

食源性致病菌高光谱识别模型构建

Detection of foodborne pathogenic bacteria based on hyperspectral imaging

段朋生^{1,2}许金钗^{1,2}陈屹耒³叶大鹏^{1,2}翁海勇^{1,2}DUAN Peng-sheng^{1,2} XU Jin-chai^{1,2} CHEN Yi-lei³ YE Da-peng^{1,2} WENG Hai-yong^{1,2}

(1. 福建农林大学机电工程学院, 福建 福州 350002; 2. 现代农业装备福建省高校

工程研究中心, 福建 福州 350002; 3. 福建农林大学生命科学学院, 福建 福州 350002)

(1. College of Mechanical and Electrical Engineering, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, Fujian 350002, China; 2. Fujian Colleges and Universities Engineering Research Center of Modern Agricultural Equipment, Fuzhou, Fujian 350002, China; 3. College of Life Sciences, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, Fujian 350002, China)

摘要:针对食源性致病菌检测过程耗时费力的问题,应用高光谱成像技术获取了 12, 18, 24 h 3 个生长期的 5 类致病菌[金黄色葡萄球菌(*S. aureus*)、单增李斯特菌(LM)、致泻大肠埃希氏菌(DEC)、肠炎沙门氏菌(SE)和福氏志贺菌(*S. flexneri*)]的高光谱图像,利用连续投影算法(SPA)结合相关分析(CA)提取不同生长期致病菌敏感波段并建立了最小二乘支持向量机(LS-SVM)判别模型。结果表明,5 类致病菌对不同波长光的反射能力不同。SPA-CA 筛选出的 5 个敏感波段(462, 498, 649, 853, 979 nm)的反射率可较好地反映 5 类致病菌在不同生长期的波谱特性。基于该敏感波段反射率构建的 LS-SVM 模型能有效地判别出 *S. aureus*、LM 和 DEC 3 类致病菌,而 SE 和 *S. flexneri* 两种属容易被互相误判,SE 被误判成 *S. flexneri* 的概率为 11.2%, *S. flexneri* 被误判成 SE 的概率为 19.9%。LS-SVM 模型对 5 类致病菌的总体识别正确率为 90.9%。综上,高光谱成像技术结合化学计量学方法具有快速诊断食源性致病菌的能力。

关键词:食源性致病菌;高光谱;最小二乘支持向量机;连续投影算法

Abstract: Aiming at the problem of foodborne pathogenic bacteria detection process is time-consuming, composed a application highlights like technology obtained 12, 18, 24 h 3 phase 5 kinds of pathogenic bacteria [*Staphylococcus aureus* (*S. aureus*), *Listeria monocytogenes* (LM), *Diarrheagenic e.coli* (DEC),

Salmonella enteritidis (SE) and *Shigella spp flexneri* (*S. flexneri*)] of hyperspectral image, using successive projections algorithm (SPA) in combination with relevant analysis (CA) to extract various growing pathogenic bacteria sensitive wave bands and established the least squares support vector machines (LS-SVM) discriminant model. The results showed that the reflectivity of the five types of pathogens to different wavelengths of light was different. The reflectance of the five sensitive bands (462, 498, 649, 853, 979 nm) screened by SPA-CA could well reflect the spectral characteristics of the five types of pathogens at different growth stages. The LS-SVM model based on the reflectance of this sensitive band can effectively identify *S. aureus*, LM and DEC, while SE and *S. flexneri* are easily misjudged by each other. The probability of SE being misjudged as *S. flexneri* is 11.2%, and the probability of *S. flexneri* being misjudged as SE is 19.9%. The overall recognition accuracy of LS-SVM model was 90.9% for the five types of pathogenic bacteria. In conclusion, hyperspectral imaging combined with stoichiometry has the ability of rapid diagnosis of foodborne pathogens.

