DOI:10.13652/j.spjx.1003.5788.2022.90174 [文章编号] 1003-5788(2022)10-0061-08

基于高光谱成像的羊肉掺假可视化无损定量检测

Visualization of lamb adulteration based on hyperspectral imaging for non-destructive quantitative detection

赵静远[1] 张俊芹[2] 孙 梅[3] 陈兴海[1,2] 刘业林[1,2]

ZHAO Jing-yuan[1] *ZHANG Jun-qin*[2] *SUN Mei*[3] *CHEN Xing-hai*[1,2] *LIU Ye-lin*[1,2]

(1. 江苏双利合谱科技有限公司,江苏 无锡 214000;2. 北京卓立汉光仪器有限公司,北京 101102;
3. 北京工商大学人工智能学院,北京 100048)

(1. *Jiangsu Dualix Spectral Imaging Technology Co., Ltd., Wuxi, Jiangsu* 214000, *China*;
2. *Beijing Zolix Instruments Co., Ltd., Beijing*, 101102, *China*;
3. *School of Artifical Intelligence, Beijing Technology and Business University, Beijing* 100048, *China*)

摘要:目的:快速、准确检测羊肉掺假。**方法:**利用可见—近红外(400～1 000 nm)和短波近红外(900～1 700 nm)高光谱成像仪对羊肉中掺假不同比例的鸭肉进行数据采集,比较两个波段范围内不同光谱预处理方法的偏最小二乘法(PLS)建模效果,最终在可见—近红外波段选择归一化预处理方法,在短波近红外波段选择标准正态变量变换(SNV)预处理方法。分别对两个波段的光谱数据进行最优的预处理后,采用连续投影算法(SPA)、竞争性自适应重加权算法(CARS)、区间随机蛙跳算法(iRF)和组合区间偏最小二乘法(SiPLS)对特征波长进行选取。**结果:**在短波近红外(900～1 700 nm)波段采用 SNV-SPA-PLS 模型的羊肉掺假预测效果最好,预测集决定系数为 0.968 4,预测标准偏差为 0.058 2,预测集相对分析误差为 5.625 4,并得到较好的图像反演结果。**结论:**利用不同波段的高光谱成像技术可实现对羊肉掺假的快速无损定量检测。

关键词:羊肉;鸭肉;掺假;高光谱;定量检测;可见—近红外;短波近红外

Abstract: Objective: This study aimed to establisha rapid and accurate prediction method of lamb adulteration by using visible/near-infrared (400～1 000 nm) and short-wave near-infrared (900～1 700 nm) hyperspectral imaging techniques. **Methods:** The data acquisition of lamb adulterated with different proportions of duck meat using visible/near-infrared (400～1 000 nm) and short-wave near-infrared (900～1 700 nm) hyperspectral imagers was performed to compare the effect of partial least squares (PLS) modeling with different spectral preprocessing methods in the two band ranges. Then the normalized preprocessing method was selected in the visible-NIR band, and the standard normal variate transformation (SNV) preprocessing method was selected in the short-wave infrared band. After the optimal preprocessing of the spectral data on to the two bands separately, the feature wavelengths were selected using the successive projections algorithm (SPA), the competitive adaptive reweighted sampling (CARS), the Interval random frog (iRF) and the Synergy intervals PLS (SiPLS). **Results:** The best lamb adulteration prediction using SNV-SPA-PLS model in the short-wave near-infrared (900～1 700 nm) bands, was achieved, and with the prediction set model evaluation coefficients of R_p^2=0.968 4, RMSEP=0.058 2, RPD=5.625 4, relaiable image inversion results were obtained. **Conclusion:** The rapid and nondestructive quantitative detection of lamb adulteration can be achieved by using hyperspectral imaging techniques in different wavebands.

Keywords: lamb; duck meat; adulteration; hyperspectral; quantitative detection; visible/near-infrared; short-wave near-infrared

肉类主要包括畜禽类和水产品类,人体所需的蛋白质、脂肪酸、微量元素等重要能量物质都来源于肉类[1]。随着生活水平不断提高,人们在饮食方面更加注重食品的品质和营养均衡搭配,但一些不法商家将一些低品质的肉类混入高品质肉类中,以次充好,特别是 2013 年欧洲的“马肉风波”,引发了人们对肉类掺假问题的极度关注[2-3]。肉类掺假检测方法包括感官评测、荧光 PCR 检测技术、电泳分析法和酶联免疫分析技术等,但大多需要样品前处理,试验操作较为繁琐且费时费力,很难实现较大样品量的现场快速实时检测[2-4]。

基金项目:国家自然科学基金项目(编号:62027810)

