

基于高光谱成像的生鲜鸡肉糜中大豆蛋白含量检测

王伟^{1,2} 姜洪喆³ 贾贝贝^{1,2} 鹿瑶^{1,2}

(1. 中国农业大学工学院, 北京 100083; 2. 中国农业大学现代农业装备优化设计北京市重点实验室, 北京 100083;
3. 南京林业大学机械电子工程学院, 南京 210037)

摘要: 为快速无损检测生鲜鸡肉糜中超量添加的大豆蛋白含量,采集了鸡肉糜中掺杂的3种典型大豆蛋白的高光谱图像。在鸡肉糜中分别掺入质量分数0~30%的大豆蛋白粉(SPF)、大豆浓缩蛋白(SPC)和大豆分离蛋白(SPI),并于可见-近红外(400~1 000 nm)光谱范围采集样品的高光谱图像,基于波段运算提取感兴趣区域的平均光谱,建立了原始及预处理光谱的偏最小二乘回归(PLSR)定量模型,发现模型对SPC预测效果最优($R_p^2=0.9984$)、SPF次之、SPI最差。进一步利用二维相关光谱(2DCOS)自相关峰提取特征波长,建立的多光谱模型对于3种大豆蛋白的检测限分别可达0.53%、0.58%和1.02%。将以上多光谱模型应用到原始光谱图像,实现了不同大豆蛋白及其掺假梯度的可视化表征。

关键词: 大豆蛋白; 鸡肉糜; 检测限; 可视化; 高光谱图像

中图分类号: O433.4; TQ936.2 文献标识码: A 文章编号: 1000-1298(2019)12-0357-08

Detection of Soybean Protein Content in Fresh Minced Chicken Meat Using Hyperspectral Imaging

WANG Wei^{1,2} JIANG Hongzhe³ JIA Beibei^{1,2} LU Yao^{1,2}

(1. College of Engineering, China Agricultural University, Beijing 100083, China

2. Beijing Key Laboratory of Optimized Design for Modern Agricultural Equipment, China Agricultural University, Beijing 100083, China

3. College of Mechanical and Electronic Engineering, Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China)

Abstract: In order to rapidly and non-destructively detect the excessive soybean protein content in fresh minced chicken meat, hyperspectral images of three typical soybean protein adulterated in minced chicken meat were collected. Soybean protein flour (SPF), soybean protein concentrate (SPC) and soybean protein isolates (SPI) with 0~30% adulteration levels were mixed into the minced chicken meat. The hyperspectral images of prepared samples were collected in the visible and near infrared (400~1 000 nm) spectral range. The average spectra of regions of interest were extracted based on band operation and models based on the original and preprocessed spectra were established. Partial least squares regression (PLSR) quantitative models showed that the optimal performance were best for SPC ($R_p^2=0.9984$), followed by SPF, and then SPI. The two-dimensional correlation spectrum (2DCOS) was used to extract the characteristic wavelengths to further establish multi-spectral models. The limits of detection (LODs) of the multi-spectral models were found to be 0.53%, 0.58% and 1.02% for SPF, SPC and SPI, respectively. The multi-spectral models above were also applied back to the raw multi-spectral images to visualize the distribution of different soybean proteins, as well as their adulteration levels. Results showed that the distribution differences within samples and among samples could be well visualized.

Key words: soybean protein; minced chicken; limit of detection; visualization; hyperspectral image

0 引言

鸡肉具有低脂肪、高蛋白等特点,是人类膳食营

养的重要来源。鸡肉加工时仅依赖自身蛋白质很难形成完好的网络结构,影响其食用品质^[1]。大豆蛋白具有良好的吸水性、吸油性、乳化性和凝胶性,适

量添加到肉制品中可以改善其色香味等食品品质^[2]。目前,国内一些不法商家为了掩盖注水增重等掺假行为,擅自添加大豆蛋白,以增重牟利,却不在添加剂中注明,这不仅严重侵害了消费者权益,也增添了消费者过敏的健康风险^[3-4]。一些国家对含肉糜食品,如肉饼、香肠、馅饼等中添加非肉蛋白质是有严格规定的。例如,西班牙熟火腿最多允许添加1%的大豆蛋白,美国对香肠肉丸等肉制品也明确规定了可掺入大豆蛋白的百分比等^[5]。研究生鲜鸡肉糜中掺入大豆蛋白含量的检测很有实际意义,肉糜改变了原有的肌肉形态特征,增大了鉴别的难度,因此亟待探索无损检测技术的可行性。

国内外学者对检测肉品或肉制品中大豆蛋白含量的方法进行了诸多尝试,如聚合酶链式反应(PCR)、聚丙烯酰胺凝胶电泳(PAGE)法、酶联免疫(ELISA)、高效液相色谱(HPLC)等。这些方法操作繁琐且耗时,可以很好地定性鉴别,但定量预测效果并不突出^[6-10]。近红外光谱(NIRS)是近些年发展起来、可广泛应用于食品检测领域的无损检测技术,文献[11-13]研究了近红外光谱在原料肉中检测大豆蛋白的可行性,检测结果一般。高光谱成像技术融合了光谱和图像,可以获取目标样品内部生物化学信息和外部的物理结构信息^[14-17],弥补了NIRS方法单点检测的劣势,目前针对鸡肉糜中大豆蛋白含量的检测尚未见报道。

本文采集生鲜鸡肉糜中掺入不同种类、不同梯度大豆蛋白样品的高光谱图像,结合化学计量学算法,建立定量预测模型,并对预测结果进行可视化处理,以探究高光谱成像技术定量检测生鲜鸡肉糜中大豆蛋白掺假的可行性。

