

文章编号 1004-924X(2013)08-1974-07

## 应用光程校正空间法提升近红外 无创生化分析模型性能

高洪智<sup>1</sup>, 卢启鹏<sup>1\*</sup>, 丁海泉<sup>1</sup>, 陈思唯<sup>2</sup>

- (1. 中国科学院 长春光学精密机械与物理研究所 应用光学国家重点实验室, 吉林 长春 130033;  
2. 吉林大学 化学学院, 吉林 长春 130012)

**摘要:** 由于采用血流容积差光谱相减法进行近红外无创生化分析得到的样品光谱光程不定, 很难得到高性能的定标模型, 本文提出采用光程校正空间法来消除光程差异, 提升定标模型性能。首先, 介绍了净信号分析的原理和校正空间的获取方法; 根据血流容积差光谱相减法的特点, 提出了采用光程校正空间获取待测组分净信号的方法。然后, 以含葡萄糖的脂肪乳溶液为例, 通过光程校正空间获取葡萄糖净信号, 建立定标模型。实验结果表明: 相比没有处理光程直接建立的定标模型, 采用光程校正空间后所建立的模型相关系数(R)从 0.978 1 提升到 0.997 7, 定标均方根偏差(RMSEC)从 77.52 mg/dL 下降到 25.02 mg/dL, 交叉验证均方根偏差(RMSECV)从 93.01 mg/dL 下降到 68.22 mg/dL。结果显示, 采用光程校正空间的净信号分析能够有效抑制光程差异对定标模型的影响, 为血流容积差光谱相减法的实际应用奠定了基础。

**关键词:** 近红外光谱; 无创生化分析; 光程校正空间; 净信号分析

**中图分类号:** O433.1; O657.33 **文献标识码:** A **doi:** 10.3788/OPE.20132108.1974

## Improvement of model performance for near-infrared non-invasive biochemical analysis by pathlength correction space method

GAO Hong-zhi<sup>1</sup>, LU Qi-peng<sup>1\*</sup>, DING Hai-quan<sup>1</sup>, CHEN Si-wei<sup>2</sup>

- (1. *State Key Laboratory of Applied Optics, Changchun Institute of Optics, Fine Mechanics and Physics, Chinese Academy of Sciences, Changchun 130033, China;*  
2. *College of Chemistry, Jilin University, Changchun 130012, China*)

\* *Corresponding author, E-mail: luqipeng@126.com*

**Abstract:** As the spectral pathlength obtained by spectral subtraction approach with different flow blood volumes is uncertain in a near-infrared noninvasive biochemical analysis, it is difficult to obtain a high performance calibration model. Therefore, a pathlength correction space method was proposed to eliminate the uncertain and to improve the performance of calibration. Firstly, the principle of Net Analyte Signal (NAS) and how to obtain a correction space were introduced. Then, a new approach to get NAS was proposed using the pathlength correction space according to the features of spectral

**收稿日期:** 2013-01-22; **修订日期:** 2013-03-12.

**基金项目:** 国家 863 高技术研究发展计划资助项目 (No. 2012AA022602); 国家自然科学基金重点项目 (No. 60938002); 中国科学院知识创新工程领域前沿资助项目 (No. Y00232Q100); 应用光学国家重点实验室开放基金资助项目 (No. Y1Q03FQ113)

subtraction approach. Finally, by taking the intralipid with different glucose concentrations for example, the NAS of glucose was acquired by using the pathlength correction space and a calibration model was established. Compared with the Partial Least Square(PLS) model without pathlength correction space, the correlation coefficient has been improved from 0.978 1 to 0.997 7, the Root Mean Square Error of Calibration (RMSEC) from 77.52 mg/dL down to 25.02 mg/dL, and the Root Mean Square Error of Cross Validation (RMSECV) from 93.01 mg/dL down to 68.22 mg/dL. The analysis result verifies that the pathlength correction space can effectively restrain the influence of different pathlengths and the method can set the stage for the practical application of the spectral subtraction approach with different flow blood volumes.