作者简介:赵静远,男,江苏双利合谱科技有限公司工程师,硕士。

通信作者:刘业林(1982—),男,江苏双利合谱科技有限公司高级工程师,硕士。E-mail: yl.liu@dualix.com.cn

收稿日期:2022-01-21 **改回日期:**2022-07-19

高光谱成像技术作为一种能同时表征一维光谱信息和二维空间性信息的综合无损检测技术，已被广泛应用于医药[5]、农业[6]、生态保护[7]等行业。在肉类掺假检测方面，朱亚东等[8]利用近红外高光谱成像技术结合线性回归算法（MLR）建立了牛肉中掺假鸡肉的定量检测模型；刘友华等[9]对羊肉中掺假猪肉在 390～1 040 nm 波段范围内进行了高光谱图像的采集，最终利用竞争性自适应重加权算法（CARS）挑选出 42 个波长建立了羊肉掺假定量模型；Zhao 等[10]基于可见—近红外高光谱对新鲜牛肉中掺假变质牛肉进行识别，最终利用入侵杂草优化算法（IWO）结合最小二乘支持向量机算法（LS-SVM）建立的模型效果最优；进一步证明了高光谱无损检测技术在肉类品质检测中的可行性。

现有文献研究报道大都采用单一波段的高光谱成像技术对肉类掺假进行判别，但少有同时采用两个波段进行对比分析。试验拟选取高品质解冻状态下的羊肉为掺假对象，以价格相对较低的鸭肉进行掺杂，采集样品在可见—近红外（400～1 000 nm）和短波近红外（900～1 700 nm）两个波段范围内的高光谱信息，通过选取合适的预处理方法建立定量模型，并选取最优的模型进行图像反演，提出一种快速检测羊肉掺假鸭肉的快速定量检测可视化方法，以期为羊肉掺假的定量检测提供数据和技术支撑。

1　材料与方法

1.1　试验样品

新鲜羊肉、鸭肉：京东 7fresh 生鲜超市，在 1 h 内全程低温贮藏运回实验室。

1.2　试验设备

高光谱设备：GaiaSoter-Dual 型，GaiaField-Pro-V10E 型，GaiaField-Pro-N17E 型，江苏双利合谱科技有限公司；

电子秤：CN-LQ-C-6002 型，昆山优科维特电子科技有限公司；

多功能切碎机：HCP-A9 型，中山市小马熊电器有限公司。

1.3　试验方法

1.3.1　样品的制备　从羊肉和鸭肉中去除可见脂肪，以减少对试验结果的干扰。将羊肉和鸭肉切块后，按照一定的掺假比例（10%～90%，掺假间隔为 10%，每份样品总量为 50 g），称取相对应的羊肉和鸭肉至搅拌机中搅拌 4 min，使样品充分混合后放入培养皿中铺平。每个掺假样品制备 5 个平行样，并同时制备 5 个纯羊肉样品和 5 个纯鸭肉样品，共计 55 个。

1.3.2　高光谱图像的采集与校正　在进行高光谱图像采集之前，应保证光源的稳定性，消除光谱仪自身的影响，因此试验前先将高光谱仪器开机预热 30 min 后，再进行图像的采集。首先确定高光谱镜头与拍摄样品之间的最佳物距，随后调整高光谱采集数据的各项参数，具体参数：GaiaField-Pro-V10E 型（400～1 000 nm）高光谱仪与样品的物距为 300 mm，曝光时间为 2.4 ms，扫描速度为 0.140 6 cm/s，图像像素为 800×769；GaiaField-Pro-N17E 型（1 000～1 700 nm）高光谱仪与样品的物距为 510 mm，曝光时间为 1.2 ms，扫描速度为 0.093 2 cm/s，图像像素为 640×666。高光谱采集系统示意图如图 1 所示。

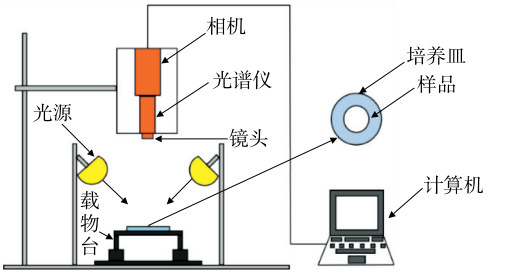


图 1　高光谱系统结构示意图

Figure 1　Schematic diagram of hyperspectral system structure

对 55 个样品进行光谱信息采集后，在相同的采集条件下，扫描聚四氟乙烯白板（反射率为 99.99%）得到全白的校准板图像，盖上相机镜头盖获取全黑的背景图像，利用黑白校正的方法以减少仪器本身的暗电流和样品本身对光源反射的影响。其中，黑白校正公式为：

$$R = \frac{R_0 - B}{W - B}, \tag{1}$$

式中：

R ——校正后的信号强度；

R_0 ——原始信号强度；

B ——全黑的标定信号强度；

W ——全白的标定信号强度。

1.3.3　感兴趣区域提取　对 55 组样品的高光谱数据进行黑白校正后，对感兴趣区域进行提取，具体步骤如图 2 所示，并对提取的感兴趣区域内每个像素点的光谱反射率值进行平均处理作为样品最终的光谱数据，共获取得到 55 组光谱数据。数据处理采用 Specview 软件、ENVI5.3 软件和 Matlab2020b 软件。