1 材料与方法

1.1 样品准备

生鲜鸡胸肉(保存于0~4℃,含水率为70%)采购于北京当地的超市,购买了市场上肉制品中最常用的3种粉状大豆蛋白产品(图1):大豆蛋白粉(Soybean protein flour,SPF)、大豆浓缩蛋白(Soybean protein concentrate,SPC)和大豆分离蛋白(Soybean protein isolates,SPI),测量粒度均在125~150 μm之间。SPF(产地河北,食品级,55%)、SPI(产地山东,食品级,90%)、SPC(产地河北,食品级,99%)均购于河北润赢生物科技有限公司。鸡胸肉用刀片切成小块,随后使用国产绞肉机绞碎30 s备用。

将鸡肉糜与大豆蛋白分别称量并充分混合,得到总质量为40 g,大豆蛋白质量分数分别为0、1%、2%、3%、4%、5%、6%、7%、8%、9%、10%、15%、

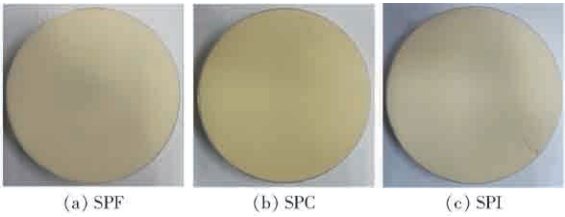


图1 3种大豆蛋白粉末

Fig.1 Three kinds of soybean protein powder

20%、25%、30%和100%的样品。将样品用叉子依次进行搅拌,以得到近似均质的混合样品。每个梯度下制备8个重复样品分别装入圆形有盖培养皿(直径9 cm,高度1.4 cm)中平铺,最终每种大豆蛋白掺假样本均获得128个样品,贴好标签以备后续高光谱图像数据采集。

1.2 高光谱图像采集与校正

图像采集使用的是推扫式线扫描高光谱成像系统,波段为380~1 012 nm,采集模式为漫反射模式。该系统主要由Image-λ-V10-IM型成像光谱仪(芬兰OULU公司)、Imperx Ltd型CCD检测器(美国FL公司)、XENOPLAN型可变焦的长镜头(德国Bad Kreuznach公司)、WN500TA1000H型平移台(北京微纳光科公司)、一对Watsonville型500 W卤钨灯(美国CA公司)以及一台安装了高光谱图像采集软件的计算机组成。光谱分辨率为1.9 nm,像素分辨率为0.14 nm/像素,光源分别以与水平方向呈45°角安装于光谱仪两侧,样品表面与镜头表面距离为350 nm,曝光时间设定为32 ms,电动平移台的速度为12 mm/s。由于系统两端光谱区域(380~400 nm和1 000~1 012 nm)信噪比较低,因此仅保留400~1 000 nm(285个波段)光谱范围内的图像用于数据分析。

为了消除CCD相机暗电流影响,需借助白、黑参考图像进行高光谱图像的黑白校正。采集特氟龙板的图像作为白参考,并用镜头盖遮挡相机镜头后采集黑参考图像。并对高光谱图像校正,公式为

R_c = (R_0 - D) / (W - D) * 100% (1)

式中 R_c——校正后的高光谱图像
R₀——未校正前的采集图像
D——采集的黑参考图像
W——采集的白参考图像

1.3 图像处理和光谱数据提取

由于样品与背景之间具有较大的光谱差异,因此肉样部分很容易被识别出来。对700 nm波长(高反射率)下的图像与405 nm波长下(低反射率)的图像进行扣减运算,在波段运算图像(图2a)上以0.25作为阈值,提取大于0.25部分作为样品的感

兴趣区域 (Region of interest, ROI), 对每一个样品构造掩膜, 提取其平均光谱的同时可去除背景、培养皿边缘像素点(图 2b)。每个样品中提取 ROI 的平均光谱作为该样品的光谱, 最终得到不同掺假梯度鸡肉糜样品的光谱矩阵。

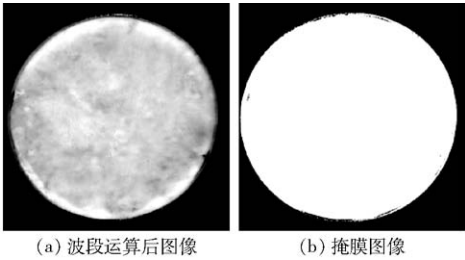


图 2 波段运算后图像与掩膜图像

Fig. 2 Band math image and mask image

1.4 数据分析方法

在建立模型之前, 分别使用了标准正态变量变换 (Standard normal variate, SNV)、多元散射校正 (Multiplicative scattering correction, MSC)、去趋势 (Detrend) 和导数 (一阶导数和二阶导数) 几种预处理方法或方法组合来消除或减少光谱中的散射效应以及基线漂移等影响。定量模型的建立采用偏最小二乘回归法 (Partial least squares regression, PLSR), 为了评估模型的性能, 分别计算决定系数 (训练集决定系数 R_c^2 、预测集决定系数 R_p^2 和交叉验证集决定系数 R_{cv}^2) 和均方根误差 (训练集均方根误差、预测集均方根误差和交叉验证集均方根误差) 等参

数。二维相关光谱 (Two-dimensional correlation spectrum, 2DCOS) 表示外扰引起的光谱动态变化, 同步谱可表示扰动 (掺假梯度) 下光谱强度的变化, 本研究根据掺假梯度产生的光谱扰动, 计算自相关峰来提取特征波长。