**Key words:** near-infrared spectroscopy; noninvasive biochemical analysis; pathlength correction space; Net Analysis Signal(NAS)

## 1 引言

血液的生化检测是检验人体功能性指标、疾病预防及诊断的重要手段。常规的生化检测要抽血,给人带来疼痛和不便,甚至存在安全隐患(易感染疾病)。自20世纪90年代开始,国际上掀起了以血糖为代表的血液生化成分近红外无创检测研究的热潮<sup>[1-6]</sup>,该方法因具有无痛苦、无感染、无需试剂、可实时监测等优点,而备受关注<sup>[7-8]</sup>。但近红外无创生化检测过程却相当复杂,目前面临的难题主要有:(1)有效信号微弱;(2)人体组织背景强而多变。

许多研究小组对近红外无创生化分析中人体组织的背景干扰问题进行了研究,Yamakoshi等<sup>[9]</sup>利用脉搏血氧计的原理提出脉搏无创测血糖理论,李刚等<sup>[10]</sup>提出“动态光谱”法用于消除人体背景产生的干扰,徐可欣等<sup>[11]</sup>提出基于“浮动基准”的无创血糖检测方法。但这些方法均面临着一些亟待解决的关键技术点。本研究小组经过长期深入的研究,提出了血流容积差光谱相减法<sup>[7,12]</sup>,即在短时间(秒量级)内连续测得人体某一部位的近红外光谱,取两幅血流容积发生变化的人体光谱进行相减,可扣除人体组织产生的强背景干扰,得到一定血流容积的血液光谱。

在人体脉搏或其它因素(如运动负荷、血流阻断等)的作用下,人体中血流容积是变化的,任意两幅人体光谱相减后得到的血液光谱的光程是未知的,这对近红外定标模型产生了不利影响,需要采取措施消除不定光程带来的干扰。本课题组曾采用正交信号校正的方法来消除光程差异<sup>[13]</sup>,该方法依赖于所采集光谱以及待测组分信息的准确

性,且需要大量的光谱及待测组分信息作为参考来消除光程干扰。

净信号分析(Net Analyte Signal, NAS)能够得到样品光谱中仅与待测组分有关的信息,可以有效避开其它因素的干扰,因此在近红外光谱分析中得到了广泛的应用,如特征波长选取、异常样品检测及模型品质的研究等。

由于光程信息与样品的待测组分是不相关的,理论上采用净信号分析可以得到不含光程信息的待测组分净信号,从而有效避开不定光程对定标模型的影响。因此,本文在净信号分析的基础上,结合血流容积差光谱相减法的特点,提出了采用光程校正空间来提取待测组分净信号的方法。利用此方法分析了含葡萄糖的脂肪乳溶液,结果表明,采用光程校正空间的净信号分析降低了不定光程对定标模型的影响。

## 2 基于光程校正空间的净信号分析

### 2.1 净信号分析的基本原理

1986年,Avraham Lorber首次提出了净信号分析<sup>[14]</sup>。净信号定义为样品光谱中待测组分信息正交于其它干扰信息的部分。净信号分析的原理如图1所示, $S_{-k}$ 表示样品光谱矩阵中与待测组分 $k$ 无关信息所建立的校正空间, $S_k$ 为某条样品光谱,将它投影到校正空间,即可消除干扰信息的影响,得到仅反映组分 $k$ 的净信号 $S_{k,net}$ 。