1.3.4　样品集划分　在采集样品的过程中，难免会产生异常样品，其在一定程度上影响校正模型的预测能力，因此在建模前须将异常样品从样品集中剔除。试验采用主成分分析（PCA），利用提取的光谱主成分得分向量来代替光谱向量计算样本间的马氏距离，将超出设定的马氏距离阈值的异常样本进行剔除[11]。剔除马氏距离大于 $3f/n$（f 为 PCA 选取前 6 个主成分数；n 为样品数）的校正样品[12]，通过 $3f/n$ 计算得到的马氏距离阈值为 0.327 3，最终从 55 个样本中剔除 1 个超过阈值的异常样品。然后采用光谱—理化值共生距离算法（SPXY）[13]将剩余的 54 个样品以 3∶2 的比例划分成 32 个校正集和

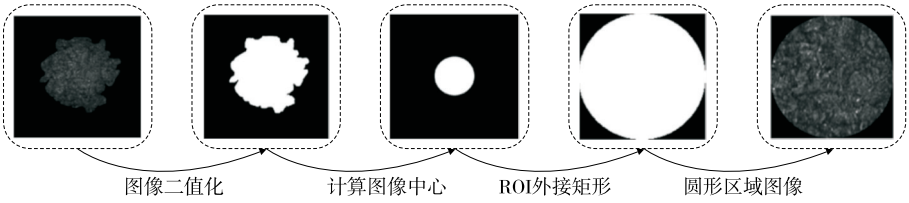


图 2　感兴趣区域提取步骤

Figure 2　Extraction steps for regions of interest

22 个预测集。

1.3.5　变量筛选方法

(1) 连续投影算法(SPA):从选定一个波长开始,每次循环都计算其在未入选波长上的投影,将投影向量最大的波长引入到波长组合。每一个新入选的波长,都与前一个线性关系最小。算法对每次选择的结果进行 MLR 建模预测分析,以最小均方根误差(RMSE)来判断所建模型的优劣。试验中选择的最佳变量数范围为 5～50,从 400～1 000 nm 光谱集合选择出 14 个特征波长,从 900～1 700 nm 光谱集合选择出 13 个特征波长。

(2) 竞争性自适应重加权算法(CARS):每次通过指数衰减函数(EDF)和自适应重加权采样(ARS)选取 PLS 模型中回归系数绝对值大的波长点,在交叉验证过程中选取 PLS 模型中交叉验证均方根误差(RMSECV)最小子集定义为最优变量子集[14]。试验中将蒙特卡洛采样次数设置为 1 000 次,交叉验证组数为 5,从 400～1 000 nm 光谱集合选择出 10 个特征波长,从 900～1 700 nm 光谱集合选择出 14 个特征波长。

(3) 区间随机蛙跳(iRF)算法:它是一种可逆的跳跃马尔可夫链蒙特卡罗式算法,通过计算每个区间光谱点的绝对回归系数总和来评估区间,选择误差最小的区间组合[15]。参数设置:移动窗口大小 w 设置 4,子间隔初始值 Q 为 5,最大主成分数为 10,迭代次数 N 设置为 500。从 400～1 000 nm 光谱集合选择出排名前 10 的波长间隔共 29 个特征波长,从 900～1 700 nm 光谱集合选择出排名前 19 的波长间隔共 70 个特征波长。

(4) 组合区间偏最小二乘法(SiPLS):在区间偏最小二乘法(iPLS)的基础上[16],将全光谱波段分成的若干个子区间中精度较高的几个子区间联合起来,以 RMSECV 值为衡量指标并在此基础上建立 PLS 模型[17]。SiPLS 的子区间数均设为 10,从 400～1 000 nm 光谱集合选择的最佳联合子区间(包括 2、5、6 和 7)共 47 个特征波长。从 900～1 700 nm 光谱集合选择的最佳联合子区间(包括 2、3、4 和 10)共 205 个特征波长。

1.4　建模方法与模型评价

利用偏最小二乘法回归(PLS)算法构建样品中羊肉掺假鸭肉的全波段定量分析模型和特征波段定量分析模型。PLS 是光谱分析中应用最广泛的化学计量方法,该方法同时可将光谱阵 $\boldsymbol{X}$ 和浓度阵 $\boldsymbol{Y}$ 同时进行分解,并将浓度阵 $\boldsymbol{Y}$ 主成分信息与引入到光谱阵 $\boldsymbol{X}$ 的分解过程中,增强了两者的对应计算关系[18][19]59-61。

模型的性能由校正集决定系数(R_{cv}^2)、预测集决定系数(R_p^2)、交叉验证的校正标准偏差(SECV)、预测标准偏差(RMSEP)和预测集相对分析误差(RPD)对模型效果进行评价。相关计算公式如下:

$$R^2 = 1 - \frac{\sum_{i=1}^{n}(y_i - \hat{y}_i)^2}{\sum_{i=1}^{n}(y_i - \bar{y})^2}, \tag{2}$$

$$R_{MSE} = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^{n}(y_i - \hat{y})^2}{n-1}}, \tag{3}$$

$$R_{PD} = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^{n}(y_i - \bar{y})^2}{\sum_{i=1}^{n}(y_i - \hat{y}_i)^2}}, \tag{4}$$