Keywords: foodborne pathogenic bacteria; hyperspectral imaging; least squares support vector machine; successive projections algorithm

金黄色葡萄球菌 (*Staphylococcus aureus*, *S. aureus*)、单增李斯特菌 (*Listeria monocytogenes*, LM)、致泻大肠埃希氏菌 (*Diarrheagenic e.coli*, DEC)、肠炎沙门氏菌 (*Salmonella enteritidis*, SE) 和福氏志贺菌 (*Shigella spp flexneri*, *S. flexneri*) 等食源性致病菌是引起食品安全问题的主要原因^[1]。由食源性致病菌所引发的急性食物中毒常出现恶心、腹痛、腹泻、发烧等症状,严重者威胁呼吸、循环、神经系统,甚至留下后遗症^[2]。

基金项目:福建省农业工程高原学科建设项目(编号: 712018014)

作者简介:段朋生,男,福建农林大学在读硕士研究生。

通信作者:翁海勇(1989—),男,福建农林大学讲师,博士。

E-mail: hyweng@fafu.edu.cn

收稿日期:2021-03-01

因此,及时快速诊断出食源性致病菌并判别出菌种属对食品安全至关重要。

目前,微生物检验技术是食源性致病菌检测中最常用的技术之一。该技术准确性高,但操作复杂、专业性强,检测时间长,一般需要 7~10 d^[3]。近年来,光谱技术能获取丰富的样本波谱信息,结合化学计量学方法在食品微生物快速检测领域具有巨大的应用前景^[4-6]。刘斌等^[7]对菌株富集培养后,获取了经冷冻干燥制成的菌粉的傅里叶近红外光谱信息,建立了偏最小二乘法模型,识别准确率达 90%。Yoon 等^[8]利用高光谱成像技术对显色培养基上培养的 17 种弯曲杆菌亚种和非弯曲杆菌亚种进行了鉴别,识别准确率达 99.29%,建立了 17 种菌的光谱库,并开发了一种可应用于其他琼脂平板上病原菌的分类鉴别方法。Mehrubeoglu 等^[9]研究发现,高光谱成像技术能表征细菌随培养时间而变化的光谱特征,以及实现细菌的鉴别。Seo 等^[10]发现,在显色培养基上应用高光谱成像技术能够实现肠炎沙门氏菌和鼠伤寒沙门氏菌的鉴别。William 等^[11]研究表明,高光谱成像技术对致病因子中含 045 和 0121 的分类准确率为 98%,而对致病因子含 026、0111、0103 和 0145 的分类准确率为 8%~100%。Gu 等^[12]利用高光谱技术建立了支持向量机(SVM)识别模型,对大肠杆菌、金黄色葡萄球菌和沙门氏菌的准确率>98%。石吉勇等^[13]利用高光谱对乳酸菌专用培养基上常见的 3 种致病菌和 5 种乳酸菌种进行了鉴别与计数,发现标准正态变换(SNV)为最佳预处理方法,最小二乘支持向量机(LS-SVM)为最佳鉴别模型,识别率为 91.88%。上述研究均要求对致病菌进行培养 24 h,一定程度上限制了检测效率。

研究拟利用高光谱成像技术获取通用培养基上培养 12,18,24 h 的不同培养期 5 类致病菌(金黄色葡萄球菌、单增李斯特菌、致泻大肠埃希氏菌、肠炎沙门氏菌和福氏志贺菌)高光谱图像,探究其在通用培养基上不同生长期的图谱特性,并结合化学计量法建立通用培养基上的源性致病菌种的识别模型,旨在为食品中致病菌的快速检测提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验样本制备

将菌种放置在无菌超净台中,活化,用接种环挑取 *S. aureus*、DEC、SE 和 *S. flexneri* 至营养肉汤培养基(蛋白胨 10 g,牛肉膏 3 g,NaCl 5 g,超纯水 1 000 mL,pH 7.0),挑取 LM 至李斯特菌增菌液(胰蛋白胨 17 g,大豆蛋白胨 3 g,K₂HPO₄ 2.5 g,NaCl 5 g,葡萄糖 2.5 g,酵母浸粉 6 g,超纯水 1 000 mL,pH 7.0),37 ℃ 恒温培养 24 h。将活化后的增菌液按 10⁻¹~10⁻⁹ 中的 9 个梯度进行稀释,用移液枪吸取增菌液至通用平板培养基上再次培养 12,18,24 h。