2 结果与分析

2.1 原始光谱分析

图 3 为生鲜鸡肉糜分别掺杂质量分数 3%、6%、10%、20%、30% 以及 100% 的 3 种大豆蛋白 (SPF、SPC 和 SPI) 的原始平均光谱。同时, 为便于比较掺杂比例引起的光谱反射特征及强度变化, 在每幅图中均同时绘制了纯生鲜鸡肉糜的原始光谱, 以利于直观比较。

由图 3 可见, 鸡胸肉的反射光谱强度低于 3 种大豆蛋白粉, 具有肌红蛋白 (490 nm 和 560 nm) 以及水 (760 nm 和 980 nm) 等对应的特征吸收峰/反射谷。当掺杂大豆蛋白含量较少时, 例如蛋白质质量分数 3%、6% 和 10% (图 1a ~ 1c) 掺杂样本的光谱峰、谷位置和曲线形状与纯生鲜鸡肉糜的原始光谱基本一致, 表明掺杂量较少时光谱特征主要体现的是纯生鲜鸡肉糜。随着掺入蛋白含量的显著增加, 如图 1d ~ 1f, 即分别掺入蛋白质质量分数 20%、30%、100% 时, 纯生鲜鸡肉糜的光谱特征逐渐消失, 被 3 类大豆蛋白的在可见光范围较为平滑的光谱特征所取代, 3 种大豆蛋白粉末在 400 ~ 1 000 nm 波段无明

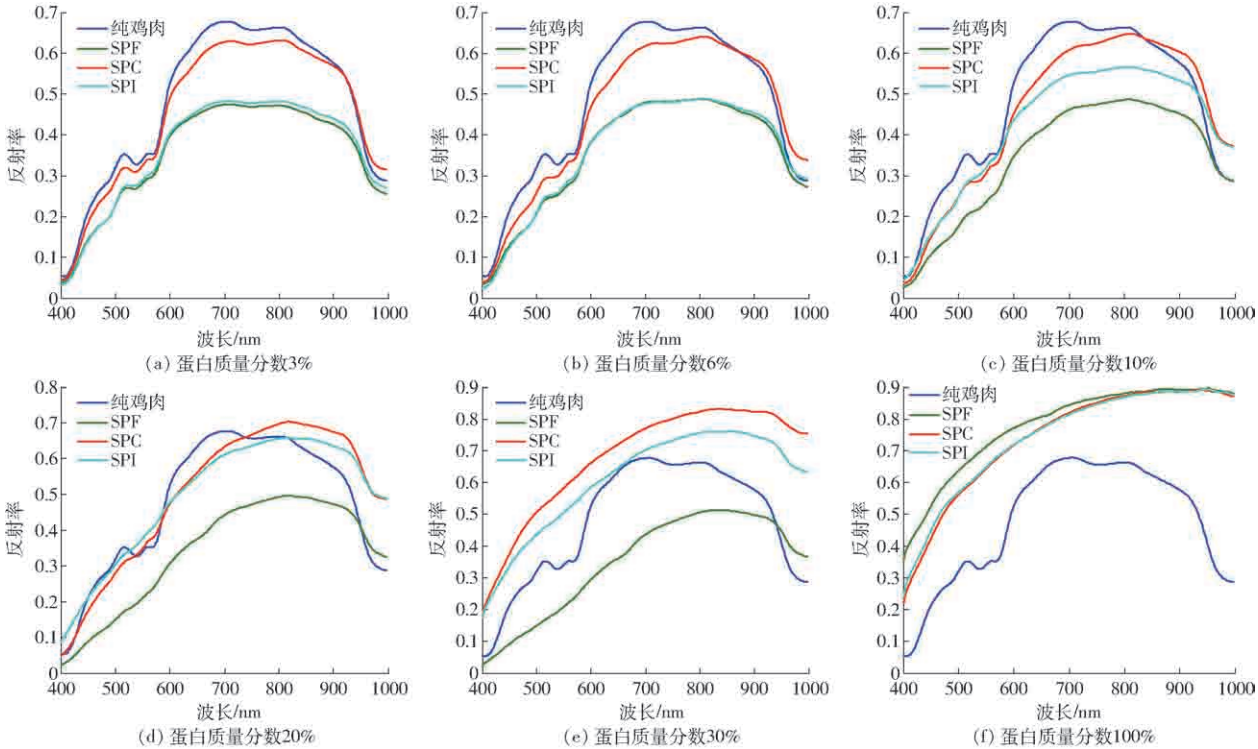


图 3 不同大豆蛋白含量样品的原始平均光谱曲线

Fig. 3 Average raw spectra of different soybean protein content samples

显特征吸收峰,光谱曲线形状相似,而且随着掺杂比例的逐渐增加,掺杂样本的反射率逐渐升高,当蛋白质质量分数为 100% 时,3 类蛋白的反射率均高于纯鸡肉糜,这可能与肉糜中水分逐渐被干蛋白粉吸收有关。进一步研究掺入较高含量 3 类大豆蛋白的样本(图 1c~1f)发现,掺入 SPC 蛋白与 SPI 蛋白的肉糜光谱曲线重合度较高,这与两种蛋白自身物质组成相近,即均以高浓度蛋白为主有关;二者均与掺入 SPF 的光谱曲线存在较大差异,这可能与 SPF 蛋白含量低、组成成分相对复杂有关。

因此,通过对原始光谱比较可以推测出在鸡肉中掺入逐渐加大梯度的大豆蛋白会造成光谱反射率的逐渐升高以及特征峰的逐渐弱化,这有利于快速准确定量预测鸡肉中不同大豆蛋白的掺假含量梯度。