式中:

R^2——决定系数;

R_{MSE}——均方根误差;

R_{PD}——相对分析误差;

n——校正集或验证集的样本个数;

y_i——第 i 个样品测量值;

$\hat{y}_i$——第 i 个样品预测值;

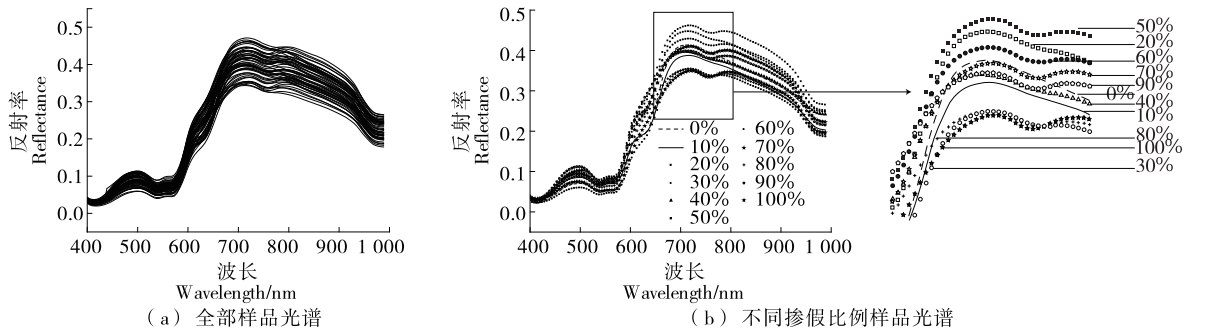
$\bar{y}$——测量平均值。

如果 R_{cv}^2 和 R_p^2 值越接近 1,SECV 和 RMSEP 值接近 0,并且 RPD≥3.0,说明模型建立的效果较好,建立的定标模型可以用于实际检测[19]75-78[20]。

2　结果与讨论

2.1　样品光谱曲线特征

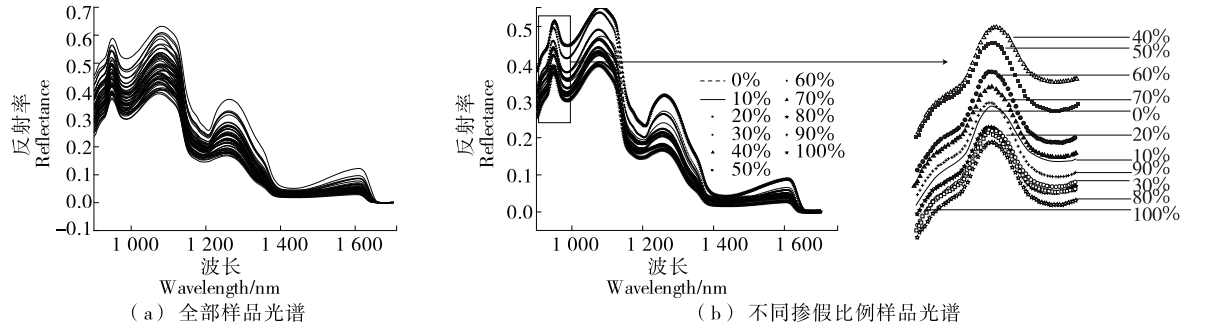
图 3 为所有样品在 400～1 000 nm 的原始光谱图像,图 4 为所有样品在 900～1 700 nm 的原始光谱图像。通过图 3(a)和图 4(a)可以看出,未掺假样品和掺假样品的光谱曲线趋势大致相似,但从图 3(b)和图 4(b)中的 10 条不同掺假比例(0%～100%)的光谱曲线中可以看出,在 500～800 nm 波段,1 000～1 400 nm 波段,掺假样品相对于未掺假样品的变化趋势和变化幅度均有较为明显的差



（a）全部样品光谱　　（b）不同掺假比例样品光谱

图 3　样品在 400～1 000 nm 的原始光谱

Figure 3　Original spectra of samples (400～1 000 nm)



（a）全部样品光谱　　（b）不同掺假比例样品光谱

图 4　样品在 900～1 700 nm 的原始光谱

Figure 4　Original spectra of samples (900～1 700 nm)

异，并且在整个光谱范围（400～1 000 nm 和 900～1 700 nm）内并不存在随着羊肉掺假比例的升高，光谱的反射率曲线明显呈升高或下降的规律，因此需要通过化学计量学方法提取光谱中的有效信息，剔除无用的干扰信息后建立模型[21]。

