



基于机器学习的衰老基因特征选择与分类

曾 洁¹, 吴全旺^{2*}, 李德辉², 高俊敏¹

(1. 重庆大学 环境与生态学院, 重庆 400045; 2. 重庆大学 计算机学院, 重庆 400045)

摘要: 设计了基于机器学习的衰老基因特征选择与分类实验, 作为面向智能医学工程等专业“机器学习基础”课程的实验内容。该实验通过将衰老基因映射至基因本体来获得实验数据集, 利用特征选择方法处理基因本体内的冗余性, 并使用朴素贝叶斯、支持向量机等分类模型来实现衰老基因分类。实验采用 Python 语言、Scikit-learn 框架实现。除了框架内置的特征选择方法外, 基于该数据集的统计特性和测试样本的独特性, 定制设计了一个层次特征选择方法, 用以更好地消除特征间的层次冗余。实验结果表明, 有效的特征选择方法可以显著改善衰老基因分类的结果。

关键词: 特征选择; 分类; 机器学习; 衰老基因; 基因本体

中图分类号: TN181; G642.0

文献标志码: A

DOI: 10.12179/1672-4550.20230583

Machine Learning-Based Aging Gene Feature Selection and Classification

ZENG Jie¹, WU Quanwang^{2*}, LI Dehui², GAO Junmin¹

(1. College of Environment and Ecology, Chongqing University, Chongqing 400045, China;

2. College of Computer Science, Chongqing University, Chongqing 400045, China)

Abstract: A machine learning-based aging gene feature selection and classification experiment is designed as the experimental content of the “Machine Learning Basics” course for intelligent medical engineering and other majors. In this experiment, the data set is obtained by mapping aging genes to gene ontology, feature selection methods are used to deal with feature redundancy in gene ontology, and classification models such as naive Bayesian and support vector machines are used to classify aging genes. The experiment is implemented with Python language and Scikit-learn framework. In addition to the built-in methods of the framework, a hierarchical feature selection method based on the statistical properties of the data and the uniqueness of the test sample is designed to eliminate the hierarchical redundancy among features. Experimental results show that effective feature selection methods can significantly improve the results of aging gene classification.

Key words: feature selection; classification; machine learning; aging genes; gene ontology

随着信息技术的迅猛发展和人工智能的广泛应用, 机器学习等计算机技术已成为推动众多领域发展的重要手段^[1]。因此, 当前国内高校信息类专业在本科阶段普遍开设了机器学习相关课程, 培养学生对机器学习等智能方法的使用和分析能力。同时, 越来越多高校的非信息类专业也以选修等方式开设了机器学习这门课程^[2]。

现有的机器学习课程教学, 教师的讲授往往以理论叙述、伪代码、编码实现为主, 学生难以获得对计算机方法实现的实践认知以及解决实际

问题的经验, 即理论教学与实践之间存在脱节。鉴于非信息类专业学生的计算机编程能力较弱, 如何在有限的教学与实验课时中, 使学生既能学习到理论知识, 又能掌握机器学习方法在学生主修专业的应用, 是目前面向非信息类专业学生机器学习课程教学亟待解决的关键问题^[3]。

为了提高智能医学专业等学生的计算机水平, 使学生具备数据挖掘能力, 并能在此基础上对问题开展深入研究, 本文设计了衰老基因预测实验案例, 基于 Python 语言、Scikit-learn 机器学

收稿日期: 2023-12-04

基金项目: 国家自然科学基金面上项目(62172065); 重庆市教改项目(213029); 重庆大学教改项目(2021Y34)。

作者简介: 曾洁, 硕士, 实验师, 主要从事环境生物工程实验教学研究。E-mail: zj0101@cqu.edu.cn

* 通信作者: 吴全旺, 博士, 副研究员, 主要从事云计算及数据挖掘相关领域研究。E-mail: wqw@cqu.edu.cn

习框架^[4],实现衰老基因预测的特征选择、模型训练与分类。

通过将机器学习相关理论知识运用到本专业的实践中,可以激发学生的学习热情和积极性,使他们更好地理解机器学习在生物学领域的重要作用,同时又能提高学生的动手能力和创新意识。