1.2 食源性致病菌高光谱图像采集

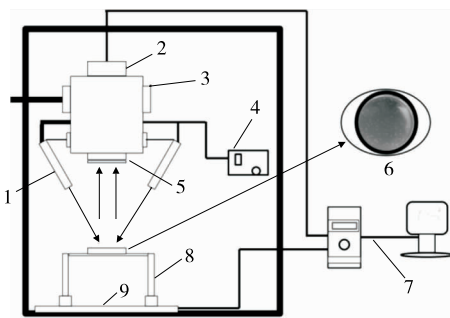
高光谱成像系统(HIS)主要包括分辨率为 1 024×472 pixels 的 sCMOS 相机、波长范围为 400~1 000 nm、分辨率为 2.8 nm 光谱仪、线光源、电控移动平台、暗箱和控制计算机等(图 1)。试验前,开机预热 20 min。设定物距、移动平台的速度和曝光时间等参数。经反复测试,最终确定的曝光时间为 3 ms,物距为 320 mm,移动平台速度为 8.38 mm/s。采集样品的高光谱数据前,先扫描反射率为 99% 标准白板得到全白的标定图像 I_{white} ;拧上镜头盖,采集全黑的标定图像 I_{dark} ;并按式(1)计算校正后的图像 $I_{correction}$ 。获取培养至 12,18,24 h 的 5 类致病菌(每类病菌在每个时间段各 4 个平板)的高光谱图像 I ,以期获得不同生长期的食源性致病菌波谱信息。对校正后的高光谱图像利用 ENVI5.1 软件,以单个菌落为感兴趣区域,并计算该区域的平均光谱曲线,以此作为一个样本。分别从培养 12,18,24 h 的培养基上选择 647,799,769 个样本,其相关信息见表 1。

$$I_{correction} = \frac{I - I_{dark}}{I_{white} - I_{dark}} \quad (1)$$

1.3 食源性致病菌高光谱数据处理

1.3.1 连续投影算法(SPA) 原始高光谱数据信息丰富,但存在数据冗余、维度大等问题,因此,有必要从高维度的图谱数据中提取出对食源性致病菌敏感的特征波段。利用 SPA 提取不同生长期致病菌敏感波段。SPA 从原始的光谱信息中提取共线性最小的特征波长变量组合,以使输入数据的冗余信息达到最小^[14]。

1.3.2 最小二乘支持向量机(LS-SVM) 支持向量机(SVM)是一种流行的机器学习算法,其是使定义在特征空间上的不同样本之间的间隔最大化,即寻找最优超平面,将不同样本分割开来,以达到分类和识别的目的^[15-16]。而 LS-SVM 则是以最小二乘线性系统作为损失函数,将原有 SVM 中的不等式约束问题转化成等式约束,简化计算的复杂性,并提高计算效率^[17-18]。



1. 光源 2. 相机 3. 光谱仪 4. 光源控制器 5. 镜头 6. 样品
7. 电脑 8. 样品架 9. 移动平台

图 1 高光谱成像采集系统

Figure 1 Hyperspectral imaging acquisition system

表 1 样本统计
Table 1 Sample statistics

致病菌	12 h			18 h			24 h		
	样本数	像素最大值	像素最小值	样本数	像素最大值	像素最小值	样本数	像素最大值	像素最小值
<i>S. aureus</i>	139	35	14	154	83	28	154	97	38
LM	146	43	12	154	96	25	149	99	48
DEC	108	34	12	156	94	34	168	164	68
SE	145	49	12	159	99	30	162	181	53
<i>S. flexneri</i>	109	52	14	176	109	26	136	175	46

LS-SVM 算法求解的目标函数为:

$$\min J(\omega, e) = \frac{\omega^T \omega}{2} + \frac{\gamma}{2} \sum_{i=1}^n e_i^2, \quad (2)$$

约束条件为:

$$y_i = \omega^T \varphi(x_i) + b + e_i, \quad (3)$$

式中:

ω ——权重;

γ ——正则化参数;

e_i ——误差;

x_i ——输入的光谱矩阵,代表第 i 个样本;

y_i ——模型的输出变量代表,输出对应的标签值;

n ——样本数。

对式(2)和式(3)进行求解,可引入如式(4)的 Lagrange 函数:

$$L(\omega, \alpha, b, e) = J(\omega, e) - \sum_{i=1}^n \alpha_i [\omega^T \varphi(x_i) + b + e_i - y_i]. \quad (4)$$

其中, α_i 为 Lagrange 系数,求解式(4)的最优解,将其转化为求解式(5),求解线性方程:

$$\begin{bmatrix} 0 & l^T \\ l & m + \frac{1}{\gamma} \mathbf{I} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b \\ \alpha \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ y \end{bmatrix}, \quad (5)$$

式中:

$\mathbf{I}$ ——单位矩阵;