2.2　全光谱 PLS 建模

制备的肉类掺假样品的光谱中除了包含自身丰富的化学物质信息外，还含有与样品组分无关的信息和噪声，如温度、光的散射、仪器响应以及样品自身混合不均匀等因素。采用小波变换（WT）、多元散射校正（MSC）、标准正态变量变换（SNV）、归一化和 Savitzky-Golay 卷积平滑法（SG）5 种光谱预处理方法对原始光谱进行预处理，并建立羊肉掺假鸭肉的全波段 PLS 定量预测模型，建模结果如表 1、表 2 所示。通过比较分析，筛选出适合于400～1 000 nm 和 900～1 700 nm 两个谱段范围的光谱预处理方法。

由表 1 可以看出，对于 400～1 000 nm 波段范围的光谱，采用归一化预处理后的全光谱建模效果略优于原始光谱直接建模，原因可能在于采用归一化预处理后的高光谱数据在一定程度上消除了测量过程中的随机误差，其模型性能参数：R^2_{cv} 为 0.907 1，SECV 为 0.098 8，R^2_p 为 0.915 3，RMSEP 为 0.085 3，RPD 为 3.436 0。

由表 2 可以看出，对于 900～1 700 nm 波段范围的光谱，采用 SNV 预处理后的光谱建模效果优于原始光谱直接建模，而且与 MSC 预处理后的建模效果相近，原因在于 SNV 和 MSC 两种预处理方法均能消除由于固体颗粒

表 1　400～1 000 nm 下采用不同预处理方法的全波段 PLS 模型性能

Table 1　Performance of full-band PLS models with different pretreatment methods for 400～1 000 nm

模型	主因子数	校正集		预测集		
		R^2_{cv}	SECV	R^2_p	RMSEP	RPD
NONE	7	0.905 9	0.099 4	0.907 8	0.090 3	3.293 3
WT	10	0.860 5	0.114 7	0.888 6	0.111 7	2.966 1
MSC	13	0.916 9	0.095 5	0.818 4	0.124 7	2.346 6
SNV	9	0.898 0	0.105 8	0.876 1	0.105 2	2.841 0
归一化	6	0.907 1	0.098 8	0.915 3	0.085 3	3.436 0
SG	7	0.906 0	0.099 3	0.907 4	0.090 5	3.283 2

表 2　900～1 700 nm 下采用不同预处理方法的全波段 PLS 模型性能

Table 2　Performance of full-band PLS models with different pretreatment methods for 900～1 700 nm

模型	主因子数	校正集		预测集		
		R^2_{cv}	SECV	R^2_p	RMSEP	RPD
NONE	6	0.785 6	0.145 5	0.861 8	0.116 9	2.690 0
WT	13	0.871 2	0.104 2	0.897 0	0.108 1	3.115 9
MSC	5	0.903 8	0.097 9	0.926 9	0.094 4	3.698 6
SNV	5	0.905 5	0.097 0	0.931 1	0.096 7	3.808 7
归一化	7	0.897 4	0.099 5	0.884 2	0.147 9	2.938 6
SG	12	0.802 2	0.139 7	0.910 6	0.094 1	3.344 5

分布不均匀和颗粒大小对光谱造成的散射影响。SNV 模型性能参数:R^2_{cv} 为 0.905 5,SECV 为 0.097 0,R^2_p 为 0.931 1,RMSEP 为 0.096 7,RPD 为 3.808 7。

2.3　特征波长选取及建模

在 2.2 的基础上,对 400～1 000 nm 波段的光谱数据进行归一化预处理,对 900～1 700 nm 波段的光谱数据进行 SNV 预处理后,采用 4 种变量筛选方法(SPA、CARS、iRF 和 SiPLS)对模型进行进一步优化。

对于 400～1 000 nm 波段,建模结果如表 3 所示,4 种波长选择方法挑选的波长如图 5 所示。从表 3 可以看出,经过 SPA 方法挑选波长后的建模效果最优,且挑选得到了 14 个波长,分别为 409.65,414.54,458.68,518.08,578.08,618.41,664.11,679.43,710.16,735.89,787.65,850.34,913.63,966.84 nm,相比于原始数据的 125 个波长点,减少了 88.80%。其建模效果:R^2_{cv} 为 0.910 3,SECV 为 0.098 7,R^2_p 为 0.947 9,RMSEP 为 0.070 4,RPD 为 4.381 1。并与经过归一化预处理后的全谱建模效果对比后发现,R^2_p 上升了 3.56%,RMSEP 下降了 17.47%,RPD 升高了 27.51%,建模预测效果如图 6 所示。

通过表 3 对比可以看出,虽然 SPA 方法和 iRF 方法的校正集建模效果相当,但 SPA 方法的预测集建模效果要优于 iRF 方法。分析其原因并通过图 5 可以看出,SPA 方法选择的波长在整个区间范围内都有分布,但 iRF 方法选择的波长较为集中且连续,可能包含了一定的无用信息。且在可见光波段范围内的 515～700 nm 波段附近存在肌红蛋白、氧肌红蛋白和脱氧肌红蛋白等与肉类中色素形成相关的基团吸收[22],SPA 方法选择到的特征波长在此区间内均有分布。