2.2 全光谱定量模型建立

为在掺假样品中定量分析大豆蛋白含量,随机

选取 96 个样品加入训练集(16 梯度×6 样品),剩余 32 个样品作为预测集(16 梯度×2 样品),针对 3 种不同大豆蛋白分别建立基于原始及预处理光谱的 PLSR 模型,每个模型均采用留一法进行交叉验证,所有建模结果如表 1 所示。通过比较不同的预处理方法,总体上无论掺入何种大豆蛋白种类,全光谱的预测精度均令人满意,可以达到 $R^2 \geq 0.98$,均方根误差在 1.41% 以内。3 种大豆蛋白预测性能的横向比较发现,SPC 的预测效果最好,原始光谱的模型预测精度可达 $R_p^2 = 0.998\ 4$,预测集均方根误差为 0.37% 且预测与偏差之比(Ratio of prediction to deviation, RPD)^[18] 为 23.89。对于 SPF,二阶导数预处理后的全光谱模型性能最优, $R_p^2 = 0.991\ 6$,预测集均方根误差为 0.81% 且 RPD 为 10.91,而 SPI 的预测模型中,不采用预处理的全光谱建立的模型可达 $R_p^2 = 0.983\ 7$,预测集均方根误差为 1.16% 且 RPD 为 7.62。

表 1 基于原始及预处理全光谱建立的 PLSR 模型性能
Tab. 1 Results of PLSR models based on full raw and preprocessed spectra

种类	预处理	潜变量数	训练集		交叉验证集		预测集		RPD
			R_c^2	均方根误差/%	R_{cv}^2	均方根误差/%	R_p^2	均方根误差/%	
SPF	无	10	0.995 4	0.59	0.993 2	0.71	0.990 2	0.87	10.16
	SNV	11	0.996 8	0.49	0.994 2	0.66	0.990 0	0.90	9.82
	SNV + Detrend	8	0.992 0	0.77	0.994 2	0.95	0.989 2	0.94	9.41
	MSC	9	0.995 0	0.62	0.991 8	0.78	0.988 4	0.95	9.31
	一阶导数	10	0.995 6	0.58	0.993 0	0.73	0.990 6	0.84	10.53
	二阶导数	10	0.993 8	0.69	0.989 2	0.90	0.991 6	0.81	10.91
SPC	无	9	0.996 2	0.54	0.994 6	0.63	0.998 4	0.37	23.89
	SNV	9	0.997 6	0.42	0.996 6	0.51	0.997 8	0.45	19.64
	SNV + Detrend	9	0.996 6	0.51	0.995 0	0.62	0.998 0	0.45	19.64
	MSC	11	0.997 4	0.43	0.995 6	0.57	0.997 2	0.48	18.42
	一阶导数	11	0.998 0	0.39	0.996 4	0.52	0.996 2	0.56	15.79
	二阶导数	11	0.997 8	0.40	0.996 0	0.55	0.993 2	0.76	11.63
SPI	无	7	0.989 0	0.91	0.984 5	1.09	0.983 7	1.16	7.62
	SNV	8	0.990 6	0.84	0.984 7	1.07	0.979 7	1.33	6.65
	SNV + Detrend	9	0.990 6	0.84	0.984 9	1.07	0.981 5	1.34	6.60
	MSC	7	0.990 2	0.86	0.985 3	1.06	0.980 3	1.25	7.07
	一阶导数	10	0.991 2	0.81	0.984 3	1.09	0.980 4	1.30	6.80
	二阶导数	5	0.983 1	1.13	0.976 5	1.33	0.981 1	1.41	6.27

2.3 特征波长选取

进一步以优选全光谱模型为基础,应用 2DCOS(二维相关光谱)提取特征波长,掺入 3 种不同大豆蛋白(质量分数 0~30%)样品的 2DCOS 同步谱及其对应的三维立体图如图 4 所示。在 SPF 的 2DCOS 谱图中(图 4a),对角线上产生了 6 个自动峰(515、617、661、809、871、980 nm),这些波长点处的微小变化在相应的功率谱(图 5)上观测更明显,这说明随着掺入量的增加,这些波段下的反射强度出

现了显著变化,因此推断这些波长用来定量分析 SPF 掺假梯度时是有效的。这些显著变化也反演展示出不同掺假梯度下的样品中颜色变化(515、617、661 nm 处)和含水率(980 nm 处)有差异^[19]。同理,针对 SPC 和 SPI 两种大豆蛋白,也用此种方法分别选出了 5 个波长(图 4b、4c),所有选取的特征波长如表 2 所示。

