍增管和测量样品室构成,测光灵敏度极高;信号分析器主机由电信号变换电路、高稳定度高压电源和温度控制器组成;计算机上配置微弱发光测量系统专用软件,可分别对样品进行强度、动力学曲线和光谱测量,并完成对所采集的数据进行基本的分析处理。测量前,打开 BPCL 超微弱发光测量仪,将探测室温设置为 28 ℃,调控高压为 1.03 kV。首先从生化培养箱中称小麦样品(5±0.2)g,先暗处理 30 min。然后将小麦样品放入探测室中进行自发光测量,设置测量时间为 1 800 s,采样间隔为 1 s。实验进行过程中,探测器和测量主机要进行遮光处理。同时,考虑钳后,计算机超微弱发光软件系统将自动减去本底噪声。

图 1 给出了测得的小麦的自发光光子数随时间变化趋势,其中图 1(a)属于正常小麦,图 1(b)属于含虫小麦,横坐标代表时间,纵坐标代表小麦自发光光子数。

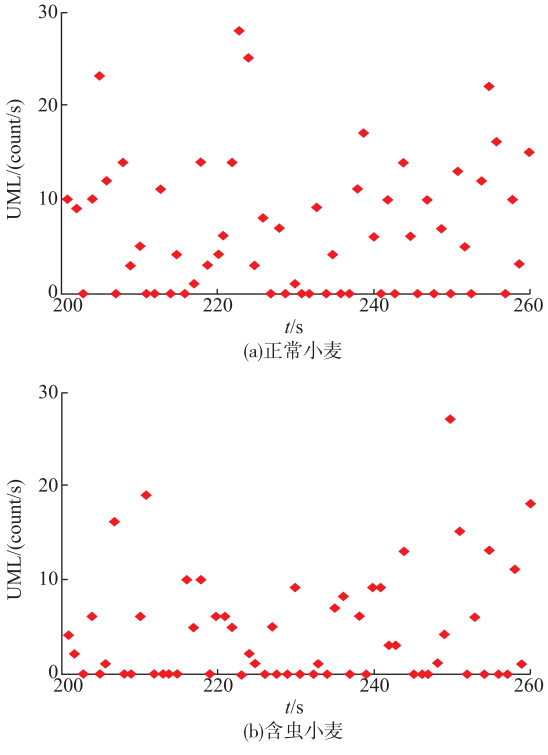


图 1 正常小麦和含虫小麦超微弱发光光子数

Fig. 1 Ultra weak luminescence photon number of the wheat kernels and the infested ones

从图 1(a)(b)可以看出,不同时刻探测到的小麦自发光光子数具有随机性,波动幅度较大,但并不能观察出正常小麦自发光和含虫小麦自发光有什么不同,如果直接使用这些数据,很难区分出所测样品是正常小麦还是含虫小麦。因此需要对所测得的数据进行特征提取,选出能够表征测量小麦的敏感特征参量。

1.2 小麦自发光特征提取

由于样本分布具有波动性,直方图可以有效地反映光子计数的分布特性,因此对实验的每组数据作频数分布直方图,经过多次实验,发现采用组距为 5 较合适,这样每组实验数据可以抽取 13 个特征值,每个特征值是对光子数落到相应组间的频数统计。由于原数据减本底后负数做了归零处理,故不将光子数为 0 的数据统计到直方图第一组间距中。

此外,样本的统计特征也可以用来反映样本的光子计数平均分布特性,从每组小麦超微弱发光数据中抽取统计特征量,即均值、方差、中位数、四分位数、平均差、离散系数、偏度、峰度,这 8 个统计特征和 13 个直方图特征相结合,共同作为分类模型的输入特征向量,维数为 21 维。

2 模型开发

由于构成的样本特征向量的各个分量存在相关性,因此需要对构建的反映小麦特性的向量进行 PCA 降维处理[13-14]。图 2 为 PCA 降维后 4 个主成分各自的贡献率以及累计贡献率柱形图,可以发现第一个主成分高达 65%,而第二个主成分只有 22%,第 3 和第 4 个主成分都不到 10%,即 21 个特征量经过 PCA 降维处理后,所选取的 4 个主成分累计贡献率能达到 95%以上,本实验选取每组前 4 个主成分(原始综合特征从 21 维降到 4 维)作为分类模型的特征输入。