表 3　400～1 000 nm 下采用归一化后的 PLSR 建模效果

Table 3　Effects of PLSR modeling after using normalization for 400～1 000 nm

模型	特征波长数	主因子数	校正集		预测集		
			R^2_{cv}	SECV	R^2_p	RMSEP	RPD
CARS	10	9	0.899 8	0.096 4	0.870 8	0.102 4	2.782 1
iRF	29	6	0.909 8	0.098 3	0.929 2	0.076 0	3.758 2
SiPLS	47	7	0.908 8	0.098 2	0.896 0	0.091 9	3.100 9
SPA	14	10	0.910 3	0.098 7	0.947 9	0.070 4	4.381 1

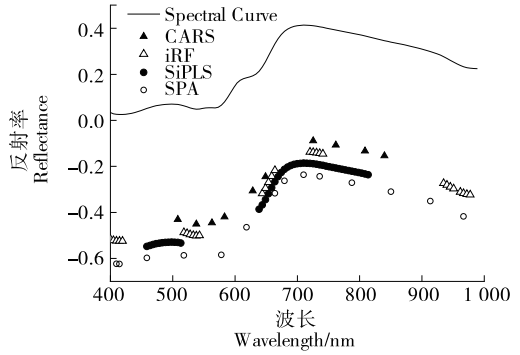
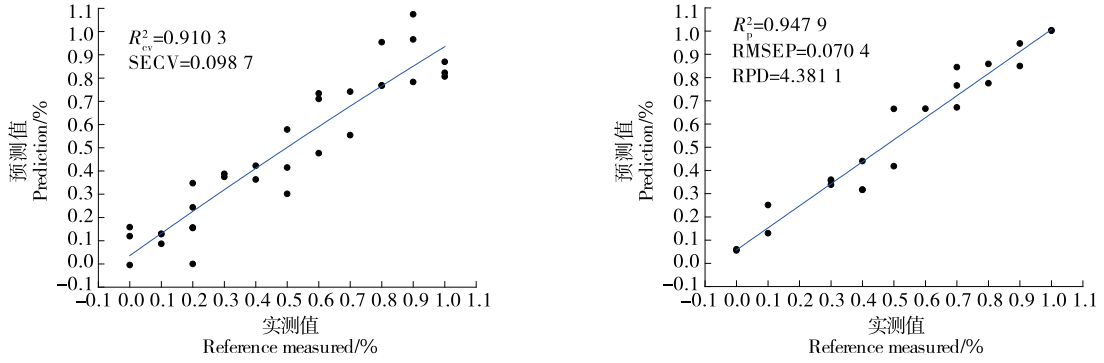


图 5　400～1 000 nm 波段归一化预处理后挑选特征波长

Figure 5　Selection of characteristic wavelengths after normalized pre-processing in the 400～1 000 nm band

对于 900～1 700 nm 波段,建模结果如表 4 所示,4 种波长选择方法挑选的波长如图 7 所示。从表 4 可以看出,同样是经过 SPA 方法挑选波长后的建模效果最优,共挑选得到了 13 个波长,分别为:899.83,926.51,942.20,965.74,1 003.40,1 111.68,1 136.79,1 207.41,1 372.18,1 574.62,1 623.27,1 640.53,1 690.75 nm,相比于原始数据的 512 个波长点,减少了 97.46%。其建模效果:R^2_{cv} 为 0.919 1,SECV 为 0.099 7,R^2_p 为 0.968 4,RMSEP 为 0.058 2,RPD 为 5.625 4。与经过SNV预处理后的全谱



（a）校正集建模效果　　（b）预测集预测效果

图 6　400～1 000 nm 波段归一化结合 SPA 建模效果

Figure 6　400～1 000 nm band normalized combined with SPA modeling effect

建模效果相比，R^2_p 上升了 4.01%，RMSEP 下降了 39.81%，RPD 升高了 47.70%，建模预测效果如图 8 所示。

通过表 4 对比可以看出，SPA 方法和 CARS 方法选择的特征波长数相似，SPA 方法挑选了 14 个波长，CARS 方法挑选了 13 个波长，但 SPA 的建模总体效果要优于 CARS。结合图 7 可以看出，在 980，1 200 nm 附近存在 O—H 键的一级倍频和二级倍频的吸收；在 1 235，1 540 nm 附近存在蛋白质中 C—H 键的三级倍频和 N—H键的二级倍频吸收；在 990～1 200，1 690～1 700 nm 附近存在于肉类中脂质形成相关的 C—H 键的二级倍频和合频的吸收[22-23]。SPA 方法相较于 CARS 方法在 1 600～1 700 nm 波段选择到了更多与肉类脂质形成相关的特征波长，因此其建模效果更优。