根据朗伯比尔定律,样品的近红外光谱可以认为是样品中各成分浓度的函数,其经典模型形式为:

$$R_{ij} = \sum_k^M C_{ik} S_{kj} + D_{ij}, \quad (1)$$

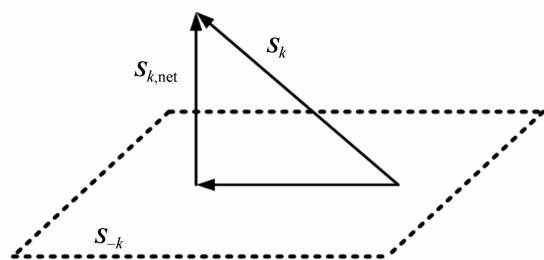


图 1 净信号分析原理图

Fig. 1 Schematic diagram of NAS

其中:  $R_{ij}$  表示第  $i$  个样品在波长  $j$  处的吸光度值,  $C_{ik}$  为第  $i$  个样品的第  $k$  个成分的浓度值,  $S_{ij}$  表示样品的成分  $k$  在波长  $j$  处的校正系数(吸光系数和其光程的乘积),  $D_{ij}$  代表光谱测量中的误差。

根据净信号的定义,组分  $k$  的净信号正交于其它纯物质光谱所组成的空间( $S_{-k}$ )的信息,由此可以得到:

$$S_{k,\text{net}} = (I - S_{-k} S_{-k}^+) S_k, \quad (2)$$

其中:  $S_{-k}^+$  为  $S_{-k}$  的 Moore-Penrose 广义逆矩阵。

同理,可以得到未知样品  $r$  组分  $k$  的净信号  $r_{k,\text{net}}$ , 为:

$$r_{k,\text{net}} = (I - S_{-k} S_{-k}^+) r. \quad (3)$$

由此可知,净信号分析中的一个重要环节就是校正空间的获取,但在实际应用中很难已知样品中所有组分的信息,无法通过简单的去除组分  $k$  的信息而得到校正空间  $S_{-k}$ 。这是净信号分析所面临的阻碍。

## 2.2 采用秩消的校正空间获取方法

Lorber 提出采用秩消方法<sup>[15]</sup>获取校正空间,即在不需要了解样品中各组分的详细信息的情况下,只通过相应的光谱信息和浓度信息即可获取样品中该组分的净信号。

为区别于经典模型中的校正空间  $S_{-k}$ ,采用秩消方法得到的校正空间称为  $R_{-k}$ 。秩消的校正空间的获取步骤为:

首先,将光谱矩阵  $R$  进行主成分分解,得到  $R$  的主成分空间。采用前  $A$  个主成分对  $R$  进行重构,表示为  $\hat{R}$ ,此时消除了噪声的干扰。

然后,通过计算得到组分  $k$  的校正空间  $R_{-k}$ ,

$$R_{-k} = \hat{R} - \hat{\alpha}_k \hat{r}^T, \quad (4)$$

其中:  $\hat{c}_k = \hat{R} \hat{R}^+ c_k$  ( $c_k$  是组分  $k$  的浓度矩阵);  $\hat{r}$  是重构的光谱矩阵  $\hat{R}$  各行的线性组合,通常取校正集样品的平均光谱作为  $\hat{r}$  的值;标量  $\alpha$  可以通过公式(5)得到。

$$\alpha = 1 / \hat{r}^T \hat{R}^+ \hat{c}_k. \quad (5)$$

根据公式(3),此时未知样品  $r$  组分  $k$  的净信号  $r_{k,\text{net}}$  为:

$$r_{k,\text{net}} = (I - R_{-k} R_{-k}^+) r. \quad (6)$$

秩消方法使  $R_{-k}$  脱离了组分  $k$  的贡献,得到了组分  $k$  的校正空间,从而获取该组分的净信号。但通过以上分析也可以看到,秩消方法是一种纯粹的数学方法,它的准确性依赖于光谱矩阵和组分  $k$  的浓度信息,对光谱测量及标准值获取的要求较为严苛。