1 背景知识

1.1 衰老基因数据

衰老基因是指在生物衰老过程中,可以对衰老和寿命发挥主动作用并产生影响的基因^[5]。根据文献^[6-7]的方法,通过基因本体(gene ontology, GO)注解人类衰老基因组资源(human ageing genomic resources, HAGR)^[7],可以构建衰老基因数据集。在该数据集中,每条数据代表一个基因,根据 HAGR 数据集中每条基因是否能延长寿命,将它们分为非衰老和衰老类基因,分别在标签列中用 0 和 1 表示。每个特征表示该基因能否被对应的基因本体术语项(term)所注解^[8],且这些特征都是二进制形式,如特征 GO:00064112 的值若为 1,则表示当前基因在 GO:00064112 对应的生物活动中表现为积极(可用该术语项所注解),反之则表现为消极。

GO 使用统一和结构化的受控术语表述基因功能,分为生物过程、分子功能和细胞成分 3 种类型。大多数 GO 术语通过“is-a”关系表述层次化结构,其中每个 GO 术语都是其祖先(更通用)术语的特殊化。GO 术语之间的关系可以用有向无环图所表示,若有向边从术语 A 出发指向术语 B,则表示 A 为 B 的父节点。以生物过程基因本体为例,在图 1 中,GO:0008150(生物过程)是该有向无环图的根;GO:0051704(多生物过程)是其子节点之一;而 GO:0044364(其他生物的细胞破坏)是节点 GO:0031640(其他生物的细胞杀死)的父节点之一。GO 术语之间存在层次冗余,如在图 1 中,如果知道一个基因被注解为 GO:0035821,那么该基因被注解为其祖先术语 GO:0065008 和 GO:0051704 的信息可以被认为是冗余的,因为这些注解在逻辑上由 GO:0035821 注解隐含。

关于衰老基因识别的研究备受关注,生物学家们应用了各种各样的生物学方法和实验来探索衰老基因^[9-10]。将机器学习应用到衰老基因预测

中,可以更客观准确地识别衰老基因,并有助于发现新的未知的衰老基因,因此能够提高研究人员的工作效率,加快行业研究进程,具有极大的研究价值。

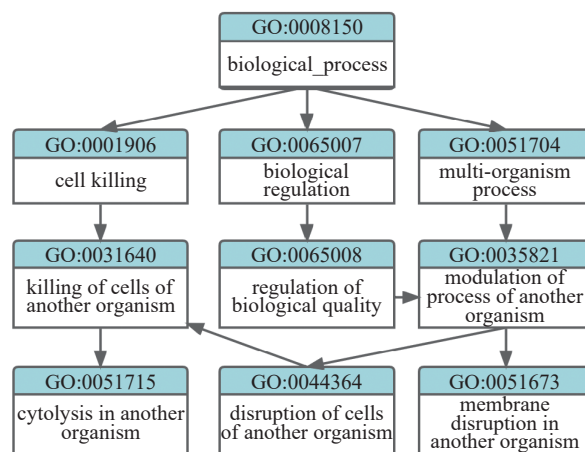


图 1 基因本体中特征之间的层次冗余关系示例图

1.2 机器学习任务流程

一个完整的机器学习任务一般包括以下 6 个流程^[11]。

1) 数据获取

数据集是构建机器学习模型流程的起点。数据集本质上是一个 M 行 \times N 列的矩阵,其中行代表样本,列包括样本的特征(输入变量)和类别标签(输出变量)。

2) 数据分析

为了获得对数据的初步了解,需要进行探索性数据分析,从而帮助分析者找到适合数据的模型。常见的数据分析方法包括描述性统计、数据可视化与数据整形。

3) 数据预处理

数据预处理对数据进行检查和校正,常见的包括缺失值处理、文本值处理、归一化、异常值检测、数据变换等。

4) 特征工程

其目的是筛选出显著的特征、排除无关或者冗余的特征,一般包括特征构建、特征提取、特征选择。特征工程在机器学习中具有至关重要的作用,因为数据和特征决定了机器学习的上限,而模型仅仅是逼近这个上限。

