

基于近红外特征波段的注水肉识别模型研究

唐 鸣^{1,2} 田潇瑜³ 王 旭¹ 徐 杨¹

(1. 中国农业大学工学院, 北京 100083; 2. 浙江工业职业技术学院交通学院, 绍兴 312000;
3. 江苏大学食品与生物工程学院, 镇江 212013)

摘要: 以注水肉为对象进行无损检测技术的应用,需要着重于正常肉和注水肉之间的区分,可采用基于光谱分析技术和模式识别的方法。以牛肉为对象,对注水肉的模式识别模型进行了研究。在 900 ~ 2 200 nm 波段内,以凸显差异性为目的,分别对正常肉和注水肉样本的光谱数据进行特征值提取,以具有差异性的特征值建模。首先使用小波变换观察奇异值的方法分别提取到两种肉类的多个特征波段,并以特定原则构成多个特征波段组合项,再与光谱的聚类分析结果相结合,为两种肉类共同确定可用于模式识别算法的光谱特征值,即主要以聚类结果中的 1 818 ~ 1 842 nm、1 194 ~ 1 278 nm 两个波段形成了 4 种组合,最终构成 4 个条件下、不同数量的目标矩阵。基于支持向量机算法为每一个目标矩阵建立模式识别的模型,以留一法对目标矩阵进行训练集和验证集的分配并进行交叉验证,以交叉验证结果中两种肉类识别正确率之和的最大值作为当前目标矩阵的总体最优识别率,结果显示,所有矩阵中,总体识别率最大值为 90.48%,具体数据为:两个波段都不被包含时,目标矩阵的总体识别率最高为 88.10%;完全包含两个波段时最高识别率为 90.48%;只考虑单一因素时的总体识别率分别为 86.90% 和 89.29%。可采用曼-惠特尼秩和检验的方法对这些总体识别率数据进行差异显著性分析。结果表明,1 818 ~ 1 842 nm 波段较为显著地体现了正常肉与注水肉近红外光谱吸收特点的不同。另外,识别结果的数据还显示,若对正常肉和注水肉分别考察,正常肉的识别率整体相对较高。

关键词: 注水肉; 近红外; 模式识别; 特征光谱

中图分类号: O657.33; TS207.3 文献标识码: A 文章编号: 1000-1298(2018)S0-0440-07

Recognition Model of Water-injected Meat Based on Characteristic Spectrum Extraction of Infrared Spectroscopy

TANG Ming^{1,2} TIAN Xiaoyu³ WANG Xu¹ XU Yang¹

(1. College of Engineering, China Agricultural University, Beijing 100083, China
2. School of Transportation, Zhejiang Industry Polytechnic College, Shaoxing 312000, China
3. School of Food and Biological Engineering, Jiangsu University, Zhenjiang 212013, China)

Abstract: Nondestructive testing technology of water-injected meat has developed rapidly, thus a novel method was displayed based on the technical of pattern recognition algorithms, aiming to research a pattern recognition model which combined with spectral analysis technique and support vector machines. Then the examination was designed with the purpose of getting objects' infrared spectroscopy, these objects were water-injected beefs and the normal beefs. Furthermore, some characteristic spectrum was collected according to the principle of spectral analysis technology in the wavebands of 900 ~ 2 200 nm, difference of the two classes of object should be emphasized as the reason of the pattern modeling requirements. So wavelet transform was applied to spectral analysis to obtain the singular value which seemed as the chief actor of the difference between water-injected samples and normal ones, and the next step based on singular value was to extract the feature wavebands from spectroscopy of every class of beef. The feature wavebands that contained common group absorption peak were named base value, the others were optional, and different combinations were carried out by them in the end. Clustering methodology

收稿日期: 2018-07-10 修回日期: 2018-08-30

基金项目: 国家重点研发计划项目(2016YFD0300302)

作者简介: 唐鸣(1980—),男,博士生,浙江工业职业技术学院讲师,主要从事检测技术研究,E-mail: syanbaa@qq.com

通信作者: 徐杨(1963—),女,教授,博士生导师,主要从事农机自动化及其新材料研究,E-mail: xuyang@cau.edu.cn

provided characteristic spectrum as another additional factor for such combinations above, they were all target matrix which were prepared for pattern recognition model. Above all, training set and testing set were constructed by using leave-one-out cross validation, the optimum displayed identify outcomes of different combinations, and the value of recognition rate was 90.48%. Much analysis about difference significance test was necessary, and then Mann-Whitney method was used to analyze the significance of recognition rate above, it was showed that the result was significant, and the feature wavebands obtained from clustering analysis took pattern recognition model a higher prediction accuracy, in which, wavebands of 1 818 ~ 1 842 nm had great influence.