## 2.3 光程校正空间的建立

如何使校正空间同时具备数学和物理特性,从而更好地获取净信号是一个重要的研究方向。Arnold 等<sup>[16]</sup>提出了一种新的校正空间获取方法,它们在白鼠注射葡萄糖实验中,认为光谱测量时的温度、探针压力等因素与白鼠血糖是不相关的。将这些干扰因素建立了一个校正空间来获取血糖的净信号,通过这一含有物理概念的校正空间建立方法,较准确地获取了白鼠的血糖净信号,在该小组发表的多篇论文中均应用了此方法<sup>[17-18]</sup>。刘蓉等<sup>[19]</sup>采用类似的方法在合频区对葡萄糖溶液进行了分析,通过建立与葡萄糖信息无关的“背景空间”来提取葡萄糖的净信号,并将其与秩消方法获取的净信号进行了比较,认为两者相似。

通过以上分析可以看出,根据实际应用情况选取与组分无关的校正空间可以获得待测组分的净信号;相比秩消方法,这些校正空间获取方法具有更好的物理意义,同时也降低了对光谱矩阵和组分浓度信息的准确性要求。

在血流容积差光谱相减法的应用中,本文得到了光程各异的纯净血液光谱。由于光程差异信息与血液中待测组分信息无关,可采用血液组分不变时的一系列不同光程的血液光谱建立光程校正空间,光程差异即是此校正空间的主要成分。按照公式(6),将待测血液组分变化时测得的光谱向此校正空间正交投影,便可得到消除了光程干扰的净信号,从而建立更加准确和稳健的近红外定标模型。

## 3 实验与结果分析

### 3.1 实验原理与样品制备

由于脂肪乳溶液的散射特性、吸收特性及各向异性因子等与生物组织的光学参数较为接近,

脂肪乳被许多学者作为生物组织的模拟溶液<sup>[20]</sup>。为了更好地验证基于光程校正空间的净信号获取方法,避免信号微弱、噪声干扰等因素的影响,本实验以含有葡萄糖的脂肪乳溶液作为对象,按照血流容积差光谱相减法的相同情况设计实验,通过改变葡萄糖脂肪乳溶液的光程,模拟光谱相减后得到的不同光程血液光谱,重点分析采用光程校正空间的净信号分析方法在消除光程干扰方面的作用。

本实验以浓度为20%的脂肪乳注射液作为溶质,配制成各种不同葡萄糖浓度的脂肪乳溶液,用来模拟人体血液及血糖信息。最终得到35份不同葡萄糖浓度的脂肪乳溶液,葡萄糖的浓度为100~1 500 mg/dL。

### 3.2 实验仪器与光谱采集

实验仪器采用 Nicolet 6700 傅里叶变换红外光谱仪。光源为卤钨灯,采用  $\text{CaF}_2$  作为分束器,选择 TE 制冷的 InGaAs 探测器进行信号采集,光谱采集软件采用配套的 OMNIC 软件。光谱采集参数设置如下:光谱采集范围为 1 000~2 500 nm,分辨率为  $8 \text{ cm}^{-1}$ ,扫描次数为 32 次。

采用可调光程样品池来改变葡萄糖脂肪乳溶液的光程(如图2所示),最大可调光程为 5 mm,最大可分辨光程为 0.01 mm。首先,保持溶液中葡萄糖含量为 100 mg/dL 不变,样品池光程每改变 0.05 mm 时测量一次光谱,用于建立光程校正空间,光程为 0.05~0.6 mm;然后,通过计算机生成一系列随机光程(范围在校正空间的光程之内),每种葡萄糖浓度的脂肪乳溶液分配一个随机光程并测量其近红外光谱。