5) 模型训练

使用处理好的数据进行模型训练,常见的机器学习模型包括线性回归、决策树、随机森林、

逻辑回归、梯度提升、支持向量机等。综合考虑样本数量、特征维度、数据分布以及待解决的问题特性(如分类或回归)等,采用交叉验证方式,观察测试结果,尝试找到最优模型及参数组合。

6) 模型评估

训练完成之后,通过拆分出来的训练集对模型进行评估,来判定模型的好坏。常见的评估指标包括准确率、精确率、召回率、均方误差等。

2 基于机器学习的衰老基因预测

本文拟解决的衰老基因预测问题属于典型的二分类问题,即根据一个给定基因的特征判断其属于衰老或者非衰老基因。该机器学习问题所需要的数据集可通过由基因本体注解人类衰老基因组资源而形成。其中,特征与类标签因为都是 0 或 1 的二进制变量,相对纯粹简单。因此,按照以上所述的机器学习 6 个步骤,我们工作的重点是如何开展有效的特征工程来支撑模型训练工作。由于待处理数据集中所包含大量的层次冗余关系,在特征工程阶段采用的方法是特征选择,即选择和类标签预测紧密相关的变量,并剔除冗余与无关变量^[12]。以下依次展开特征选择、模型训练与评估的介绍。

2.1 特征选择

Scikit-learn 框架中内置了很多特征选择方法,如基于单变量特征统计的特征选择方法(select percentile, SP),可返回用户指定统计得分排名靠前的特征,候选得分指标包括互信息、卡方统计量等;基于相关性的特征选择方法(correlation based feature selection, CFS)采用基于相关性的特征子集评估方式,并基于 best first 方法开展搜索;基于机器学习模型的方法(select from model, SM)根据线性回归、决策树或随机森林等模型对每个特征所打的分数来选择特征。然而,这些通用的特征选择方法并不擅长处理特征之间的层次冗余。因此,为了更好地消除层次冗余,本文设计了层次特征选择算法(hierarchical feature selection, HFS)。

在设计特征选择方法时,如何评估一个特征与类标签的相关性(即特征的预测能力)通常起着至关重要的作用。在 HFS 中,我们采用互信息作为相关性度量标准,用来衡量在给定某个条件下信息复杂度(不确定性)减少的程度。我们可以

计算增加一个特征 f_i 作为已知信息后,标签 C 的复杂度变化,从而衡量此特征和标签之间的相关性。以 $H(C)$ 表示标签 C 的信息熵, $H(C|f_i)$ 表示给定 f_i 后 C 的条件熵,则互信息的计算如式(1)所示^[11]:

$$M(C, f_i) = H(C) - H(C|f_i) \quad (1)$$

互信息评估了特征与类标签之间的相关性,在 Scikit-learn 框架中可通过调用方法 sklearn.metrics.mutual_info_score 来直接完成两个变量间的互信息的计算。

HFS 方法的输入除了包括数据集 D 和特征集 F 外,还包含了基因本体中蕴含了特征之间的层次依赖关系 G 和待测试样本 t 。该方法通过 G 消除特征之间的层次冗余,其关键过程如算法 1 所示。