Key words: water-injected meat; near-infrared; pattern recognition; characteristic spectrum

0 引言

近年来,对注水肉进行检测的技术路线逐渐丰富^[1-2],检测方法也逐渐展现出多样性^[3-4]。目前基于光谱分析的无损检测技术领域内,主要根据含水率的检测结果对肉品是否注水进行判别^[5-6],国内外研究者以可见/近红外波段为主要对象,应用了数据融合算法^[7]、神经网络模型^[8]、基于稀疏表示的数据处理方法^[9]、多光谱系统^[10]等手段进行了研究,都达到了良好的预测效果。但基于市场经验,面对注水肉较为复杂的成因和市场现状,若单纯以含水率的改变而对肉类是否注水进行判断,其说服力有限,本文认为,模式识别技术与光谱分析技术相结合,能够更加切实地反映正常肉类和注水肉类在近红外光谱吸收上的差异,因此,对于复杂的注水肉现状而言,基于模式识别的注水肉检测方法具有更好的说服力和市场适应性。

本文通过近红外光谱分析提取两种肉类的特征光谱(特征波长或特征波段)、采用较为常见和稳定的支持向量机(Support vector machine,SVM)方法建立模式识别模型,以期能区分两种肉类。不同的特征值提取方案对应识别模型的不同识别结果,本文对这些结果进行差异显著性分析,对不同方案的特点进行对比。

1 材料与方法

1.1 样本

从镇江市东风农贸市场购买当日市售牛肉。将取得的牛肉放置于恒温箱内以4℃恒温运输至实验室进行实验样本制备^[11]。

正常肉和注水肉分别准备42个实验样本,样本规格约为7 cm×7 cm×2 cm,沿着与肉品纤维延伸方向垂直的方向进行切割。在样本进行光谱采集之前,获取到样本的一部分,依据GB5009.3—2010《食品中水分的测定》测量得到了正常肉及注水肉的含水率指标:最大值依次为78.73%、79.22%,最小值依次为71.76%、72.14%,平均值依次为75.11%、

75.50%,标准差依次为2.04%、2.07%。

1.2 光谱系统及样本光谱采集

NIRQuest512型光谱仪和vivo型光源以及安装了光谱仪伺服软件的计算机共同构成了近红外光谱采集系统,如图1所示。

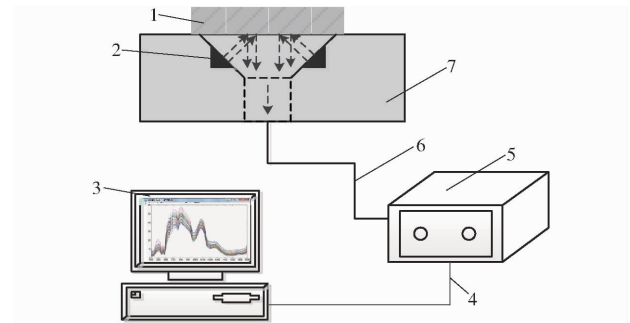


图1 光谱采集系统

Fig.1 Spectral acquisition system

1. 样本 2. 光源发生器 3. 计算机 4. USB 线缆 5. 光谱仪
6. 带准直器的光纤 7. vivo 型光源

近红外光谱仪覆盖波段为870~2 500 nm,分辨率3.2 nm、共512个中心波长;光源为上表面承载式卤钨灯光源,覆盖波段为360~2 200 nm。

样本在25℃左右的温度下平置30 min^[12],待表面呈现出滑腻但无明显水珠时,将样本上表面翻转为下表面后平放至光源承载面上进行光谱采集。

对两类肉品进行光谱采集,分别形成正常肉光谱数据集和注水肉的光谱数据集。

1.3 光谱数据的处理

考虑到所采集原始光谱起止处的噪声、卤钨灯光谱波段等因素,最终以900~2 200 nm波段作为实际使用的光谱数据,以多元散射校正的方法对光谱进行预处理^[13]形成 M_1 和 M_2 两个光谱数据矩阵,分别代表正常肉和注水肉光谱数据集,每个数据集确定了42个有效样本。

1.4 小波变换的光谱分析方法

小波变换在发现光谱中的突变、发现奇异性方面具有优势^[14],二维数据和多维数据(诸如光谱数据和图像等)都是常见的应用对象^[15-16]。通过小波变换将原始数据变换到小波域,即光谱的信号在

特定缩放尺度和平移的处理过程中,将其所包含的信息由对应的小波系数表示,一个小波由一系列子函数组成,这些子函数根据小波基函数对原始数据重新描述,在频域和时域两个维度上体现原始数据的特点,从而能够更好地凸显出相对变化较大的点位来^[17],计算公式为

$$\varphi_{a,b}(t) = \frac{1}{\sqrt{a}}\varphi\left(\frac{t-b}{a}\right)$$

(1)