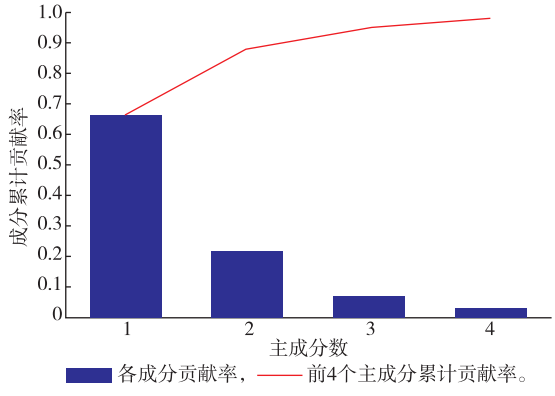


图 2 4 个主成分贡献率柱形图

Fig. 2 Bar charts of contribution rates of four principal components

分别采用判别分析算法 LDA[15]和 QDA[16]对降维后的正常小麦和含虫小麦的特征数据进行识别；并引进正则化判别分析 RDA 来解决各类协方差的奇异性问题，通过适当选取 RDA 中参数 λ、γ 的值，优化 QDA 对正常小麦和含虫小麦的分类识别率。

2.1 判别分析算法

下面简要给出 LDA，QDA 和 RDA 算法的基本实现过程。

2.1.1 线性判别分析LDA LDA 也叫做 Fisher 线性判别(Fisher Linear Discriminant，FLD)，是模式识别的经典算法，基本思想是将高维的特征数据样本投影到最佳判别矢量空间，投影的样本在新的子空间有最大的类间距离和最小的类内距离，即样本在投影空间中有最佳的可分离性。在 LDA 中，维数从 d 维空间通过使用变换 $\boldsymbol{W}\in\mathbf{R}^{d*h}$ 减小到 h 维空间($h<d$)。变换(或方向)矩阵 $\boldsymbol{W}$ 是通过最大化 Fisher 准则，即特征向量从高维空间降到低维空间，在低维空间中使类间离散度最大化，类内离散度最小化，即

$$J(\boldsymbol{W})=\arg\max_{w}\frac{|\boldsymbol{W}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{S}_B\boldsymbol{W}|}{|\boldsymbol{W}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{S}_W\boldsymbol{W}|} \tag{1}$$

式(1)中，$\boldsymbol{S}_W\in\mathbf{R}^{d*d}$ 是类内离散度矩阵，$\boldsymbol{S}_B\in\mathbf{R}^{d*d}$ 是类间离散度矩阵，分别见公式(2)(3)。其中训练样本集类别总数为 C，n_i 表示其中属于第 i 类的样本数量，$x_j^i\in\mathbf{R}^n$ 表示来自第 i 类的第 j 个样本，n 为所有类别样本总数。方向矩阵 $\boldsymbol{W}$ 可以通过 $\boldsymbol{S}_W^{-1}\boldsymbol{S}_B$ 特征值分解计算所得。

$$\boldsymbol{S}_W=\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{C}\sum_{j=1}^{n_i}(x_j^i-m_i)(x_j^i-m_i)^{\mathrm{T}} \tag{2}$$

$$\boldsymbol{S}_B=\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{C}(m_i-m)(m_i-m)^{\mathrm{T}} \tag{3}$$

2.1.2 二次辨别分析 QDA QDA 分类问题可以描述如下：矩阵 $\boldsymbol{X}$ 包含 n 个测量样本 $x_1、x_2\cdots x_n$，每个样本有 p 个属性；k 代表类别总数，$f_k(x)$可将待测样本 x 归类为 k 个类别之一，它所依据的分类规则即为对象的正确分类是由较高概率所预测的。最常应用的分类规则是基于不同类别的正态分布，公式为

$$f_k(x)=\frac{1}{(2\pi)^{p/2}|\boldsymbol{\Sigma}_k|^{1/2}}\exp[-\frac{1}{2}(x-\boldsymbol{u}_k)^{\mathrm{T}}\boldsymbol{\Sigma}_k^{-1}(x-\boldsymbol{u}_k)] \tag{4}$$