$m = \langle \varphi(x_i), \varphi(x_i) \rangle = K(x_i, x_j), i, j = 1, \dots, n;$

$$\alpha = [a_1, a_2, \dots, a_n]^T;$$

$$y = [y_1, y_2, \dots, y_n]^T;$$

令 $A = m + \frac{1}{\gamma} \mathbf{I}$, 对式(5)求解可得:

$$b = \frac{l^T A^{-1} y}{l^T A^{-1} l}, \quad (6)$$

$$\alpha = A^{-1} (y - bl). \quad (7)$$

对任意输入 x , 可得到 LS-SVM 判别函数:

$$y(x) = \sum_{i=1}^n a_i K(x, x_i) + b. \quad (8)$$

选取径向基作为 LS-SVM 的核函数,采用网格搜索

算法和交叉验证相结合方式实现 LS-SVM 模型中 γ 和 $\text{sig}^2(\sigma^2)$ 的寻优。分类过程中, *S. aureus*、LM、DEC、SE 和 *S. flexneri* 的标签分别赋值为 1、2、3、4 和 5。应用 Kennard-Stone(KS)算法将光谱数据按 2:1 分成建模集和预测集。采用 Unscrambler10.1 (CAMO AS, Oslo, Norway)、MATLAB R2014a (MathWorks, Inc., Natick, MA, USA) 和 ENVI5.1 (ITT Visual Information Solutions, Boulder, USA) 软件进行光谱数据处理。

2 结果与分析

2.1 光谱分析

由图 2 可知,随着培养时间的增长,各类菌的反射率值均有所增大。可见光区域细菌的反射率值变化比近红外区域 780~980 nm 的变化更为明显,5 类菌在 400~1 000 nm 的光谱反射率值变化趋势相似,但不同种类的菌对不同波长光的反射能力不同,这与不同菌的内部物质成分不同有关^[9],从侧面说明了高光谱成像技术对食源性致病菌的快速检测具有可行性。此外,由于细菌细胞中化学成分的含氢基团因不同振动方式的合频和倍频在近红外区域产生的谱带重叠,也会引起这些光谱反射率较为接近^[19]。因此,无法仅依赖某单个波段的反射率来实现微生物种属的判别,需进一步提取更多的波谱特征,以实现 5 类致病菌种属的快速判别。

2.2 主成分分析

由图 3 可知,5 类致病菌在培养 12、18、24 h 的 PC1 和 PC2 的累积贡献率分别为 89.9%、96.6%、95.0%,说明 PC1 和 PC2 能够解释原始数据的绝大部分信息。当培养至 12 h 时,DEC 的光谱与其他 4 类菌的光谱差异性已经凸显。当培养至 18 h 时,5 类致病菌各自聚成一类的趋势更加明显。当培养至 24 h 时,5 类致病菌的光谱特性差异性进一步增加,重叠部分逐渐减少。

2.3 食源性致病菌敏感波段筛选

由图 4 可知,当培养至 12 h 时,SPA 算法选取了 13 个敏感波段(421, 422, 964, 425, 968, 428, 425, 435, 471, 978, 497, 849, 462 nm)用于构建 5 类致病菌的判别模型, RMSE 最小为 0.002 4。当培养至 18 h 时, SPA 算