式中 $\varphi(t)$ ——小波基函数
 a ——缩放因子 b ——平移因子
 t ——时间

小波变换包括连续和离散两种类别,通常使用计算机处理的大多是离散小波变换^[18],应用时,首先选定小波基函数,同时设置分解层数,分解的结果包括低频原始信号和高频细节值,前者能够对原始数据进行还原,后者则能够较好地反映出原始信号在不同中心波长上的差异,从而为光谱的特征波长或特征波段的选取提供依据。本文使用小波变换的方法,在全波段范围内对光谱的变换特点进行分析和对比。

1.5 基于聚类分析的光谱分析方法

聚类分析是一种定性分析,目的是在一个大类中将其所有个体按照相互之间的相似程度归入到若干个子类中去,使得各类内部在相似性、各类之间的差异性都能够达到最大。K 均值聚类算法是 MACQUEEN^[19] 在 1967 年提出的一种基于划分的经典聚类分析方法,运算方法为随机选择 k 个聚类中心并计算出其他数据到达聚类中心的距离,再根据这些距离的远近分配出若干个类簇,最终通过重复这个过程使得准则函数收敛或达到最大迭代次数。

针对一个 $m \times n$ 矩阵而言,在 K 均值聚类运算中首先需要得到任意两个元素之间的欧氏距离 D ,基于 D 得到簇内数据和簇中心的差距平方和 W 、簇中心和矩阵中心的差异平方和 B 。最后,综合 D 、 W 、 B 等数据计算得到距离平方和差值 S_{DSED} ,其计算公式为

$$S_{\text{DSED}} = \left| \frac{S_{\text{SSW}}S_{\text{SST}}}{S_{\text{SSB}}} - \frac{S_{\text{SID}}}{S_{\text{ADB}} - (n - m)} \right|$$

(2)

式中 S_{SSW} ——簇内平方和
 S_{SSB} ——簇间平方和 S_{SST} ——总平方和
 S_{SID} ——簇内距离和
 S_{ADB} ——簇间平均距离

S_{DSED} 主要用于在聚类算法运算过程中确定最佳聚类个数,即聚类算法初定的聚类中心个数 k 仅是一个初始值,与作为最终运算结果的类簇数量之间无关联。

1.6 支持向量机方法及应用

支持向量机属于模式识别的方法,SVM 分类器对于小样本、高维度数据的非线性分类具有较好的解决效果,遵循结构风险最小化准则构造决策超平面使负样本和正样本之间的分类间隔最大^[20],正负样本都要作为训练集参与运算。其运算公式为

$$f(x) = K(w, x) + B$$

(3)

式中 x ——样本矩阵 $f(x)$ ——判定阈值
 w ——自变量 $K(w, x)$ ——核函数
 B ——常数

本文综合采用聚类分析和小波变换两种光谱分析方法分别从 M_1 和 M_2 两个矩阵中提取光谱特征值,然后采用特征值数据建立 SVM 识别模型,即构建 SVM 分类器。采用 Matlab 2012a 编写 SVM 分类器程序,程序代码中诸如数据的归一化处理、SVM 网格训练、网格预测等功能直接使用 Matlab 2012a 自带函数。

1.7 光谱特征提取思路

小波分析和聚类分析相结合提取 M_1 和 M_2 矩阵的特征值(特征波长或波段),两种方法目的一致但应用思路不同。

小波变换是以单一样本为考察对象的,对该对象在全波段范围内逐点(波长点位)分析,从而能够在全波段内凸显各波长点位上的变化,即根据变换的结果,在某一特定分解层中,寻找出光谱曲线中被认为有较大奇异值的波长点位,这些点位可被认定为特征值。分别对两类肉品的所有样本进行小波变换,结果即各自得到特征波长或波段,最终进行综合分析而选定特征值。

聚类分析以反射率为考察对象,对全样本进行分析后得到结果,基于反射率而对样本之间的相似性进行了分析和确认,最终聚合为不同类别。聚类结果中类簇编号差异越大代表各簇聚类中心之间的差异越大,则两类间转折处的波长点位便具有一定的区分意义。

由此可见,小波分析是对样本个体进行分析,通过不同波长处对应的细节变化反映不同肉类光谱之间的差异性;聚类分析以反射率为变量而对样本的波长进行了聚合,能够形成若干类簇。对同一个光谱数据实施两种方法,能够使得所提取到的光谱特征值更具普遍性。