式(4)中，$\boldsymbol{\Sigma}_k$ 和 $\boldsymbol{u}_k$ 分别表示类别 k 的协方差矩阵和均值向量，其中 n_k 为类别 k 的样本数量。公式(5)和公式(6)分别为类 k 的协方差矩阵和类 k 的均值向量：

$$\boldsymbol{\Sigma}_k=\frac{1}{n_k}\sum_{i=1}^{n_k}(x_i-\boldsymbol{u}_k)(x_i-\boldsymbol{u}_k)^{\mathrm{T}} \tag{5}$$

$$\boldsymbol{u}_k=\frac{1}{n_k}\sum_{i=1}^{n_k}x_i \tag{6}$$

公式(7)给出了类 k 的后验概率 $p(k|x)$，式中 $f_k(x)$为类 k 的概率密度函数，$p(x)$为所有类的概率密度函数，而 $p(k)$为类 k 的先验概率。

$$p(k|x)=\frac{f_k(x)p(k)}{p(x)} \tag{7}$$

将公式(4)代入公式(7)中，两边再分别取自然对数，得公式(8)：

$$\ln(p(k|x))=\ln(f_k(x))+\ln(p(k))-\ln p(x)=$$
$$-\frac{p}{2}\ln(2\pi)-\frac{1}{2}\ln|\boldsymbol{\Sigma}_k|-\frac{1}{2}(x-\boldsymbol{u}_k)^{\mathrm{T}}\boldsymbol{\Sigma}_k^{-1}(x-\boldsymbol{u}_k)+$$
$$\ln(p(k))-\ln(p(x)) \tag{8}$$

针对所有的分类问题，可忽略与类别无关的因素，并令 $\ln(p(k|x))=g_k(x)$。本研究假设各类别的先验概率相同，类条件概率密度采用正态分布，则公式(8)可改写为如下的二次判别函数

$$g_k(x)=-\frac{1}{2}\ln|\boldsymbol{\Sigma}_k|-\frac{1}{2}(x-\boldsymbol{u}_k)^{\mathrm{T}}\boldsymbol{\Sigma}_k^{-1}(x-\boldsymbol{u}_k) \tag{9}$$

对于二分类问题，类别总数 k 为 2，对任意待测样本 $\boldsymbol{X}$，如果 $g_1(\boldsymbol{X})>g_2(\boldsymbol{X})$，则将样本 $\boldsymbol{X}$ 归为第一类。

事实上，如果样本特征量的维数高于属于类 k 的样本数量 n_k，并且低于样本总数时，此时类协方差矩阵奇异，QDA 算法不能被使用；如果每组特征向量中元素个数高于样本总数 n 时，QDA 和 LDA 都不能使用，因为 QDA 和 LDA 的协方差矩阵都是病态的，属于小样本问题，协方差矩阵常常是奇异的。

2.1.3 正则化判别分析 RDA RDA[17-18]可以克服上述协方差矩阵的奇异性问题。它包含两个参数，即复杂参数 λ 和收缩参数 γ。公式(10)为各类协方差矩阵估计，正则化参数 λ 控制着 S_i 对 S 的收缩量，另一个参数γ 控制着对多倍单位矩阵的类协方差矩阵估计的收缩量。其中 $S_i=n_i\boldsymbol{\Sigma}_i$，$S=\sum_{i=1}^{k}n_i\boldsymbol{\Sigma}_i$。

$$\boldsymbol{\Sigma}_i(\lambda)=\frac{(1-\lambda)S_i+\lambda S}{(1-\lambda)n_i+\lambda n} \tag{10}$$

$$\boldsymbol{\Sigma}_i(\lambda,\gamma)=(1-\lambda)\boldsymbol{\Sigma}_i^{\lambda}+\gamma c_i(\lambda)\boldsymbol{I}_p,$$
$$c_i(\lambda)=\mathrm{tr}\{\boldsymbol{\Sigma}_i^{\lambda}\}/P \quad (11)$$

式(10)中,n_i 表示第 i 类训练样本数,n 表示全部训练样本总数,k 表示类别总数,$\boldsymbol{\Sigma}_i$ 表示类 i 的协方差。

式(11)中,参数 γ 用来对式(10)做进一步调整,其中 $\boldsymbol{I}_p$ 为 $P\times P$ 维单位矩阵,P 为模式特征子空间的维数。适当的正则化参数选择是通过尝试λ 和 γ 的不同值组合得到的,两种极端情况如下:

1)当 λ=1 并且 γ=0 时,RDA 等同于 LDA;

2)当 λ=0 并且 γ=0 时,RDA 的结果等同于QDA。

2.2 实验方法

选择染虫 24~28 d 的含虫组数据和正常组数据,随机抽取分类训练样本 30 组(正常 15 组和含虫 15 组),测试样本 20 组(正常 10 组和含虫 10 组)。对数据样本分别进行如下实验:

1)对综合后的 21 个特征值进行主成分分析 PCA;

2)在 PCA 的基础上,采用判别分类算法(LDA、QDA)对正常组小麦和含虫组小麦进行分类器设计;

3)对于原始数据(未经 PCA 处理的数据)中存在的各类协方差矩阵为奇异矩阵的问题,引进正则化判别分析 RDA 方法解决,采用 QDA 对正常小麦和含虫小麦进行分类器设计。

3 结果与分析

首先,对 21 个特征值进行 PCA 处理,选取前 4 个主成分,在此基础上,分别采用 LDA、QDA 两种判别分类法对 30 组数据进行训练,然后对 20 组数据进行测试,表 1 给出了分类结果。可以发现,使用 LDA 分类正确率可以达到 90%,而采用 QDA 算法的分类效果只有 75%。

表 1 采用 LDA、QDA 两种判别分类法的分类效果

Table 1 Discriminant classification results using LDA and QDA

分类算法	数据经过 PCA 处理		
	测试正确组数	失败组数	总成功率/%
LDA	18	2	90
QDA	15	5	75

图 3 给出了两种算法分别对正常小麦的分类准确率和含虫小麦的分类准确率的统计分析,可以看出,两种算法都可以对含虫和正常小麦进行识别,采用 LDA 算法要优于 QDA。

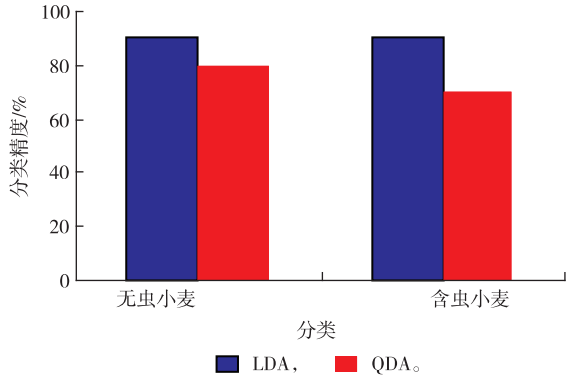


图 3 LDA 和 QDA 算法对正常小麦和含虫小麦分类的结果

Fig. 3 Classification results of uninfested wheat and infested wheat using LDA and QDA

QDA 的分类效果低于 LDA,其主要原因在于 QDA 算法中各类别的协方差矩阵奇异性问题,因此可以引入正则化判别分析 RDA 代替 PCA 方式来解决(选取特征为 21 个综合后的特征值)。RDA 包括两个参数(复杂参数和收缩参数),其参数取值不同,最终的分类结果也不同。采用 RDA+QDA 算法对正常小麦和含虫小麦分类,输出结果见表 2。

表 2 RDA+QDA 进行分类的识别率

Table 2 Classification recognition rate of RDA+QDA

%

参数λ、γ(λ=γ)	RDA+QDA								
	0.1	0.2	0.3	0.4	0.5	0.6	0.7	0.8	0.9
DQA	90	90	90	90	90	85	85	90	85

可见,在复杂参数和收缩参数选取适当时(经过 CrossValidation 多次实验最终确定最优值,本实验假设简单情况下 λ 和 γ 取值一样),QDA 的分类结果能达到 90%。图 4 给出了 PCA+QDA 和 RDA+QDA 算法(λ、γ 取值分别为 0.1~0.5 和 0.8)分别对正常小麦和含虫小麦的分类准确率统计结果,说明适当选取复杂参数和收缩参数的取值,RDA 能显著提高 QDA 分类效果。