对比掺杂的功率谱(图 5)发现,SPC、SPI 的功率谱形状相近,而 SPF 与这两者的功率谱差别较

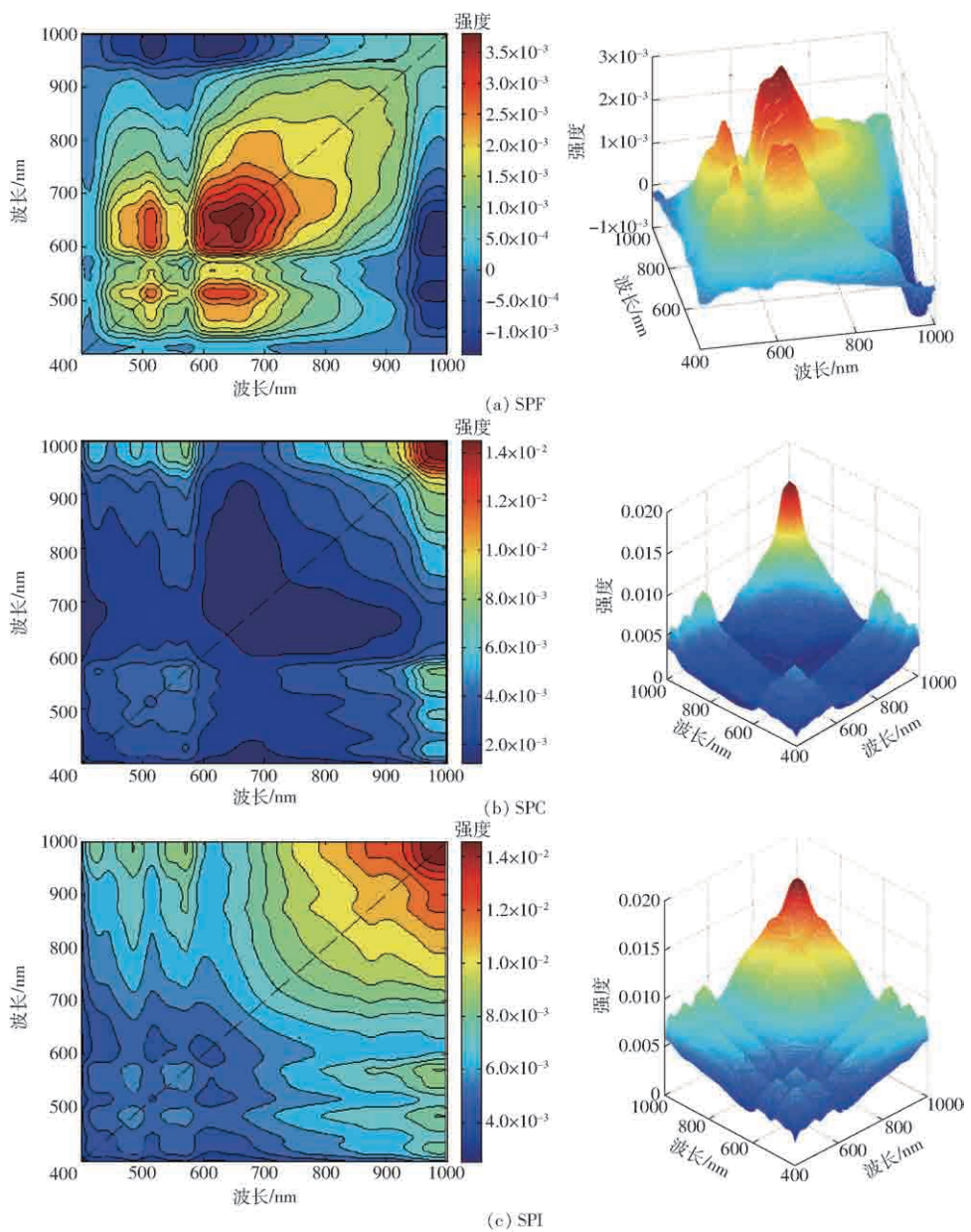


图 4 2DCOS 同步谱等高线图与其对应的三维立体图

Fig. 4 Wavelengths selection using 2DCOS synchronous contour plots and 3D stereo plots

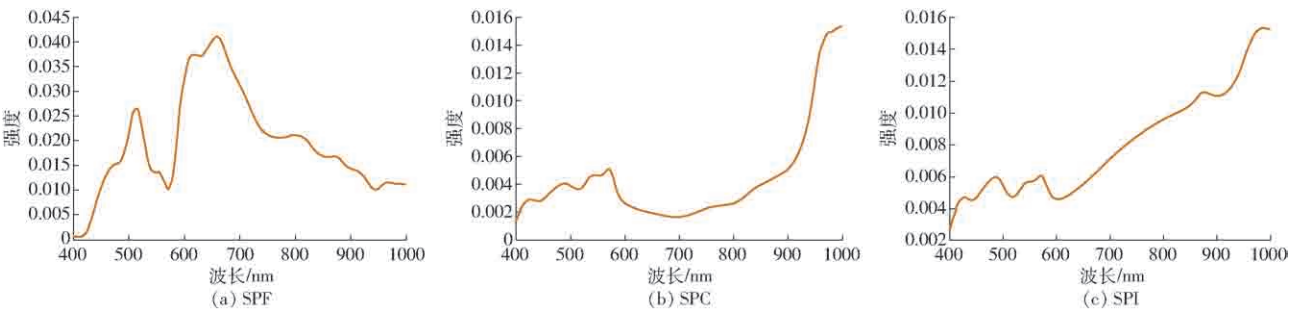


图 5 功率谱

Fig. 5 Power spectrum

为明显。其原因在于:3 种大豆蛋白内部组成不同,大豆蛋白(SPF)为大豆除去油脂后的豆粕直接加工而成,其蛋白质量分数约为 43%;而大豆浓缩蛋白(SPC)是去除大豆粉中的低聚糖以及水溶性小分子蛋白,将大豆蛋白中的粗蛋白进一步浓缩

所得到,其蛋白质量分数高达 70% 左右;大豆分离蛋白(SPI)是在大豆浓缩蛋白 SPC 的基础上,进一步去除掉大分子粗蛋白后得到,其蛋白质量分数更是高达 90% 左右,因此,相比 SPF,SPC 和 SPI 的光谱特征更为接近。其次,SPF 功率谱(图 5a)所