2 结果与分析

2.1 近红外光谱

图 2 和图 3 分别对应了光谱矩阵 M_1 和 M_2 。

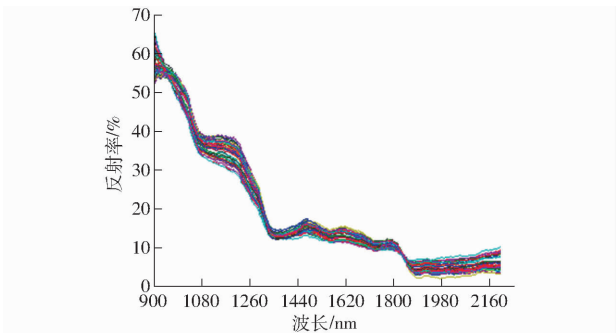


图2 正常牛肉的反射率光谱曲线

Fig.2 Reflectance spectroscopy of normal beef

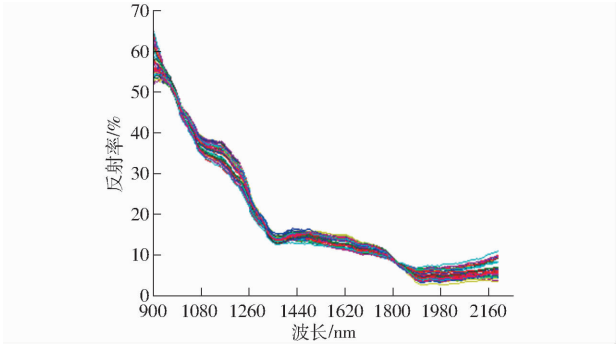


图3 注水牛肉的反射率光谱曲线

Fig.3 Reflectance spectroscopy of water-injected beef

2.2 小波变换结果

采用 Matlab 2012a 自带小波分析工具箱对光谱矩阵 M_1 和 M_2 进行小波分析,采用正则性较好、应用较为广泛的 db4 作为小波基函数,阈值类型设为 Minimax,噪声结构设为 Non-white noise,使用 5 层分解。观察对比后可知,两类肉品的 d5 层细节值能够更好地体现出差异性,可将 d5 层作为最佳分解层进行分析。

图 4 和图 5 分别展示了两类肉品各自 42 个样本的光谱数据经过分解后的 d5 层细节值,图 6 是分别从图 4、5 中任选两条细节值曲线在同一坐标系中的对比,能够更为直观地展现两类肉品光谱之间的差异。

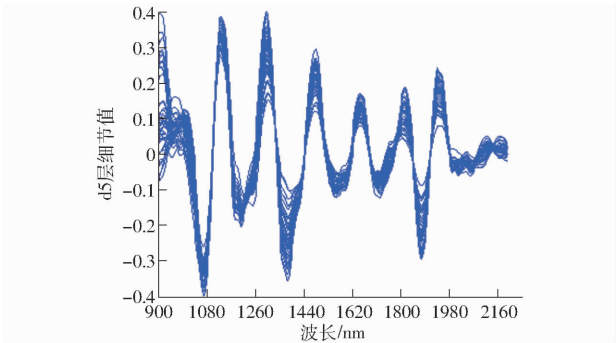


图4 M_1 矩阵 d5 层细节值

Fig.4 Detail signal value of d5 in matrix M_1

2.3 聚类分析结果

本文对聚类算法的使用,实质上是在小波变换

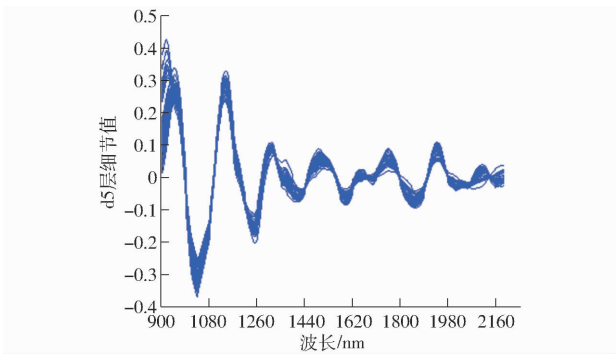


图5 M_2 矩阵 d5 层细节值

Fig.5 Detail signal value of d5 in matrix M_2

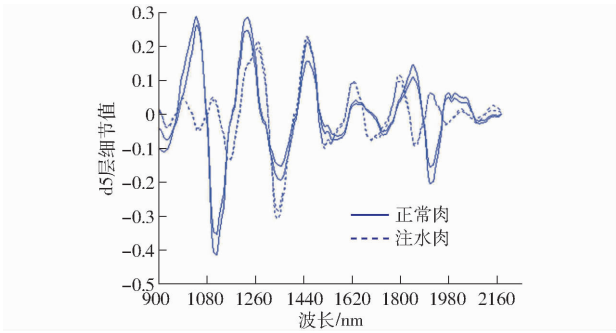


图6 M_1 、 M_2 任意样本细节值对比

Fig.6 Random sample detail signal values of M_1 and M_2

的基础上增加了对光谱反射率因素的考虑,理论上能够使得特定模型的稳定性和预测效果得到提升。使用 Matlab 2012a 中自带 K 均值聚类函数,设置初始聚类个数为 10,运算后矩阵 M_1 和 M_2 聚类的结果如图 7 所示。