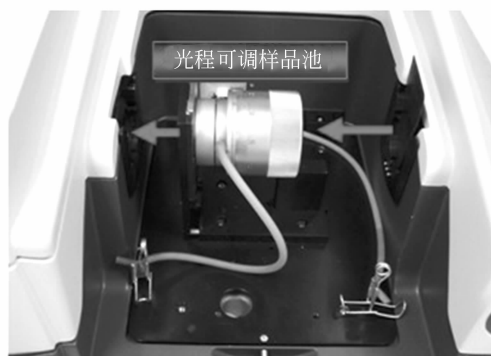


图2 实验装置图

Fig. 2 Diagram of experimental apparatus

### 3.3 基于光程校正空间的净信号分析

图3为采集到的不同光程不同葡萄糖浓度的脂肪乳溶液的近红外光谱。在第一倍频的水窗波段<sup>[21]</sup>(1 600~1 800 nm),各光谱的吸光度适中,具有较好的信噪比。Arnold 等测量了葡萄糖第一倍频波段的摩尔吸收系数,在 1 690 nm 以及 1 780 nm 处存在葡萄糖的特征吸收峰<sup>[22]</sup>。可见,选取 1 600~1 800 nm 作为分析波段既能很好地反映葡萄糖的吸收信息,又能较好地得到信噪比的吸收光谱。

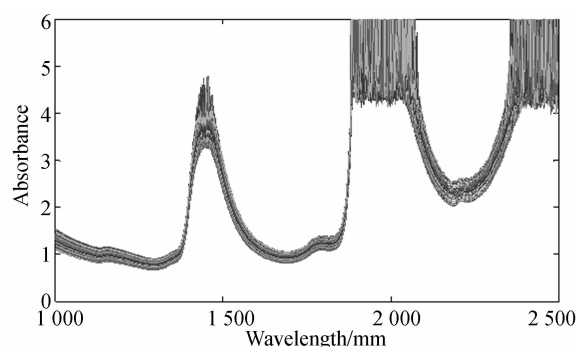


图3 不同光程、不同葡萄糖浓度的脂肪乳溶液近红外光谱

Fig. 3 NIR spectra of intralipid with different path-lengths and glucose concentrations

用 100 mg/dL 葡萄糖浓度的脂肪乳在各种光程下的光谱组成光谱矩阵  $\mathbf{R}$ ,对其进行主成分分解,重构后得到光程校正空间  $\mathbf{R}_k$ ,然后按照公式(6)将不同光程不同葡萄糖浓度的脂肪乳光谱向光程校正空间进行正交投影,从而得到各自的净信号。最后,采用偏最小二乘法(Partial Least Square, PLS)将这些净信号和各自的葡萄糖浓度建立定标模型。图4为所建模型的散点图,模型的相关系数  $R$  为 0.997 7,定标均方根偏差(Root Mean Square Error of Calibration, RMSEC)为 25.02 mg/dL,交叉验证均方根偏差(Root Mean Square Error of Cross Validation, RMSECV)为 68.22 mg/dL。

作为对比,本文将没有经过处理的不同光程、不同葡萄糖浓度的脂肪乳光谱直接建立 PLS 模型,同时采用秩消方法来获取葡萄糖的校正空间,利用得到的净信号建立 PLS 模型(如图5所示)。表1列出了各种模型的性能参数,从中可以看出,没有经过光程校正直接建立的 PLS 模型性能最差,采用秩消方法和光程校正空间得到的 PLS 模

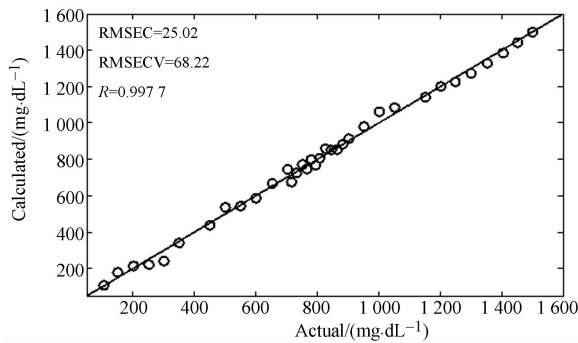
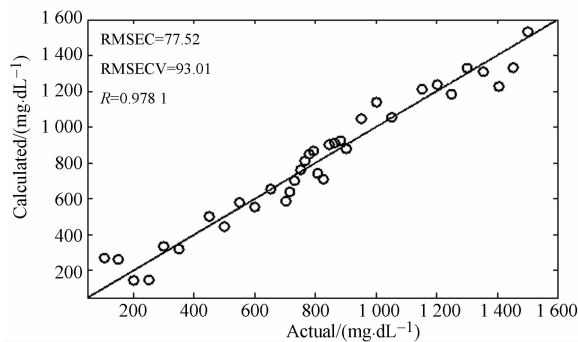