表 4　900～1 700 nm 下采用 SNV 预处理方法后的 PLSR 建模效果

Table 4　Effects of PLSR modeling with SNV pretreatment method for 900～1 700 nm

模型	特征波长数	主因子数	校正集		预测集		
			R^2_{cv}	SECV	R^2_p	RMSEP	RPD
CARS	14	13	0.916 7	0.099 6	0.957 5	0.018 4	4.850 7
iRF	70	7	0.906 2	0.096 7	0.943 4	0.019 7	4.203 3
SiPLS	205	6	0.909 2	0.095 1	0.955 4	0.060 0	4.735 1
SPA	13	7	0.919 1	0.099 7	0.968 4	0.058 2	5.625 4

综上所述，对照 SPA 方法在 400～1 000 nm 波段选择得到的 14 个波长点和在 900～1 700 nm 波段选择得到的 13 个波长点，它们大都落在与肉类相关的吸收谱带区域内或附近，表明挑选出的各峰位较好地反映了两种不同肉类的吸收特征；从另一个侧面也说明 SPA 方法挑选出的波长更具有代表性，进一步提升了建模的效果。

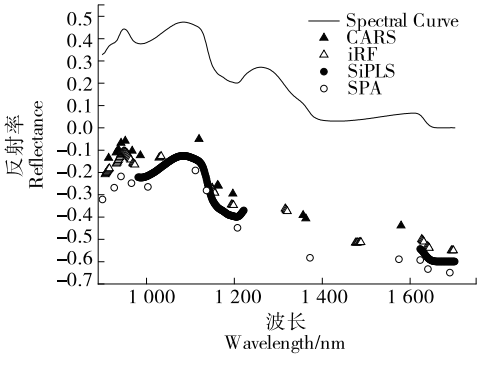


图 7　900～1 700 nm 波段 SNV 预处理后挑选波长

Figure 7　Selection of wavelengths after SNV pretreatment in the 900～1 700 nm band

2.4　掺假可视化

通过 2.3 节可知，最佳的 PLS 定量模型是在 900～1 700 nm 波段范围内，首先对光谱进行 SNV 预处理后，再利用 SPA 方法挑选波长后得到。利用该模型建立羊肉掺假鸭肉含量的预测表达式：

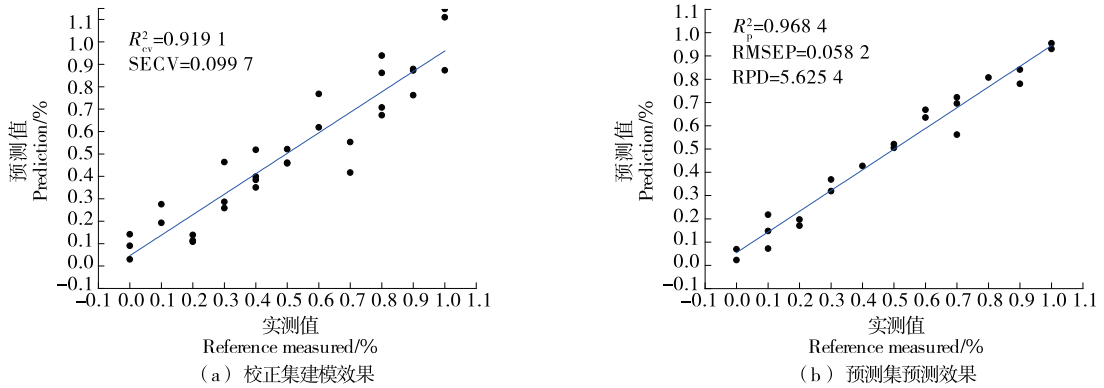
$$y=0.436\ 4\lambda_{899.83\ nm}+0.186\ 4\lambda_{926.51\ nm}+0.528\ 3\lambda_{942.2\ nm}+4.141\ 1\lambda_{965.74\ nm}-5.771\ 0\lambda_{1\ 003.4\ nm}+1.732\ 7\lambda_{1\ 111.68\ nm}+2.931\ 3\lambda_{1\ 136.79\ nm}-0.961\ 4\lambda_{1\ 207.41\ nm}-0.618\ 9\lambda_{1\ 372.18\ nm}-3.074\ 4\lambda_{1\ 574.62\ nm}-0.796\ 7\lambda_{1\ 623.27\ nm}-3.043\ 6\lambda_{1\ 640.53\ nm}-1.412\ 7\lambda_{1\ 690.75\ nm}-13.727\ 8, \quad (5)$$