算法1 层次特征选择HFS

输入: 数据集 D 、特征集 F 、测试样本 t 、层次结构 G

输出: 特征子集 S

1. $P \leftarrow \emptyset, S \leftarrow \emptyset$;
 2. $F' \leftarrow$ 返回 F 中在样本 t 中取 1 的特征子集;
 3. **for each** leaf in G 中所有叶结点 **do**
 4. $p \leftarrow$ 根据 G 构造从叶节点 leaf 到根的路径;
 5. 将路径 p 添加到集合 P ;
 6. **for each** p in P **do**
 7. $q \leftarrow F' \cap \{f|f \in p\}$;
 8. $m \leftarrow q$ 中特征的互信息平均值;
 9. **for each** f_i in p **do**
 10. **if** $M(C, f_i) > m$ **then**
 11. 将 f_i 添加到集合 S ;
 12. **return** S ;
-

具体而言,算法 1 首先引入两个空集合 P 和 S (行 1),并返回 F 中在样本 t 上取值为 1 的所有特征,记为候选特征集 F' (行 2)。这是由于特征间极大的层次冗余性,我们考虑测试样本的取值独特性,从而更有针对性地从训练数据中选择特征。

接着,根据 G 计算出每一个叶子节点到根节点的路径,并添加到路径集合 P 中(行 3~5)。然后遍历 P 中的每一条路径 p ,求 p 中所有特征和候选特征集 F' 的交集 q ,计算 q 中所有特征的平均互信息值 m (行 6~8)。由于 q 中的特征属于同一条路径,存在层次冗余,所以通过过滤低于平均互信息值的节点消除冗余,将 q 中互信息值高于该平均值的特征添加到最终所选中的特征集 S 当中

(行9~11)。

算法最后返回特征集 S 作为特征选择的结果(行12)。算法1遍历了每一条叶子节点到根节点的路径,并选取了互信息作为相关系数,因此可以消除同一条路径上的层次冗余,并保留了高相关性的特征。

2.2 模型训练与评估

本文选用 K 最近邻算法(k-nearest neighbor, KNN)、朴素贝叶斯(naive Bayes, NB)、支持向量机(support vector machines, SVM)、逻辑回归(logistic regression, LR)、决策树(decision tree, DT)、随机森林(random forest, RF)等几种常见的机器学习算法进行模型构建、训练以及分类检测对比实验。这6种 Scikit-learn 框架内置的模型简单、常用,便于学生构建实现^[11]。

为了提高模型评估的稳定性和可靠性,采用交叉验证将数据划分为训练集和测试集,具体方法为 `sklearn.model_selection.cross_validate`。由于基因数据集的类别都表现为不平衡分布,因此需要选取适合不平衡分布样本的评价指标,本文使用了(geometric mean, GM)^[13]。 γ 的计算方式如下所示:

$$\gamma = \sqrt{\alpha\beta} \quad (2)$$

式中: α 是正确预测为阳性的阳性类别实例的比例,而 β 是正确预测为阴性的阴性类别实例的比例。GM的计算方式决定了它在非平衡样本中,无论是较少的正样本还是较多的负样本对结果的影响是同等的,所以GM能更好度量非平衡样本的分类结果。

3 实验评估

3.1 数据准备与实验设置

本文使用 Python 编程语言并借助 Scikit-learn 框架完成数据获取、分析和预处理等任务。首先从 HAGR 数据库(版本: Build 20)里选取了小家鼠、黑腹果蝇、蠕虫和酿酒酵母等4种模式生物(以下分别简记为小鼠、果蝇、蠕虫和酵母),并通过生物过程、分子功能和细胞成分3种基因本体,注解形成4个数据集。在某个特定数据集中,某些特征的取值可能全部为0值,在数据预处理阶段删除该类特征。表1展示了各个数据集的名称、样本数、特征数、特征间的依赖数和正

类实例的比例等具体信息。

实验所使用的模型和特征选择算法采用 Scikit-learn 内置的,或基于 Scikit-learn 框架实现(如 HFS 方法)。硬件方面,本文的所有实验均在 i7-12700F 处理器和 32 GB 内存运行。