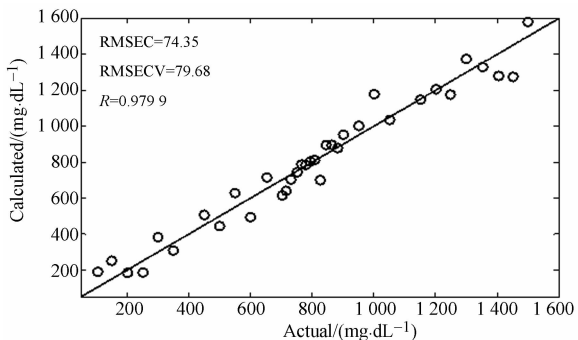
图 4 光程校正空间得到的葡萄糖净信号 PLS 模型

Fig. 4 PLS model obtained using pathlength correction space



(a) 无预处理的直接 PLS 模型

(a) PLS model without preprocessing



(b) 秩消方法得到的净信号 PLS 模型

(b) PLS model obtained using rank annihilation

图 5 不同光程不同葡萄糖浓度的脂肪乳 PLS 模型

Fig. 5 PLS models of intralipid with different pathlengths and glucose concentrations

型性能均得到了提升,这说明光程差异得到了抑制。采用光程校正空间得到的 PLS 模型最优,说明采用光程校正空间获取葡萄糖的净信号相比秩消方法具有更好的抗干扰能力。

表 1 3 种 PLS 模型的性能比较

Tab. 1 Comparison of performance among three PLS models

	R	RMSEC/ /(mg · dL <sup>-1</sup> )	RMSECV/ (mg · dL <sup>-1</sup> )
No preprocessing	0.978 1	77.52	93.01
Rank annihilation	0.979 9	74.35	79.68
Pathlength correction space	0.997 7	25.02	68.22

## 4 结 论

虽然血流容积差光谱相减法理论上能够消除人体组织产生的强背景干扰,得到纯净的血液光谱;但光谱相减后得到的是光程各异的光谱,给建模分析带来了困难。本文在净信号分析的基础上,根据血流容积光谱相减法的特点,提出了建立光程校正空间来提取待测组分净信号的方法。以含有葡萄糖的脂肪乳为例,通过获取光程校正空间,进而得到葡萄糖的净信号,所建立模型的相关系数  $R$  为 0.997 7, RMSEC 和 RMSECV 分别为 25.02 mg/dL 和 68.22 mg/dL,模型性能得到了较大的提升。实验结果表明,采用光程校正空间的净信号分析能够有效抑制光程差异对定标模型的影响。此外,本方法具有明确的物理意义,在实际操作中对光谱以及待测组分信息准确性的要求有所降低,在外界条件变化不大的情况下,仅需要一组光程校正空间,便能对所得的一系列不同光程的光谱进行校正,这为血流容积差光谱相减法的实际应用奠定了基础。

## 参考文献:

- [1] HEISE H M, MARBCH R. Multivariate determination of blood substrates in human plasma by FT-NIR spectroscopy[J]. *The International Society for Optical Engineering*, 1991, 1575: 507-508.
- [2] AMEROV A K, CHEN J, AMOLD M A. Scattering

and absorption effects in the determination of glucose in whole blood by near-infrared spectroscopy [J]. *Analytical Chemistry*, 2005, 77: 4587-4594.