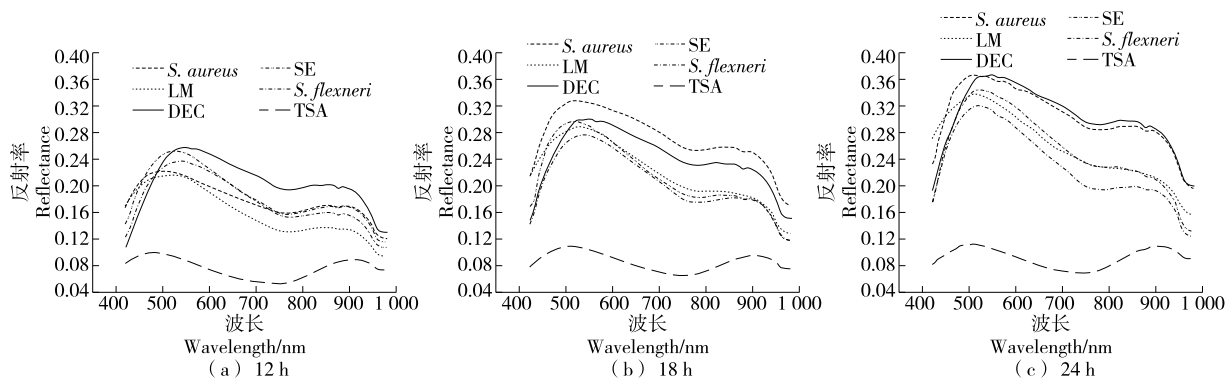


图 2 5 类致病菌的平均光谱曲线

Figure 2 The average spectral curve of 5 kinds of pathogenic bacteria

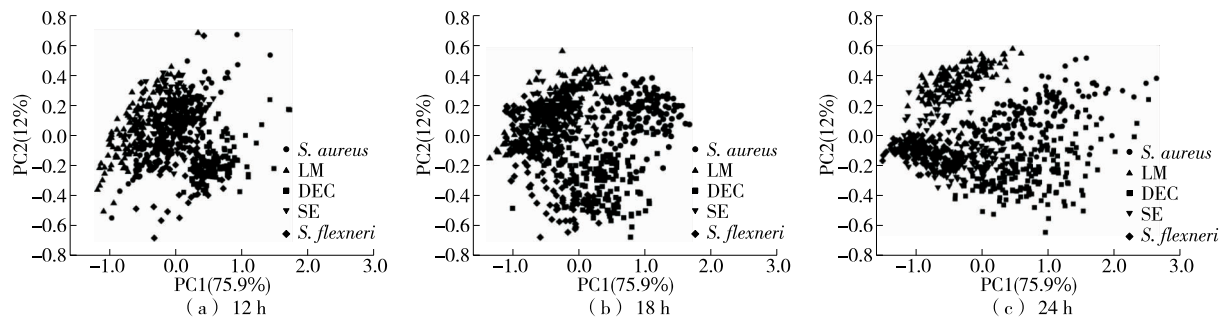


图 3 5 类致病菌的主成分分析得分图

Figure 3 Principal component analysis score of five pathogenic bacteria

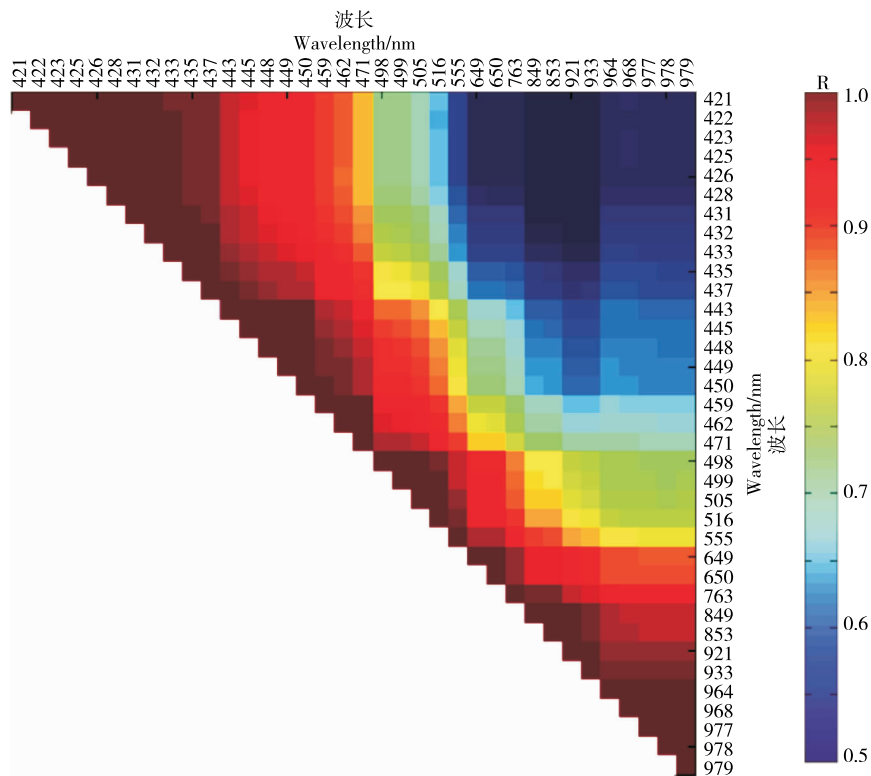


图 4 SPA 提取得到的 36 个敏感波段反射率的相关系数

Figure 4 The correlation thirty-six sensitive bands were extracted by SPA

法选取了 9 个敏感波段(421,422,450,853,505,763,431, 649,978 nm)用于构建 5 类致病菌的判别模型, RMSE 最小为 0.001 9。当培养至 24 h 时, SPA 算法选取了 24 个敏感波段(421,423,422,425,426,449,443,499,516,555, 433,431,458,431,936,445,450,650,437,921,979,978, 977,448 nm)用于构建 5 类致病菌的判别模型, RMSE 最小为 0.001 7。综上, 421,422,978 nm 在培养 12,18,24 h 均被选中为敏感波段, 并且有些被选中的波段在不同的生长期非常接近, 说明这些波段能较好地反映不同生长期的食源性致病菌的动态信息。

为了更好地全面获取不同生长期食源性致病菌的波谱信息, 有必要将培养 12,18,24 h 的被 SPA 选中的敏感波段组合起来, 共获得 36 个敏感波段。当两个波段反射率的相关系数 >0.95 时, 视为高度相关, 可以去除其中一个。最终, 选择 462,498,649,853,979 nm 5 个波段作为不同生长期食源性致病菌的敏感波段。

2.4 模型的识别效果分析