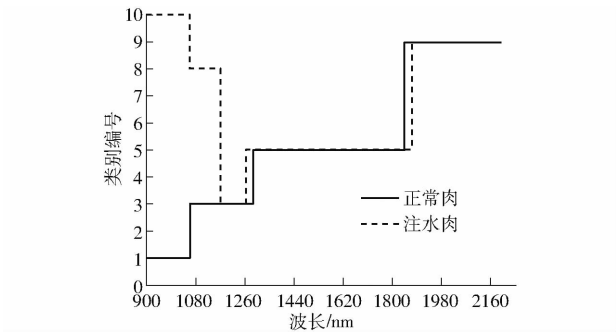


图7 M_1 、 M_2 聚类分析结果

Fig.7 Cluster analysis result of M_1 and M_2

2.4 特征值的提取和分析

特征值应能够反映两种肉品光谱曲线之间的差异性,特征值对应处的两类样本光谱之间的差异性越大,SVM 识别模型的区分效果就越好。

基于图 4~6,若两类曲线在一个有限长度的波段内的不同波点处存在曲线的波峰(或波谷),该波段便可被提取为特征波段。

对于图 7 则应着重观察类间转折处。若一条曲线的转折处对应的是另一条曲线的非转折处,则该点可视为特征波点,可采用与其相邻的前后各 4 个

波点共同构成一个涵盖了 9 个波点的特征波段。例如图 7 中 1 194 ~ 1 278 nm 和 1 818 ~ 1 842 nm 两个波段便可被提取为特征波段。综合以上内容进行特征值的选取,结果如表 1 所示。

表 1 特征值的选取结果
Tab.1 Selection result of characteristic spectrum

nm	
组号	选取波段
1	1 194 ~ 1 278、1 818 ~ 1 842
	990 ~ 1 056、1 132 ~ 1 156、1 236 ~ 1 248、1 320、1 374 ~
2	1 392、1 476 ~ 1 482、1 536 ~ 1 596、1 640 ~ 1 646、1 716 ~
	1 722、1 800 ~ 1 806、1 960 ~ 1 966
	930 ~ 966、1 032 ~ 1 038、1 140 ~ 1 146、1 242 ~ 1 254、1 302 ~
3	1 320、1 404 ~ 1 428、1 482 ~ 1 518、1 572 ~ 1 578、1 758 ~
	1 776、1 842、1 956 ~ 1 962
差异	930 ~ 966、990 ~ 1 056、1 374 ~ 1 392、1 404 ~ 1 428、
波段	1 482 ~ 1 518、1 640 ~ 1 646、1 716 ~ 1 722、1 842

另外,根据已有研究经验,肉类在 900 ~ 2 200 nm 波段内,用于与水分研究有关的几个常见基团的吸收峰波长如表 2 所示。

表 2 肉类常见基团近红外光谱吸收峰波长
Tab.2 Infrared absorption peak of common

function group of meat				nm
类别	—CH	—OH	—NH	
合频	2 300	2 000	2 200	
一级倍频	1 750	1 430	1 515	
二级倍频	1 150	950	1 000	

表 1 中第 1 组数据是基于聚类分析的结果所提取到的特征值,对应图 7,第 2、3 组数据是基于小波变换的结果所提取到的特征值,依次对应图 4 和图 5。结合表 2 的内容,对特征值的提取有如下描述:

(1)对包含了常见吸收峰(表 2 所示)的特征波长进行分析。第 1 组的 1 194 ~ 1 278 nm 波段涵盖了一CH 的吸收峰,反映肉类之间的不同。第 2、3 组数据更加详细地展现了两类肉品光谱本身特性的不同:第 3 组数据在 930 ~ 966 nm 和 1 404 ~ 1 428 nm 两个波段(涵盖了一OH 吸收峰)处和第 2 组数据不重叠,两组各自在 990 ~ 1 056 nm 和 1 482 ~ 1 518 nm 波段(涵盖了一NH 吸收峰)不重叠,第 3 组在 1 758 ~ 1 776 nm 附近(涵盖了一CH 吸收峰)处与第 2 组不重叠。

(2)对未包含常见吸收峰的特征值进行分析。第 2 组中的 1 374 ~ 1 392 nm、1 640 ~ 1 646 nm 和 1 716 ~ 1 722 nm 波段都与第 3 组不重叠,第 3 组中的 1 758 ~ 1 776 nm 波段和 1 842 nm 波点均与第 2 组不重叠。这些未涵盖常见吸收峰的波段也是本研