- [3] 罗云瀚, 陈哲, 陈星旦. 近红外光谱无创血糖测量的极限检测浓度研究[J]. *光学精密工程*, 2008, 16(5): 784-789.

- LUO Y H, CHEN ZH, CHEN X D. Detection limit of glucose concentration in noninvasive sensing with near infrared spectroscopy [J]. *Opt. Precision Eng.*, 2008,16(5):784-789. (in Chinese)
- [4] ALEXEEVA N V, ARNOLD M A. Impact of tissue heterogeneity on noninvasive near infrared glucose measurements in interstitial fluid of rat skin [J]. *Journal of Diabetes Science and Technology*, 2010,4:1041-1054.
- [5] 刘振尧,潘涛. 可见-近红外光谱测定血红蛋白的等效波段选择[J]. *光学精密工程*, 2012,20(10):2170-2175.
- LIU Z Y, PAN T. Equivalent waveband selection of VIS-NIR spectroscopic measurement for hemoglobin [J]. *Opt. Precision Eng.*, 2012,20(10):2170-2175. (in Chinese)
- [6] 卢启鹏,陈丛,彭忠琦. 自适应滤波在近红外无创生化分析中的应用[J]. *光学精密工程*, 2012,20(4):873-879.
- LU Q P, CHEN C, PENG ZH Q. Application of adaptive filter to noninvasive biochemical examination by near infrared spectroscopy [J]. *Opt. Precision Eng.*, 2012,20(4):873-879. (in Chinese)
- [7] 陈星旦. 近红外无创生化检验的可能性[J]. *光学精密工程*, 2008,16(5):759-763.
- CHEN X D. Possibility of noninvasive clinical biochemical examination by near infrared spectroscopy [J]. *Opt. Precision Eng.*, 2008,16(5):759-763. (in Chinese)
- [8] 陈星旦,高静,丁海泉. 论无创血糖监测的红外光谱方法[J]. *中国光学*, 2012(4):317-326.
- CHEN X D, GAO J, DING H Q. Infrared spectroscopy for non-invasive blood glucose monitoring [J]. *Chinese Optics*, 2012(4):317-326. (in Chinese)
- [9] YAMAKOSHI K, YAMAKOSHI Y. Pulse glucometry: a new approach for noninvasive blood glucose measurement using instantaneous differential near-infrared spectrophotometry [J]. *Journal of Biomedical Optics*, 2006,11(5):054028.
- [10] 张志勇,门剑龙,李刚,等. 动态光谱法用于人体血红蛋白浓度的无创测量[J]. *光谱学与光谱分析*, 2010,30(1):150-153.
- ZHANG ZH Y, MEN J L, LI G. Non-invasive measurement of human hemoglobin concentration by dynamic spectrum method [J]. *Spectroscopy and Spectral Analysis*, 2010,30(1):150-153. (in Chinese)
- [11] YANG Y, CHEN W L, SHI ZH ZH, *et al.*. Reference point of floating-reference method for blood glucose sensing [J]. *Chinese Optics Letters*, 2010,8(4):421-424.
- [12] 丁海泉,卢启鹏,高洪智. 光谱相减法用于无创生化检测中背景扣除实验研究[J]. *光谱学与光谱分析*, 2012,32(9):2347-2350.
- DING H Q, LU Q P, GAO H ZH. Experimental study of differential spectrum method for elimination of tissue background in noninvasive biochemical detection [J]. *Spectroscopy and Spectral Analysis*, 2012,32(9):2347-2350. (in Chinese)
- [13] 高洪智,卢启鹏,丁海泉. 近红外无创生化检测中不同光程的光谱校正模型的研究[J]. *光谱学与光谱分析*, 2012,32(5):1423-1426.
- GAO H ZH, LU Q P, DING H Q. Study of calibration model of different pathlength spectra in near infrared noninvasive biochemical sensing [J]. *Spectroscopy and Spectral Analysis*, 2012,32(5):1423-1426. (in Chinese)
- [14] LORBER A. Error propagation and figures of merit for quantification by solving matrix equations [J]. *Analytical Chemistry*, 1986,58:1167-1172.
- [15] LORBER A. Net analyte signal calculation in multivariate calibration [J]. *Analytical Chemistry*, 1997,69:1620-1626.
- [16] OLESBERG J T, LIU L, ZEE V V, *et al.*. In vivo near-infrared spectroscopy of rat skin tissue with varying blood glucose levels [J]. *Analytical Chemistry*, 2006,78(1):215-223
- [17] OLESBERG J T, ARNOLD M A, HU S B. Temperature-insensitive near-infrared method for determination of protein concentration during protein crystal growth [J]. *Analytical Chemistry*, 2000,72(20):4985-4990.
- [18] RILEY M R, ARNOLD M A, MURHAMMER D W. Effect of sample complexity on quantification of analytes aqueous samples by near-infrared spectroscopy [J]. *Applied Spectroscopy*, 2000,54(2):255-261.
- [19] 刘蓉,陈文亮,谷筱玉,等. 人体血糖无创测量中净信号的提取方法[J]. *纳米技术与精密工程*, 2008,6(3):207-211.
- LIU R, CHEN W L, GU X Y, *et al.*. Extraction of net analyte signal in the noninvasive blood glucose sensing [J]. *Nanotechnology and Precision Engineering*, 2008,6(3):207-211. (in Chinese)