基于 SPA-CA 筛选的 462,498,649,853,979 nm 5 个波段反射率建立的 LS-SVM 模型对 5 类食源性致病菌的识别效果如表 2 所示。由表 2 可知, 革兰氏阳性菌(*S. aureus* 和 LM)与革兰氏阴性菌(DEC、SE 和 *S. flexneri*)的总体识别准确率分别为 99.6%和 99.8%, 与同属于革兰氏阳性菌或革兰氏阴性菌的鉴别较容易, 这可能是由革兰氏阳性菌与革兰氏阴性菌在细胞壁中的主要成分肽聚糖和磷壁酸的差异引起的^[20-21]。同属类别的细菌因化学组分相似, 造成谱带重叠, 易引起误判, 如 SE 和 *S. flexneri* 最容易发生误判, 其中 SE 被误判成 *S. flexneri* 的概率为 11.2%, *S. flexneri* 被误判成 SE 的概率为 19.9%。总体而言, SPA-CA-LS-SVM 模型的总体识别准确率为 90.9%, 说明高光谱成像技术结合化学计量学分析方法能实现食源性致病菌的快速检测。

3 结论

建立了基于高光谱成像技术的食源性致病菌检测方法。结果表明, 5 类致病菌对不同波长光的反射能力不同。连续投影算法结合相关分析筛选出的 5 个敏感波段(462,498,649,853,979 nm)反射率可较好地反映 5 类致

病菌在不同生长期的波谱特性。基于 5 个敏感波段反射率构建的连续投影算法结合相关分析—最小二乘支持向量机模型对金黄色葡萄球菌、单增李斯特菌和致泻大肠埃希氏菌 3 类致病菌能够有效地判别, 而肠炎沙门氏菌和福氏志贺菌两种属容易被互相误判, 肠炎沙门氏菌被误判成福氏志贺菌的概率为 11.2%, 福氏志贺菌被误判成肠炎沙门氏菌的概率为 19.9%。最小二乘支持向量机模型对 5 类致病菌的总体识别正确率为 90.9%。综上, 基于高光谱成像技术结合最小二乘支持向量机模型能够很好地对这 5 类食源性致病菌进行识别。由于食品受微生物的污染时有可能存在多种致病菌共同存在的情形, 后续将针对混合菌种进行识别。

参考文献

[1] 王迪, 赵耀, 张晓媛, 等. 2015 年~2016 年北京市特色小吃中食源性致病菌监测结果分析[J]. 中国卫生检验杂志, 2018, 28(17): 2 162-2 164.

[2] 李可维, 刘思洁, 赵薇, 等. 2011~2019 年吉林省米面制品中食源性致病菌监测分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2020, 11(24): 9 390-9 395.

[3] 孙颖颖, 董鹏程, 朱立贤, 等. 食源性致病菌快速检测研究进展[J]. 食品与发酵工业, 2020, 46(17): 264-270.

[4] 刘燕德, 张光伟. 高光谱成像技术在农产品检测中的应用[J]. 食品与机械, 2012, 28(5): 223-226.