上述实验过程列出的分类结果是整体的分类结果,考虑到不同分类结果对客观情况的影响,主要是含虫小麦被误判为正常小麦,以及正常小麦被误判为含虫小麦,这些都会产生不必要的损失。漏警率和虚警率[19]可以更加客观地反映出分类的真实情况。表 3 和表 4 分别给出了漏警率和虚警率。

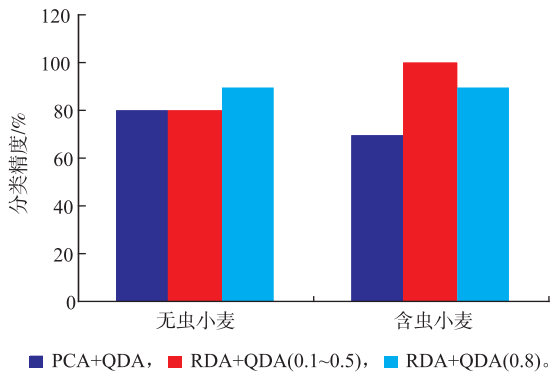


图 4　PCA+QDA 和 RDA+QDA 算法对正常小麦和含虫小麦分类的结果

Fig. 4　Classification results of uninfested wheat and infested wheat using PCA+QDA,RDA+QDA

表 3 可见,总样本经过 PCA 处理后,LDA 算法分类结果的漏警率和虚警率相对于 QDA 算法分类结果的漏警率和虚警率要低得多,均为 10%。

表 3　统计两种算法的漏警率、虚警率

Table 3　Missing alarm and falsing alarm of the two kinds of classification algorithm

统计项目	判别分类方法	
	LDA	QDA
漏警率/%	10	30
虚警率/%	10	18.2

从表 4 可以看出，当 RDA 的参数 λ、γ 取值为 0.1~0.5 时，采用 RDA+QDA 分类算法的漏警率为 0,虚警率为 16.7%;当参数 λ、γ 取值为 0.8 时,同样的分类正确率,但其漏警率和虚警率均为 10%。显然，采用 QDA 算法对正常小麦和含虫小麦进行分类器设计时，样本经过正则化判别分析 RDA 的分类效果，要高于经过主成分分析后使用的 QDA 分类效果。

表 4　λ 和 γ 取值不同时,RDA+QDA 算法的漏警率和虚警率

Table 4　Missing alarm and falsing alarm of RDA+QDA with different values ofand λ,γ

统计项目	参数 λ、γ 取值			
	0.1~0.5	0.6~0.7	0.8	0.9
漏警率/%	0	10	10	20
虚警率/%	16.7	18.2	10	11.1

综合比较 3 种算法,都可以实现对正常小麦和害虫小麦的分类识别，而采用 RDA+QDA 算法,当参数、取值为 0.1~0.5 时,分类效果要优于其它两类经过 PCA 处理后的 LDA 和 QDA 分类算法。

3 结　语

基于生物光子学的最新理论,与小麦隐蔽性害虫检测的实际需求相结合,使用机器学习的分类及优化算法,实现仓储小麦害虫的无损检测。检测过程利用 BPCL 超微弱发光测量仪，分别测量正常小麦和含虫小麦的自发光光子数,从中提取统计特征和直方图特征构建特征向量,分别采用 3 种分析算法(LDA,QDA 和 RDA+QDA 算法)对数据进行分类模型设计,实验结果表明,所提模型可以较好地区分正常和含虫小麦，可以为早期发现粮虫提供帮助，为粮食仓储部门采取适当的措施提供科学依据。本研究结果还不能对害虫的卵期、幼虫期作分类处理,这有待进一步研究和深入探索。

参考文献:

[1] Hill D S. Pests of stored products and their control[M]. Boca Raton:CRC Press,1990.

[2] 白旭光. 储粮害虫检测技术评述[J]. 粮食储藏,2010,39(1):6-9.
BAI Xuguang. A review of technology for detecting stored grain insects[J]. **Grain Storage**,2010,39(1):6-9.(in Chinese)

[3] Beck C W,Blumer L S. A handbook on bean beetles,callosobruchus maculatus [J]. **National Science Foundation**,2009,18:11. [2014-12-14].http://www.beanbeetles.org/handbook.pdf.

[4] Neethirajan S,Karunakaran C,Jayas D S,et al. Detection techniques for stored-product insects in grain [J]. **Food Control**, 2007,18:157-162.