- [20] 张琳,张春平. 组织模拟液 Intralipid-10%的吸收系数和各向异性因子的测量[J]. 发光学报,2009,30(6):858-861.  
ZHANG L, ZHANG CH P. Measurements of absorption and anisotropy coefficients in fat emulsion intralipid-10% [J]. *Chinese Journal of Luminescence*,2009,30(6):858-861. (in Chinese)
- [21] 杨皓旻,高洪智,王动民,等. 血清中胆固醇、甘油三酯近红外水窗波段光谱检测研究[C]. 全国第二届近红外光谱学术会议论文集,2008:311-314.  
YANG H M, GAO H ZH, WANG D M, *et al.*, .  
Study on determination of cholesterol and triglyceride in human serum utilizing Near-infrared water windows[C]. *Proceedings of the 2nd Chinese Conference on Near Infrared Spectroscopy*, 2008:311-314. (in Chinese)
- [22] AMEROV A K, CHEN J, SMALL G W. Molar absorptivities of glucose and other biological molecules in aqueous solutions over the first overtone and combination regions of the near-infrared Spectrum[J]. *Applied Spectroscopy*, 2004, 58(10): 1195-1204.

#### 作者简介:



高洪智(1984—),男,河南洛阳人,博士,助理研究员,2005年于华中科技大学获得学士学位,2011年于中国科学院长春光学精密机械与物理研究所获得博士学位,主要从事光谱仪器、光谱技术方面的研究。E-mail: ghonzi@163.com



丁海泉(1982—),男,黑龙江齐齐哈尔人,博士,副研究员,2005年于华中科技大学获得学士学位,2010年于中国科学院长春光学精密机械与物理研究所获得博士学位,主要从事近红外光谱分析、无创生化检测等方面的研究。E-mail: haiquan\_ding@163.com



卢启鹏(1964—),男,黑龙江齐齐哈尔人,硕士,研究员,博士生导师,1987年于浙江大学获得学士学位,1990年于中国科学院长春光学精密机械与物理研究所获得硕士学位,主要从事光谱仪器、光谱技术等领域的研究工作。E-mail: luqipeng@126.com



陈思唯(1991—),女,吉林长春人,2010年起就读于吉林大学化学学院唐敖庆班,主要进行生物药物方面的研究。E-mail: siweichen2011@163.com

(本栏目编辑:曹 金)

(版权所有 未经许可 不得转载)