表1 数据集信息

| 数据集 | 样本数 | 特征数 | 依赖数 | 正例率/% |
|-----|-----|------|------|-------|
| 小鼠 | 130 | 2885 | 1773 | 65.4 |
| 果蝇 | 198 | 1596 | 692 | 63.1 |
| 蠕虫 | 861 | 2509 | 1459 | 32.9 |
| 酵母 | 400 | 2759 | 1772 | 12.8 |

3.2 对比实验 I

在不对数据集开展特征工程的情况下训练 KNN、NB、SVM、LR、DT、RF 六种分类模型,最终基于评估标准 GM 的分类效果如表2所示,其中,加粗字体表示该模型在当前数据集上表现最优。

表2 无特征工程时的分类性能评估

| 数据集 | KNN | NB | SVM | LR | DT | RF |
|-----|------|-------------|-------------|------|------|------|
| 小鼠 | 63.6 | 65.9 | 64.1 | 64.6 | 61.2 | 64.7 |
| 果蝇 | 60.1 | 60.8 | 59.5 | 60.3 | 55.3 | 59.9 |
| 蠕虫 | 52.3 | 56.4 | 60.3 | 57.8 | 58.3 | 60.2 |
| 酵母 | 43.9 | 50.8 | 43.3 | 41.1 | 47.7 | 48.1 |

从表2可以看出,总体而言 NB 模型表现更优,这是因为 NB 模型采用的是一种懒惰学习机制^[11],该机制不进行任何预训练,收到测试样本的预测请求时再根据当前测试样本、数据集进行概率估值。懒惰学习机制因为考虑了各测试样本的独特性在特征存在大量的层次冗余时表现更优。尽管 KNN 也是种懒惰学习机制,但性能比 NB 略差。SVM、LR、DT、RF 采用的是急切学习机制,因为没有考虑测试样本的独特性而表现总体上不如 NB。

3.3 对比实验 II

对数据集开展特征选择,并在此基础上展开模型训练和评估。由于 NB 对特征的变化非常敏感、速度快,并且在对比实验 I 中表现得最好,因此这里选用 NB 为基准分类模型来评估每个特征选择算法产生的特征子集的质量。

除了所设计的 HFS 方法外,实验采用的对比的特征选择方法还包括:基于单变量特征统计的

方法 SP、基于机器学习模型的方法 SM、基于相关性的方法 CFS, 以及文献里的层次特征选择算法 MR(most relevant)^[14] 和 RPV(relevant positive feature values)^[15]。其中, SP 采用保留互信息值排名前 20% 的特征, SM 采用线性回归模型 Lasso, 且参数 α 设置为 0.1。MR 会考虑特征与根之间(对于正特征值)或特征与叶子之间(对于负值)的所有路径, 然后保留每条路径中相关性最高的特征。RPV 在正值特征中根据层次结构选择出既没有冗余、相关性也最高的特征, 并保留全部特征的 NB 方法的性能也作为对比。

为了准确评估各个特征选择算法产生的特征子集质量, 选择朴素贝叶斯算法并配合十折交叉验证展开实验。表 3 记录了该实验的 GM 结果, 加粗字体表示该特征选择算法在当前数据集上表现最优。

表 3 特征选择方法性能对比

| 类别 | NB | SP | SM | CFS | MR | RPV | HFS |
|----|------|------|------|------|------|------|-------------|
| 小鼠 | 65.9 | 74.1 | 71.6 | 71.5 | 74.8 | 66.7 | 75.5 |
| 果蝇 | 60.8 | 64.3 | 59.8 | 64.0 | 62.1 | 61.7 | 64.5 |
| 蠕虫 | 56.4 | 61.1 | 58.4 | 59.2 | 58.2 | 61.8 | 62.9 |
| 酵母 | 50.8 | 65.0 | 65.0 | 59.7 | 56.2 | 59.2 | 67.7 |