[5] 中华人民共和国发改委粮食局. LS/T 1211-2008 粮油储藏技术规范[S]. 北京:中国标准出版社,2008.

[6] Jan Hubert,Marta Nesvorna,Vaclav Stejskal. The efficacy of sieving,filth flotation and tullgren heat extraction for detecting various developmental stages of tribolium castaneum and ephestia kuehniella in samples of wheat grain,flour and semolina[J]. **Journal of Stored Products Research**,2009,45(4):279-288.

[7] Hagstrum D W,Flinn P W,Shuman D. Automated monitoring using acoustical sensors for insects in farm-stored wheat[J]. **Journal of Economic Entomology**,1996,89(1):211-217.

[8] Karunakaran C,Jayas D S,White N D G. X-ray image analysis to detect infestations caused by insects in grain [J]. **Cereal Chemistry**,2003,80:553-557.
[9] 张蓝月,邵小龙,黄行健,等. 储粮害虫检测技术研究进展[J]. 食品安全质量检测学报,2014,5(8):2366-2371.
ZHANG Lanyue,SHAO Xiaolong,HUANG Xingjian,et al. Advances in detection technologies for stored grain insect pests[J]. **Journal of Food Safety and Quality**,2014,5(8):2366-2371.(in Chinese)
[10] Maghirang E B,Dowell F E,Baker J E,et al. Automated detection of single wheat kernels containing live or dead insects using near-infrared reflectance spectroscopy[J]. **Transactions of the ASAE**,2003,46:1277-1282.
[11] 顾樵. 生物光子学[M]. 北京:科学出版社,2007.
[12] Kaliramesh S,Chelladurai V,Jayas D S,et al. Detection of infestation by callosobruchus aculates in mung bean using near-infrared hyperspectral imaging[J]. **Journal of Stored Products Research**,2013,53:107-111.
[13] 胡洁. 高维数据特征降维研究综述[J]. 计算机应用研究,2008,25(9):2601-2606.
HU Jie. Survey on feature dimension reduction for high-dimensional data [J]. **Application Research of Computers**,2008,25(9):2601-2606.(in Chinese)
[14] 胡煜. 主分量分析方法和二次判别分析方法应用于基因芯片数据分析[J]. 广东技术师范学院学报,2007(10):25-27.
HU Yu. Applied the PCA dimensiona reduction and quadratic discriminant analysis (QDA) on gene data expression analysis[J]. **Journal of Guangdong Polytechnic Normal University**,2007(10):25-27.(in Chinese)
[15] Wu W,Mallet Y,Walczak B,et al. Comparison of regularized discriminant analysis,linear discriminant analysis and quadratic discriminant analysis,applied to NIR data[J]. **Analytica Chimica Acta**,1996,329:257-267.
[16] 王卫东,杨静宇. 采用虚拟训练样本的二次判别分析方法[J]. 自动化学报,2008,34(4):401-407.
WANG Weidong,YANG Jingyu. Quadratic discriminant analysis method based on virtual training samples[J]. **Acta Automatica Sinica**,2008,34(4):401-407.(in Chinese)
[17] Lu Juwei,Plataniotis K N,Venetsanopoulos A N. Regularized discriminant analysis for the small sample size problem in face recognition[J]. **Pattern Recognition Letters**,2003,24:3079-3087.
[18] Friedman J. Regularized discriminant analysis[J]. **J Am Stat Assoc**,1989,84:165-175.
[19] 张峰,李晖,张钦宇. 一种降低虚警和漏警对 HARQ 失败影响的方法[J]. 电视技术,2009,49(8):81-85.
ZHANG Feng,LI Hui,ZHANG Qinyu. A method for reducing the effect of false alarm and missing alarm on HARQ-failure[J]. **Telecommunication Engineering**,2009,49(8):81-85.(in Chinese)

会　议　信　息

会议名称(中文):第九届纳米生物系统国际会议
会议名称(英文):Nanobiosystems: Processing, Characterization, and Applications IX
所属学科:生物技术与生物工程,纳米科学与技术
开始日期:2016-08-28
结束日期:2016-09-01
所在国家:美国
具体地点:San Diego, California
主办单位:国际光学工程学会
会议网站:http://spie.org/OPN/conferencedetails/nanobiosystems