表 2 特征波长选择

Tab.2 Summary of key wavelengths selection		
大豆蛋白	特征波长数/个	特征波长/nm
SPF	6	515,617,661,809,871,980
SPC	5	425,491,541,572,980
SPI	5	425,485,572,871,980

呈现的位于可见光范围的特征波长 515、617、661 nm 处相对峰值较高,是因为 SPF 蛋白为深黄甚至橙色,相比较 SPC、SPI 两种蛋白颜色偏深。同样地,SPF 功率谱所呈现的特征波长 809 nm 对应 RNH2 键,表征 SPF 中的糖类。因此,当 3 种蛋白分别掺入生鲜鸡肉糜中时,SPF 的功率谱与 SPC、SPI 明显不同。

进一步分析表 2 可看出,所有 3 种大豆蛋白选取特征波长均包含了 980 nm,表明无论何种大豆蛋白掺入梯度越高的情况下含水率会越低。

表 3 基于选择波长建立的 PLSR 模型性能

Tab.3 Performance of PLSR models developed by selected wavelengths

大豆蛋白	潜变量数	训练集		交叉验证集		预测集		RPD
		R^2_c	均方根误差/%	R^2_{cv}	均方根误差/%	R^2_p	均方根误差/%	
SPF	4	0.988 0	0.95	0.986 4	1.01	0.987 4	1.03	8.58
SPC	5	0.990 4	0.85	0.989 0	0.91	0.989 6	0.91	9.72
SPI	5	0.977 3	1.31	0.970 2	1.50	0.972 0	1.59	5.56

2.5 检测限计算

为进一步观察 PLSR 多光谱预测模型性能,分别绘制了如图 6 所示的 3 种大豆蛋白模型中训练集、交叉验证集和预测集带有误差棒的预测数据与真实数据相关图。检测限(Limit of detection, LOD)是衡量检测方法能力的重要指标,为了评估其灵敏度,本研究中 LOD 计算公式^[20]为

$$L = \frac{2\delta}{S} \times 100\%$$
 (2)

式中 δ ——空白样本预测的标准偏差
 S ——训练集拟合曲线的斜率

由训练集和交叉验证集可以看出,二者检测误

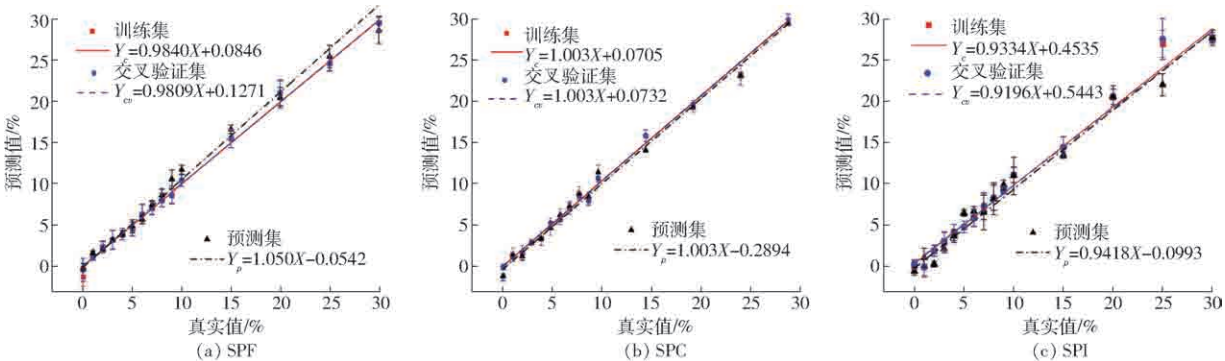


图 6 鸡肉糜中掺假大豆蛋白 SPF、SPC 和 SPI 检测的简化模型性能

Fig.6 Results of simplified models for detection of SPF, SPC and SPI adulteration in minced chicken meat

除此之外,SPF 和 SPI 样品选取的特征波长都含 871 nm,而 SPC 和 SPI 样品中选取的波长都含 425 nm 和 572 nm,其他选取出的波长不相同,这表明不同种类大豆蛋白的掺入对整个样品系统的影响具有一定的相似性,又因成分不同具有一定差异。

2.4 多光谱定量预测模型

以所选取特征波长为模型输入量,建立鸡肉糜中大豆蛋白掺假梯度的简化 PLSR 预测模型,模型性能如表 3 所示。与表 1 中建立的全光谱模型相比,多光谱 PLSR 模型性能均有所降低,说明在提取特征波长过程中其他波长下的信息被遗漏,但整体仍维持了较高的模型精度($R^2_p \geq 0.97$,预测集均方根误差在 1.59% 以内且 RPD 在 5.56 以上),说明选择的特征波长包含足够的大豆蛋白含量信息,适合用来建立简化模型。

差相差较小,表明了模型的可靠稳定性。为了进一步验证检测方法,仅对未参与建模的独立预测集 LOD 进行了计算,得到应用该方法预测鸡肉糜中 SPF、SPC 和 SPI 的 LOD 分别为 0.53%、0.58% 和 1.02%。可以看出 SPF 和 SPC 的 LOD 均在 1% 以下,而 SPI 的 LOD 在 1% 左右,现实中以盈利为目的进行的肉类掺假行为掺假率一般都会高于 10%,因此使用高光谱成像检测鸡肉糜中大豆蛋白含量是可满足实际需求的,尤其对掺假率在 1% 以上样品的定量检测效果更佳。