究提取出的特征值,相对于表 2 而言表现了新的吸收特点,与上一部分的分析相类似,都是正常肉与注水肉的近红外光谱的吸收结果。

根据模式识别基本原理,表 1 中差异波段便是在 2、3 两组数据之间未发生重叠的波段,它们是足以体现出两类肉品差异性的光谱数据,可用于建立识别模型。

2.5 识别模型及其结果分析

2.5.1 建模步骤

表 1 的 2、3 两组特征值数据相互之间不发生波长重叠的波段可用于共同构建识别模型,即表 1 中“差异波段”中每个波段都是构成特征值组合的备选项。具体方法如下:

(1)表 1 的 2、3 两组数据所展示的波段选项可进行任意组合而构成特征值,本研究为了契合于一般性并降低研究过程的计算量,可将表 1 和表 2 结合使用,即:表 1 中的波段,若涵盖了表 2 所示的特征吸收峰,则该波段作为基准波段,否则便作为非基准波段。最终用于建模的特征值组合情况为:4 个基准波段必选,其余波段为任选。

(2)表 1 中第 1 组的两个数据是聚类分析所形成的,由于它与 2、3 两组数据代表了不同的分析角度,因此在实际使用时将第 1 组视为两个条件波段,与上述新的特征值结合使用。针对具体情况,两个条件波段最终可构成 4 个条件:A,两个波段都不被包含;B,只包含 1 194 ~ 1 278 nm 波段;C,只包含 1 818 ~ 1 842 nm 波段;D,两个波段都被包含。

特征值组合与条件 A ~ D 相结合,共同构成目标矩阵(光谱数据集),并且,样本数量适合于采用留一法为 SVM 分类器选取训练集和测试集,则训练集共计 82 个样本(正常肉和注水肉各 41 个),验证集共计 2 个(正常肉和注水肉各 1 个),因此,每一个目标矩阵交叉验证共计进行了 42 次,得到 42 组识别结果。

综上所述,根据表 1 中具体的波段、波长涵盖情况可知:A、B 条件均有 4 个自由选项,各形成 11 个目标矩阵;C、D 条件均有 3 个自由选项,各形成 7 个目标矩阵。上述每个矩阵都存在一个经过交叉验证后的最优的总体识别率,总体识别率即正常肉和注水肉被模型正确识别的个数之和占样本总个数的百分比。

2.5.2 模型结果

表 3 为上述最优总体识别率之间的相互比较。从表 3 可知,所有的目标矩阵所得到的总体识别率,其最高值均大于 86%、最低值在 70% ~ 77% 之间。对正常肉和注水肉的识别情况进行独立观察可知,

表 3 目标矩阵及其识别率
Tab.3 Recognition rate of target matrix

条件	取得最优总体识别率的目标矩阵				各条件下总体识	各条件下总体识
	自由波段选项组合/nm	识别率/%	正常肉识别个数	注水肉识别个数	别率最低值/%	别率均值/%
A	1 374 ~ 1 392、1 640 ~ 1 646、1 716 ~ 1 722	88. 10	42	32	70. 73	76. 83
B	1 374 ~ 1 392、1 640 ~ 1 646、1 716 ~ 1 722	86. 90	38	35	74. 39	76. 16
C	1 640 ~ 1 646、1 716 ~ 1 722、1 842	89. 29	39	36	76. 83	81. 01
D	1 374 ~ 1 392、1 640 ~ 1 646、1 842	90. 48	38	38	74. 39	78. 75

正常肉的识别率整体相对较高。

图 8 为总体识别率的最优数值分布。

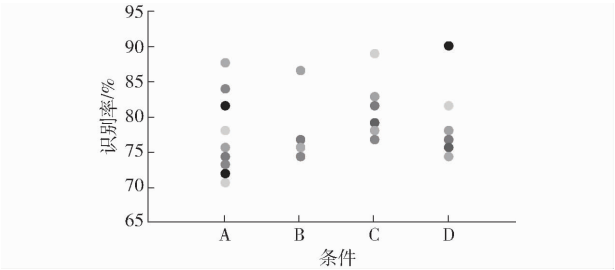


图 8 各条件下的总体识别率最优数值分布
Fig.8 Total recognition rate distribution under every condition

2.5.3 对结果的讨论

如图 8 所示,A ~ D 条件下的最优总体识别率个数(或目标矩阵的个数)依次为 11 个、11 个、7 个和 7 个(由于各条件下均存在不同目标矩阵对应了相同的总体识别率的情况,故图 8 中标记有重叠),每一条条件下的识别率数据作为一个变量,对不同条件下的识别率数据进行差异显著性分析,由于各样本(条件数)中的变量彼此独立且数量较少、不易确定分布类型,故可选用曼-惠特尼(Mann-Whitney)秩和检验方法展开。该方法通过样本内部数据之间的差异来判定不同样本是否能够被认定为取自同一个总体。分别对 4 个样本进行两两之间的差异显著性分析:使用 SPSS19,在“独立样本、Mann-Whitney、U 检验”测试模式下运行得到 p 值(拒绝原假设时的犯错概率)。不失一般性,以 $p=0.05$ 为边界,结果显示:A-B、A-C、A-D、B-D、C-D 之间差异性不显著,对应的 p 值依次为 0.661、0.063、