通过实验结果可以明显看出, 各种特征选择方法的效果基本上都比直接采用原始特征的 NB 方法效果要好, 说明了特征选择可以有效地提高后续模型的准确性, 也验证了特征选择的可行性和必要性。本文提出的 HFS 在 4 个数据集的综合表现最好。MR 是机器学习型层次特征选择方法, 该方法只从整体相关性的层面过滤特征, 并没有根据每一条数据不同特征的取值而有针对性地做出特征选择方案调整; 而 RPV 重视每条测试样本的独特性但没有从整体相关性的层面过滤特征。因此它们的效果同样不如 HFS。

图 2 为上述实验中每种方法所选特征数与原始特征数的平均比例。可以看出, HFS 所选择的特征比例最小, 为 2.49%, 这是由于 HFS 考虑了每条测试样本的情况, 因此选择的特征越少, 越能为后续模型训练节约更多时间。RPV 选择的特征略多于 HFS, 而 SP 选择的特征在 20% 左右, 剩余 3 种特征选择方法选择了超过一半的特征, 这将为它们后续的模型训练带来更大的时间消耗。

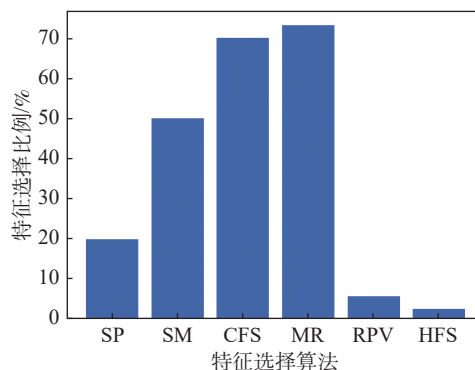


图 2 各特征选择方法所选择特征数与原始特征数的平均比例

4 结束语

在面向非信息类专业学生的机器学习课程的教学, 如何使学生既能学习到理论知识, 又能掌握机器学习方法在学生主修专业的应用, 是亟待解决的现实问题。本文围绕面向智能医学工程的机器学习课程, 设计了基于机器学习的衰老基因特征选择与分类实验。在该实验中, 学生开展数据获取、分析、预处理、特征工程、模型训练与评估等一套完整的机器学习项目流程, 并重点对比了不同的特征选择和模型训练方法在衰老基因预测上的应用。同时学生还可以根据本数据集的统计特性和测试样本的独特性, 定制设计更为有效的特征选择方法, 提高衰老基因分类的准确率和稳定性。

通过将机器学习相关理论知识运用到学生主修专业的实践中, 不仅帮助学生更清晰地理解本专业, 还提升了他们运用机器学习方法分析和解决实际问题的能力。此外, 本课程实验也为面向其他非信息类专业的机器学习课程的教学提供借鉴。

参考文献

- [1] Appen. 2022 年人工智能和机器学习现状报告 [R]. Sydney: Appen, 2022.
- [2] 刘海宁, 王晓磊, 楚丹琪, 等. 基于行为科学的大数据技术对经济学实验教学的影响 [J]. *实验室研究与探索*, 2019, 38(2): 265-267.
- [3] 刘梦娟, 曾贵川, 刘瑶, 等. 面向数据挖掘类课程的挑战性综合实验的设计与实践 [J]. *实验科学与技术*, 2019, 17(1): 85-88.
- [4] HACKELING G. Mastering machine learning with scikit-learn [M]. Birmingham: Packt Publishing Ltd.,