2.6 掺假梯度可视化表征

将 SPF、SPC 和 SPI 对应的最优简化 PLSR 预测

模型应用到原始多光谱图像上,针对每一个像素点的大豆蛋白掺入含量进行定量预测,最终拼接成一幅预测分布图。如图 7 所示,选择了 10 个掺假梯度(蛋白质量分数 0%、2%、4%、6%、8%、10%、15%、20%、25% 和 30%)进行示例展示。可视化图中背景用黑色、低梯度用蓝色,而高梯度用红色表示,可见采用此种线性颜色能够看到不同大豆蛋白梯度下的整体颜色变化,随梯度的升高样品由蓝色向黄红色转变,可清晰看出是否掺假及其掺假水平。样品

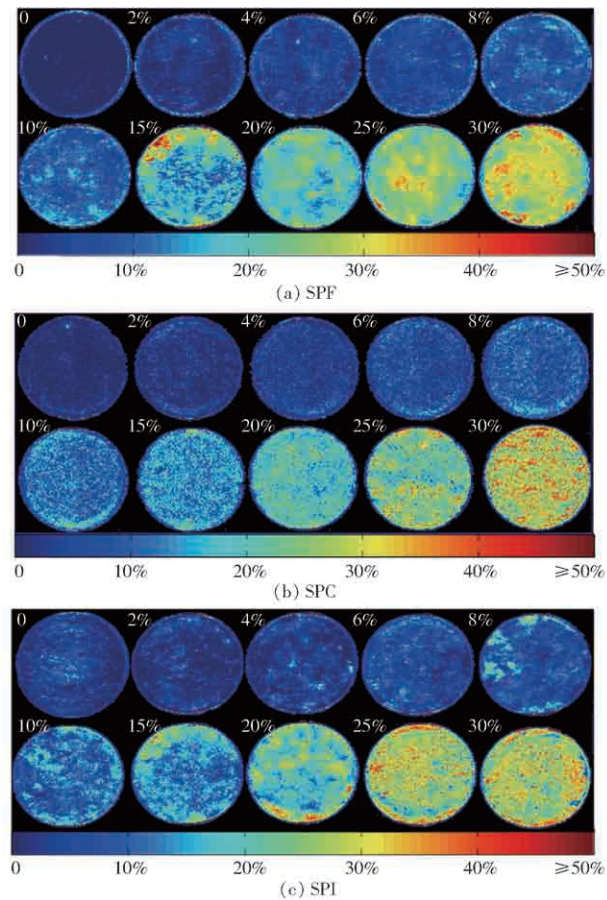


图 7 鸡肉糜中大豆蛋白的可视化分布图
Fig. 7 Visualization of soybean proteins distribution in minced chicken meat

内各像素点颜色也有差异预示着不同点处的掺假情况也有不同,证实大豆蛋白粉在鸡肉糜中分布也是不均匀的。在 SPF 和 SPC 的可视化图中,质量分数为零的样品几乎全是深蓝色,而 SPI 中质量分数为零与质量分数为 2% 的样品可视化效果接近,说明该方法对 SPF 和 SPC 的定性检测以及微量的定量检测效果要优于 SPI,这也与表 3 中最优模型预测结果相一致。通过构建大豆蛋白掺假梯度可视化分布图的方法,可直观展示与鸡肉颜色相近的大豆蛋白粉的掺入状况,为鸡肉糜的品质安全检测提供了参考。

3 结束语

使用 3 种肉制品中最常用大豆蛋白(大豆蛋白粉(SPF)、浓缩大豆蛋白(SPC)、大豆分离蛋白(SPI))作为生鲜鸡肉糜中的掺假物质,采集样品的高光谱图像,提取平均光谱进行对比,发现 3 种纯大豆蛋白在 400~1 000 nm 光谱范围内无显著特征峰和谷,光谱趋势相似且总体反射率高于纯鸡肉样品光谱。结合化学计量学建立的全光谱 PLSR 模型对 SPC 掺假梯度的预测效果最好($R_p^2=0.998\ 4$,预测集均方根误差为 0.37%,RPD 为 23.89),SPF 次之,而三者中最差的 SPI 的预测结果也较为理想($R_p^2=0.983\ 7$,预测集均方根误差为 1.16%,RPD 为 7.62)。为简化运算、节约成本,并为开发便携式检测仪器作准备,进一步借助 2DCOS 自相关峰提取了特征波长,据此建立的多光谱模型中 SPC 预测精度仍为最高,3 种大豆蛋白的模型针对预测集样品的检测限分别达 0.53%、0.58% 和 1.02%。优化的简化模型应用到原始光谱图像中,得到了不同掺假水平下鸡肉糜样品的可视化图像。研究表明,高光谱成像可作为快速、无损、可视的检测技术,用于检测生鲜鸡肉糜中掺入的大豆蛋白含量。

参 考 文 献

[1] BARBUT S. Poultry products processing: an industry guide [M]. Boca Raton: CRC Press, 2002: 420.
[2] FRIEDMAN M, BRANDON D L. Nutritional and health benefits of soybean proteins [J]. Journal of Agricultural & Food Chemistry, 2001, 49(3): 1069–1086.
[3] BELLOQUE J, GARCÍA M C, TORRE M, et al. Analysis of soybeanabean proteins in meat products: a review [J]. Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 2002, 42(5): 507–532.
[4] CAMOU J P, SEBRANEK J G. Effect of nonmeat proteins on gelation properties of porcine muscle proteins [J]. Journal of Muscle Foods, 2010, 2(3): 149–163.
[5] CASTRO F, GARCÍA M C, RODRÍGUEZ R, et al. Determination of soybean proteins in commercial heat-processed meat products prepared with chicken, beef or complex mixtures of meats from different species [J]. Food Chemistry, 2007, 100(2): 468–476.
[6] AOAC Official Methods. Soybean protein in raw and heat-processed meat products enzyme-linked immune[S]. Association of Official Analytical Chemist, 1996.
[7] 任君安, 黄文胜, 葛毅强, 等. 肉制品真伪鉴别技术研究进展[J]. 食品科学, 2016, 37(1): 247–257.