0.024、0.167、1.000;B-C 之间 p 值为 0.004,差异性显著。

B-C 之间的结果极为不同,C-D 之间极为类似,其中 B 只包含了 1 194 ~ 1 278 nm 波段,C 只包含了 1 818 ~ 1 842 nm 波段,D 则两个波段均被包含在内。由此可知这两个波段对识别模型所造成的影响较为不同。

结合表 3 所示,条件 C、D 对应的模型极为类似且最优识别率及其均值都是 4 个条件中数值最高的两个,分别为两条件下各自 7 个目标矩阵的总体识别率数据计算标准差,则 C 条件下的标准差为 4.10%、D 条件下的标准差为 5.67%,据此可认为 C 条件下的识别结果总体最佳。即近红外范围内,正常肉和注水肉光谱吸收特点的不同,在 1 818 ~ 1 842 nm 波段体现得更为显著。

3 结论

(1)综合使用了小波变换和聚类分析的方法进行光谱特征值的提取。在建模中考虑的肉类常见吸收峰的影响,在小波变换所取得的特征值中,将包含常见吸收峰的波段作为基准波段、特征值中的其余部分作为自由选项波段,并以聚类分析所取得的特征值作为附加的条件,构建目标矩阵。

(2)基于不同目标矩阵建立识别模型,运行结果显示,正常肉和注水肉在 1 818 ~ 1 842 nm 波段体现出了较为不同的吸收特点,并最终以最高 90.48% 的总体识别率较好地实现了对肉品是否注水的识别。

参 考 文 献

1 黄玉萍,陈桂云,夏建春,等.注水肉无损检测技术现状与发展趋势分析[J/OL].农业机械学报,2015,46(1):207-215.
http://www.j-csam.org/jcsam/ch/reader/view_abstract.aspx?file_no=20150130&flag=1&journal_id=jcsam. DOI: 10.6041/j.issn.1000-1298.2015.01.030.

HUANG Yuping, CHEN Guiyun, XIA Jianchun, et al. Status and trends of nondestructive detection technology for water-injected meat [J/OL]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2015, 46(1): 207-215. (in Chinese)

2 刘朝鑫,李明,甘富航,等.注水肉超声波无损检测装置及特征阈值的提取[J].食品与机械,2017,33(4):70-74.

LIU Zhaoxin, LI Ming, GAN Fuhang, et al. Ultrasonic nondestructive testing device for water-injected meat and extraction of feature threshold [J]. Food & Machinery, 2017, 33(4): 70-74. (in Chinese)

3 刘登勇,艾迎飞,吕超,等.注水肉检测方法研究进展[J].肉类工业,2012(1):54-56.

LIU Dengyong, AI Yingfei, LÜ Chao, et al. Advancement on detection methods of water-injected meat [J]. Meat Industry, 2012