- 2017.
- [5] KENYON C J. The genetics of ageing[J]. *Nature*, 2010, 464(7288): 504–512.
- [6] DA SILVA P N, PLASTINO A, FREITAS A A. A novel genetic algorithm for feature selection in hierarchical feature spaces[C]//Proceedings of the 2018 SIAM International Conference on Data Mining, Philadelphia, PA: Society for Industrial and Applied Mathematics. [S.l.]: [s.n.], 2018: 738–746.
- [7] DE MAGALHÃES J P, BUDOVSKY A, LEHMANN G, et al. The human ageing genomic resources: Online databases and tools for biogerontologists[J]. *Aging Cell*, 2009, 8(1): 65–72.
- [8] ASHBURNER M, BALL C A, BLAKE J A, et al. Gene ontology: Tool for the unification of biology[J]. *Nature Genetics*, 2000, 25(1): 25–29.
- [9] ZHENG Y F, LIU X X, LE W Q, et al. A human circulating immune cell landscape in aging and COVID-19[J]. *Protein & Cell*, 2020, 11(10): 740–770.
- [10] YAN Q, WEEKS D E, XIN H Y, et al. Deep-learning-based prediction of late age-related macular degeneration progression[J]. *Nature Machine Intelligence*, 2020, 2(2): 141–150.
- [11] 周志华. 机器学习[M]. 北京: 清华大学出版社, 2016.
- [12] 施启军, 潘峰, 龙福海, 等. 特征选择方法研究综述[J]. *微电子学与计算机*, 2022, 39(3): 1–8.
- [13] TAO D C, LI X L, WU X D, et al. Geometric mean for subspace selection[J]. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 2009, 31(2): 260–274.
- [14] WAN C, FREITAS A A, DE MAGALHÃES J P. Predicting the pro-longevity or anti-longevity effect of model organism genes with new hierarchical feature selection methods[J]. *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics*, 2015, 12(2): 262–275.
- [15] DA SILVA P N, PLASTINO A, FREITAS A A. Prioritizing positive feature values: A new hierarchical feature selection method[J]. *Applied Intelligence*, 2020, 50(12): 4412–4433.

编辑 王燕

(上接第 61 页)

- [2] 罗宏伟, 刘竞升, 余永涛, 等. 超大规模集成电路测试现状及关键技术[J]. *电子产品可靠性与环境试验*, 2021, 39(S2): 16–20.
- [3] 戴志坚, 韩熙利. 集成电路测试实验课程建设与人才培养[J]. *实验科学与技术*, 2022, 20(5): 56–60.
- [4] 刘蓉. 硅微谐振式压力传感器谐振子参数测试与测控电路优化[D]. 南京: 东南大学, 2022.
- [5] 李东航, 高怡, 曹景致. 一种基于改进CORDIC算法的阵列侧向测井仪信号发生电路[J]. *西安石油大学学报(自然科学版)*, 2024, 39(4): 90–97.
- [6] 张先林. 双路经高精度功率分析仪硬件设计与实现[D]. 成都: 电子科技大学, 2022.
- [7] 徐笑笑. 差分对称结构交流试验电源研制[D]. 上海: 上海电机学院, 2022.
- [8] 李辉, 刘鲲. 一种pA级高性能微电流检测系统的设计[J]. *计量技术*, 2014(6): 10–13.
- [9] 童诗白, 华成英. 模拟电子技术基础[M]. 5版. 北京: 高等教育出版社, 2015.
- [10] 康光华, 张林. 电子技术基础: 模拟部分[M]. 7版. 北京: 高等教育出版社, 2021.
- [11] 姜倩倩, 吴屏, 谷宇, 等. 电子工艺实习中温度报警器的设计与实现[J]. *实验科学与技术*, 2023, 21(4): 105–113.
- [12] 侯长波, 陈捷, 邓志安, 等. 基于运放的电子电路综合实验项目设计[J]. *实验科学与技术*, 2018, 16(2): 110–115.
- [13] 田社平, 王润新, 张峰. 运算放大器教学中的若干问题探析[J]. *电气电子教学学报*, 2022, 44(5): 75–79.
- [14] 任保佳, 魏海龙, 白欢利. 一种低偏流、低失调的高精度运算放大器设计[J]. *电子设计工程*, 2022, 30(11): 163–167.
- [15] Keithley. Low level measurements handbook [Z/OL]. [2023-09-14]. https://download.tek.com/document/LowLevelHandbook_7Ed.pdf
- [16] 科特尔特 B, 曼西尼 R. 运算放大器权威指南[M]. 3版. 姚剑清, 译. 北京: 人民邮电出版社, 2010.

编辑 王燕