[5] 王浩云, 宋进, 潘磊庆, 等. 优化 BP 神经网络提高高光谱检测调理鸡肉菌落总数精度[J]. 农业工程学报, 2020, 36(5): 302-309.

[6] 郭培源, 徐盼, 董小栋, 等. 高光谱技术结合迭代决策树的香肠菌落总数预测[J]. 食品科学, 2019, 40(6): 312-317.

[7] 刘斌, 王珏, 李可, 等. 傅里叶近红外光谱法快速检测 5 种常见的食源性致病菌[J]. 食品安全质量检测学报, 2019, 10(18): 6 018-6 021.

[8] YOON S C, LAWRENCE K C, SIRAGUSA G R, et al. Hyperspectral imaging for detecting pathogens grown on agar plates[J]. Optics for Natural Resources, Agriculture, and Foods II, 2007, 6 761: 67610A-67610A-11.

[9] MEHRUBEOGLU M, BUCK G W, LIVINGSTON D W. Differentiation of bacterial colonies and temporal growth patterns using hyperspectral imaging[J]. Imaging Spectrometry XIX, 2014, 9 222: 922206-92220615.

[10] SEO Y W, YOON S C, PARK B, et al. Development of hyperspectral imaging technique for salmonella enteritidis and typhimurium on agar plates[J]. Applied Engineering in Agriculture, 2014, 30(3): 495-506.

[11] WINDHAM W, YOON S C, LADELY S, et al. The effect of regions of interest and spectral pre-processing on the detection of non-O157 Shiga-toxin producing *Escherichia coli* serogroups on agar media by hyperspectral imaging[J]. Journal of Near Infrared Spectroscopy, 2012, 20(5): 547.

(下转第 86 页)

表 2 SPA-CA-LS-SVM 模型的识别效果
Table 2 Classification performance of SPA-CA-LS-SVM

致病菌	预测值					识别正确率/%
	<i>S. aureus</i>	LM	DEC	SE	<i>S. flexneri</i>	
<i>S. aureus</i>	120	2	0	0	0	90.9
LM	2	149	0	0	1	
DEC	0	0	117	0	3	
SE	0	1	0	166	21	
<i>S. flexneri</i>	0	0	6	31	119	