- REN Jun'an, HUANG Wensheng, GE Yiqiang, et al. Progress in meat adulteration detection techniques[J]. Food Science, 2016, 37(1): 247–257. (in Chinese)
- [8] MEYER R, CHARDONNENS F, HÜBNER P, et al. Polymerase chain reaction (PCR) in the quality and safety assurance of food: detection of soybean in processed meat products [J]. Zeitschrift für Lebensmittel-Untersuchung und Forschung, 1996, 203(4): 339–344.
- [9] 田少君, 张君旗, 王璇, 等. 利用 SDS-PAGE 法检测火腿肠中大豆蛋白的含量[J]. 河南工业大学学报, 2011, 32(2): 1–4.
- TIAN Shaojun, ZHANG Junqi, WANG Xuan, et al. Content determination of soy protein isolate in sausage by SDS-PAGE[J]. Journal of Hebei University of Technology, 2011, 32(2): 1–4. (in Chinese)
- [10] 杨勇, 周小平, 秦丹, 等. 猪肉乳化香肠中大豆分离蛋白的检测[J]. 食品科学, 2011, 32(14): 281–284.
- YANG Yong, ZHOU Xiaoping, QIN Dan, et al. Determination of soybean protein isolate in emulsion-type pork sausages[J]. Food Science, 2011, 32(14): 281–284. (in Chinese)
- [11] 杨志敏, 丁武. 原料肉中掺大豆蛋白的近红外检测技术的研究[J]. 肉类工业, 2010(10): 29–33.
- YANG Zhimin, DING Wu. Study on near infrared spectroscopy determination of soybean protein in raw meat[J]. Meat Industry, 2010(10): 29–33. (in Chinese)
- [12] 杨志敏, 丁武. 近红外光谱技术快速鉴别原料肉掺假的可行性研究[J]. 肉类研究, 2011, 25(2): 25–28.
- YANG Zhimin, DING Wu. A feasibility study of rapid discrimination of raw meat and adulterated meat based on near-infrared spectroscopy and artificial neural net work model[J]. Meat Research, 2011, 25(2): 25–28. (in Chinese)
- [13] JIANG H, ZHUANG H, SOHN M, et al. Measurement of soybean contents in ground beef using near-infrared spectroscopy [J]. Applied Sciences, 2017, 7(1): 97.
- [14] LIU D, PU H, SUN D W, et al. Combination of spectra and texture data of hyperspectral imaging for prediction of pH in salted meat[J]. Food Chemistry, 2014, 160: 330–337.
- [15] BAIANO A, TERRACONE C, PERI G, et al. Application of hyperspectral imaging for prediction of physico-chemical and sensory characteristics of table grapes[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2012, 87: 142–151.
- [16] ZHANG C, LIU F, KONG W, et al. Application of visible and near-infrared hyperspectral imaging to determine soluble protein content in oilseed, rape leaves[J]. Sensors, 2015, 15(7): 16576–16588.
- [17] YU K, ZHAO Y, LIU Z, et al. Application of visible and near-infrared hyperspectral imaging for detection of defective features in loquat[J]. Food and Bioprocess Technology, 2014, 7(11): 3077–3087.
- [18] KAMRUZZAMAN M, ELMASRY G, SUN D W, et al. Prediction of some quality attributes of lamb meat using near-infrared hyperspectral imaging and multivariate analysis[J]. Analytica Chimica Acta, 2012, 714: 57–67.
- [19] 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.
- [20] BILGE G, VELIOGLU H M, SEZER B, et al. Identification of meat species by using laser-induced breakdown spectroscopy [J]. Meat Science, 2016, 119: 118–122.
-

(上接第 356 页)

- [15] OHANIAN P P, DUBES R C. Performance evaluation for four classes of textural features[J]. Pattern Recognition, 1992, 25(8): 819–833.
- [16] MALIK F, BAHARUDIN B. Analysis of distance metrics in content-based image retrieval using statistical quantized histogram texture features in the DCT domain[J]. Journal of King Saud University-computer and Information Sciences, 2013, 25(2): 207–218.
- [17] PATRICIO M A, MARAVALL D. A novel generalization of the gray-scale histogram and its application to the automated visual measurement and inspection of wooden pallets[J]. Image and Vision Computing, 2007, 25(6): 805–816.
- [18] TAMURA H, MORI S, YAMAWAKI T. Textural features corresponding to visual perception[J]. IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics, 1978, 8(6): 460–473.
- [19] OJALA T, PIETIKAINEN M. Multiresolution gray-scale and rotation invariant texture classification with local binary patterns [J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis & Machine Intelligence, 2002, 24(7): 971–987.
- [20] OJALA T, VALKEALAHTI K, OJA E, et al. Texture discrimination with multidimensional distributions of signed gray-level differences[J]. Pattern Recognition, 2001, 34(3): 727–739.
- [21] LAPORTE L, FLAMARY R, CANU S, et al. Nonconvex regularizations for feature selection in ranking with sparse SVM[J]. IEEE Transactions on Neural Networks and Learning Systems, 2014, 25(6): 1118–1130.