- (1): 54–56. (in Chinese)
- 4 YANG Yang, ZHONG Yiwang, QIANG Ding. Moisture content prediction of porcine meat by bioelectrical impedance spectroscopy [J]. Mathematical and Computer Modelling, 2013, 58(3): 819–825.
- 5 汤修映, 牛力钊, 徐杨, 等. 基于可见/近红外光谱技术的牛肉含水率无损检测[J]. 农业工程学报, 2013, 29(11): 248–254. TANG Xiuying, NIU Lizhao, XU Yang, et al. Nondestructive determination of water content in beef using visible/near-infrared spectroscopy[J]. Transactions of the CSAE, 2013, 29(11): 248–254. (in Chinese)
- 6 张海云, 彭彦昆, 王伟, 等. 生鲜猪肉主要品质参数无损在线检测系统[J/OL]. 农业机械学报, 2013, 44(4): 146–151. http://www.j-csam.org/jcsam/ch/reader/view_abstract.aspx?flag=1&file_no=20130426&journal_id=jcsam. DOI: 10.6041/j.issn.1000-1298.2013.04.026. ZHANG Haiyun, PENG Yankun, WANG Wei, et al. Nondestructive real-time detection system for assessing main quality parameters of fresh pork [J/OL]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2013, 44(4): 146–151. (in Chinese)
- 7 郭培源, 王昕琨, 林岩, 等. 基于多传感器信息融合的注水肉检测方法研究[J]. 激光与光电子学进展, 2013, 50(7): 151–157. GUO Peiyuan, WANG Xinkun, LIN Yan, et al. Detection of meat containing excessive moisture based on multi-sensor information fusion[J]. Laser & Optoelectronics Progress, 2013, 50(7): 151–157. (in Chinese)
- 8 杨志敏, 丁武, 张瑶. 应用近红外技术快速鉴别原料肉注水的研究[J]. 食品研究与开发, 2012, 33(5): 118–120, 128. YANG Zhimin, DING Wu, ZHANG Yao. Study on discrimination of raw meat and water-injected meat based on near-infrared spectroscopy and artificial neural network model [J]. Food Research and Development, 2012, 33(5): 118–120, 128. (in Chinese)
- 9 郝冬梅, 周亚男, 王玉, 等. 基于可见-近红外光谱与稀疏表示的注水肉识别[J]. 光谱学与光谱分析, 2015, 35(1): 93–98. HAO Dongmei, ZHOU Ya'nan, WANG Yu, et al. Recognition of water-injected meat based on visible/near-infrared spectrum and sparse representation[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2015, 35(1): 93–98. (in Chinese)
- 10 LIU Jinxia, CAO Yue, WANG Qiu, et al. Rapid and non-destructive identification of water-injected beef samples using multispectral imaging analysis [J]. Food Chemistry, 2016, 190: 938–943.
- 11 马世榜, 汤修映, 徐杨, 等. 可见/近红外光谱结合遗传算法无损检测牛肉 pH 值[J]. 农业工程学报, 2012, 28(18): 263–268. MA Shibang, TANG Xiuying, XU Yang, et al. Nondestructive determination of pH value in beef using visible/near-infrared spectroscopy and genetic algorithm[J]. Transactions of the CSAE, 2012, 28(18): 263–268. (in Chinese)
- 12 彭彦昆, 杨清华, 王文秀. 基于近红外光谱的猪肉水分在线检测与分级[J/OL]. 农业机械学报, 2018, 49(3): 347–353. http://www.j-csam.org/jcsam/ch/reader/view_abstract.aspx?file_no=20180343&flag=1&journal_id=jcsam. DOI: 10.6041/j.issn.1000-1298.2018.03.043. PENG Yankun, YANG Qinghua, WANG Wenxiu. On-line detection and classification of pork moisture based on near-infrared spectra [J/OL]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2018, 49(3): 347–353. (in Chinese)
- 13 王动民, 纪俊敏, 高洪志. 多元散射校正预处理波段对近红外光谱定标模型的影响[J]. 光谱学与光谱分析, 2014, 34(9): 2387–2390. WANG Dongmin, JI Junmin, GAO Hongzhi. The effect of MSC spectral pretreatment regions on near infrared spectroscopy calibration results [J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2014, 34(9): 2387–2390. (in Chinese)
- 14 李颖, 刘炳新, 李宝玉, 等. 基于小波变换的油膜光谱特征分析[J]. 光谱学与光谱分析, 2012, 32(7): 1923–1927. LI Ying, LIU Bingxin, LI Baoyu, et al. Analysis of spectral characteristic of oil film on water based on wavelet transform[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2012, 32(7): 1923–1927. (in Chinese)
- 15 SONG Dongmei, LIU Bin, CHEN Shouchang, et al. Classification of the different thickness of the oil film based on wavelet transform spectrum information [J]. Aquatic Procedia, 2015(3): 133–143.
- 16 ŁUKASZ J, JOZEF J. Early fault detection in gearboxes based on support vector machines and multilayer perceptron with a continuous wavelet transform [J]. Applied Soft Computing, 2015, 30: 636–641.
- 17 杨月桃. 基于小波变换的高光谱图像分类算法应用研究[D]. 成都: 成都理工大学, 2014. YANG Yuetao. Study on the hyper-spectral image classification algorithm application based on wavelet transform [D]. Chengdu: Chengdu University of Technology, 2014. (in Chinese)
- 18 孙俊, 周鑫, 毛罕平, 等. 基于 PDWT 与高光谱的生菜叶片农药残留检测[J/OL]. 农业机械学报, 2016, 47(12): 323–329. http://www.j-csam.org/jcsam/ch/reader/create_pdf.aspx?file_no=20161240&flag=1&journal_id=jcsam. DOI: 10.6041/j.issn.1000-1298.2016.12.040. SUN Jun, ZHOU Xin, MAO Hanping, et al. Detection of pesticide residues on lettuce leaves based on piece-wise discrete wavelet transform and hyperspectral data [J/OL]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2016, 47(12): 323–329. (in Chinese)
- 19 MACQUEEN J. Some methods for classification and analysis of multivariate observations [C] // Proceedings of the Fifth Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability, 1967: 281–297.
- 20 马世榜, 徐杨, 彭彦昆, 等. 基于光谱技术的支持向量机判别牛肉新鲜度[J]. 食品安全质量检测学报, 2012, 3(6): 603–607. MA Shibang, XU Yang, PENG Yankun, et al. Assessment of beef freshness based on spectral technology with support vector machine[J]. Journal of Food Safety and Quality, 2012, 3(6): 603–607. (in Chinese)