可以综合考虑更多的风险影响因素,使风险评估更加客观合理。该方法同样可以应用于对其他食品的污染情况进行综合评价,为食品安全风险评估工作提供参考。

参考文献

- [1] WANG Xue-li, ZHANG Yan, GENG Zhi, et al. Spatial analysis of heavy metals in meat products in China during 2015—2017[J]. Food Control, 2019, 104: 174-180.
- [2] 王彩霞, 刘宇, 郭蓉, 等. 陕西生鲜肉类中重金属污染状况调查及健康风险评估研究[J]. 现代预防医学, 2018, 45(1): 35-39.
- [3] BRATTY M A, ALHAZMI H A, OGDIN S J, et al. Determination of heavy metals in various tissues of locally reared (baladi) chicken in jazan region of saudi arabia: Assessment of potential health risks[J]. Pakistan Journal of Zoology, 2018, 50(4): 1 509-1 517.
- [4] 程加迁, 王俊平. 蔬菜水果重金属膳食暴露评估中风险权重的确定方法[J]. 食品科学, 2018, 39(1): 54-59.
- [5] 秦隆兵, 李祖祥, 杨玉荣, 等. 三峡库区根茎类蔬菜中重金属含量分析及评价[J]. 食品与机械, 2015, 31(3): 70-73.
- [6] 余志, 陈凤, 张军, 等. 方锌冶炼区菜地土壤和蔬菜重金属污染状况及风险评价[J]. 中国环境科学, 2019, 39(5): 2 086-2 094.
- [7] 付洁, 孙洪欣, 张敏, 等. 市售食用菌中重金属含量特征及其健康风险评价[J]. 中国食品学报, 2019, 19(6): 230-237.
- [8] 王彦斌, 杨一鸣, 曾亮, 等. 甘肃省榆中县菜地土壤与蔬菜中重金属含量及健康风险评估[J]. 干旱地区农业研究, 2015, 33(6): 234-241.
- [9] 张瑞宁, 谢娟, 蒲晓, 等. 河北燕郊地区市售常见蔬菜重金属含量与健康风险评估[J]. 江苏农业科学, 2018, 46(23): 229-233.
- [10] 邓丽丽, 王晓红, 张卓. 沈阳市市售蔬菜的农药残留、亚硝酸盐及重金属状况调查[J]. 现代食品, 2019, 21(2): 191-196.
- [11] 胡云卿, 杨柳桦, 林滔, 等. 某市自产蔬菜重金属污染调查研究[J]. 浙江预防医学, 2015, 27(4): 346-350.
- [12] 任艳军, 马建军. 秦皇岛市蔬菜中重金属污染状况及健康风险分析[J]. 安全与环境学报, 2013, 13(2): 79-84.
- [13] 王丽华, 张世勇, 李玉芸. 重庆市蔬菜中铅、镉、汞、砷污染状况分析[J]. 中国卫生检验杂志, 2015, 25(12): 1 994-1 997.
- [14] REZAEI J. Best-worst multi-criteria decision-making method[J]. Omega, 2015, 53: 49-57.
- [15] REZAEI J. Best-worst multi-criteria decision-making method: Some properties and a linear model[J]. Omega, 2016, 64: 126-130.
- [16] MI Xiao-mei, TANG Ming, LIAO Hu-chang, et al. The state-of-the-art survey on integrations and applications of the best worst method in decision making: Why, what, what for and what's next? [J]. Omega, 2019, 87: 205-225.
- [17] 陈谊, 陈星如, 常巧英, 等. 一种基于 AHP-E 模型的多因子农药残留污染综合评价方法[J]. 农业环境科学学报, 2019, 38(2): 276-283.
- [18] 陈华友. 嫡值法及其在确定组合预测权重系数中的应用[J]. 安徽大学学报(自科版), 2003, 27(4): 1-6.
- [19] LIANG Ji-ye, SHI Zhong-zhi, LI De-yu, et al. Information entropy, rough entropy and knowledge granulation in incomplete information systems[J]. International Journal of General Systems, 2006, 35(6): 641-654.
- [20] 国家卫生和计划生育委员会, 国家食品药品监督管理总局. 食品安全国家标准 食品中污染物限量: GB 2762—2017[S]. 北京: 中国标准出版社, 2017: 2-9.
- [21] 李青林, 彭其渊, 郭经纬, 等. 基于 BW 的中欧班列客户需求偏好异质性研究[J]. 交通运输系统工程与信息, 2020, 20(3): 32-36.
- [12] GU Peng, FENG Yao-ze, ZHU Le, et al. Unified classification of bacterial colonies on different agar media based on hyperspectral imaging and machine learning[J]. Molecules, 2020, 25(8): 1 797.
- [13] 石吉勇, 吴胜斌, 邹小波, 等. 基于高光谱技术的酸奶中常见致病菌的快速鉴别及计数[J]. 光谱学与光谱分析, 2019, 39(4): 1 186-1 191.
- [14] 罗微, 杜焱焱, 章海亮. PCA 和 SPA 的近红外光谱识别白菜种子品种研究[J]. 光谱学与光谱分析, 2016, 36(11): 3 536-3 541.
- [15] BONAHE E, HUANG Xing-yi, REN Yi, et al. Vis-NIR hyperspectral imaging for the classification of bacterial food-borne pathogens based on pixel-wise analysis and a novel CARS-PSO-SVM model [J]. Infrared Physics & Technology, 2020, 105: 103220.
- [16] 成甜甜, 王克俭, 韩宪忠, 等. 基于 PSO-LSSVM 和特征波长提取的羊肉掺假检测方法[J]. 食品与机械, 2020, 36(11): 52-56.
- [17] TANG He-sheng, XUE Song-tao, CHEN R, et al. Online weighted LS-SVM for hysteretic structural system identification[J]. Engineering Structures, 2006, 28(12): 1 728-1 735.
- [18] 褚小立. 化学计量学方法与分子光谱分析技术[M]. 北京: 化学工业出版社, 2011: 73-74.
- [19] 栢凤女. 大肠杆菌、单增李斯特菌近红外特征敏感组分的研究[D]. 洛阳: 河南科技大学, 2013: 22.
- [20] 石吉勇, 张芳, 胡雪桃, 等. 基于高光谱技术的乳杆菌快速鉴别[J]. 中国食品学报, 2018, 18(8): 208-213.
- [21] 穆渴心. 基于傅里叶变换近红外光谱结合化学计量学的食源性致病菌快速检测[D]. 武汉: 华中农业大学, 2016: 16.

(上接第 67 页)