式中：

y——预测的掺假率值；

λ——特征波长对应的反射率值。

通过式(5)计算羊肉掺假鸭肉的高光谱图像中每个像素点的掺假率，再使用伪彩色图像处理方法生成掺假率的可视化图像，如图9所示。从图9可以看出，随着掺



（a）校正集建模效果　　（b）预测集预测效果

图 8　900～1 700 nm 波段 SNV 结合 SPA 建模效果

Figure 8　900～1 700 nm band SNV combined with SPA modeling effect

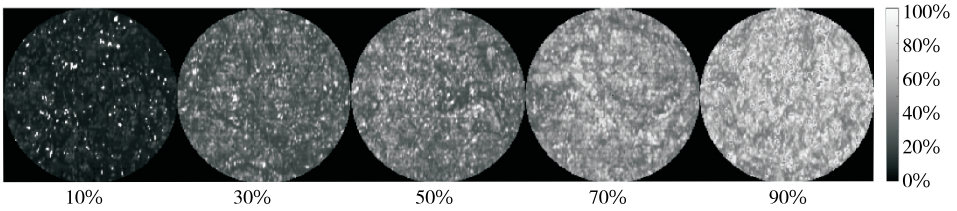


图 9　羊肉掺假鸭肉掺假可视化图像

Figure 9　Visualization images of lamb adulteration and duck adulteration

假比例的增加，颜色由深色变成浅色。高光谱成像技术提供了一种切实可靠的方法来可视化掺假样品的分布，这是其他方法无法实现的。然而，对于每个单独制备的掺假样品，尽管在前期样本制备的过程中已经尽可能地让样品混合均匀，但通过图 9 仍发现掺假样品的分布还是存在不均匀性。

3　结论

（1）对于 400～1 000 nm 波段来说，采用归一化预处理后建立的全波段 PLS 模型精度最高；对于 900～1700 nm 波段来说，采用 SNV 预处理后建立的全波段 PLS 模型精度最高。对最佳预处理方法下的两个光谱波段进行波长选择，发现 SPA 方法在消除多重共线性的基础上，挑选出的波长之间的共线性最小且具有代表性，能进一步提升模型的精度和简洁度。

（2）在 900～1 700 nm 波段范围内含有的与肉类组成相关的基团信息更多，更能反映肉类的特征信息，可能更适合于进行肉类掺假的识别。为扩大模型的全面性和适用性，试验还需延伸至长波近红外谱段（1 700～2 500 nm）；同时，试验中选取高品质的羊肉和鸭肉均为当地超市的成品包装，后续模型能否适用于不同环境（温度、湿度、形态等）、不同品种、不同品质、不同喂养方式和不同新鲜度下的羊肉掺假研究，需进一步地验证探讨。

参考文献

[1] DE SMET S, VOSSEN E. Meat: The balance between nutrition and health: A review[J]. Meat Science, 2016, 120: 145-156.

[2] 姜洪喆, 蒋雪松, 杨一, 等. 肉类掺杂掺假的高光谱成像检测研究进展[J]. 食品与发酵工业, 2021, 47(6): 300-305.
JIANG H Z, JIANG X S, YANG Y, et al. The progress of the detection of meats adulteration using hyperspectral imaging[J]. Food and Fermentation Industries, 2021, 47(6): 300-305.

[3] BOYACI I H, TEMIZ H T, UYSAL R S, et al. A novel method for discrimination of beef and horsemeat using Raman spectroscopy[J]. Food Chemistry, 2014, 148(1): 37-41.

[4] 范梦晨, 韩爱云. 肉类掺假检测技术的研究进展[J]. 食品安全质量检测学报, 2021, 12(1): 236-241.
FAN M C, HAN A Y. Research progress on meat adulteration detection technology[J]. Journal of Food Safety and Quality, 2021, 12(1): 236-241.

[5] FEI B. Hyperspectral imaging in medical applications[J]. Data Handling in Science and Technology, 2020, 32: 523-565.

[6] LU B, DAO P D, LIU J, et al. Recent advances of hyperspectral imaging technology and applications in agriculture [J]. Remote Sensing, 2020, 12(16): 2 659.

[7] RYAN J, DAVIS C, TUFILLARO N, et al. Application of the hyperspectral imager for the coastal ocean to phytoplankton ecology studies in monterey bay, CA, USA[J]. Remote Sensing, 2014, 6(2): 1 007-1 025.

[8] 朱亚东, 何鸿举, 王魏, 等. 高光谱成像技术结合线性回归算法快速预测鸡肉掺假牛肉[J]. 食品工业科技, 2020, 41(4): 184-189.
ZHU Y D, HE H J, WANG W, et al. Quick detection of beef adul-

teration using hyperspectral imaging technology combined with linear regression algorithm[J]. Science and Technology of Food Industry, 2020, 41(4): 184-189.

[9] 刘友华, 白亚斌, 邱祝福, 等. 基于高光谱图像技术和波长选择方法的羊肉掺假检测方法研究[J]. 海南师范大学学报(自然科学版), 2015, 28(3): 265-269.
LIU Y H, BAI Y B, QIU Z F, et al. Hyperspectral imaging technology and wavelength selection method for nondestructive detection of mutton adulteration[J]. Journal of Hainan Normal University (Natural Science), 2015, 28(3): 265-269.

[10] ZHAO H T, FENG Y Z, CHEN W, et al. Application of invasive weed optimization and least square support vector machine for prediction of beef adulteration with spoiled beef based on visible near-infrared (Vis-NIR) hyperspectral imaging[J]. Meat Science, 2019, 151: 75-81.

[11] 陈斌, 邹贤勇, 朱文静. PCA 结合马氏距离法剔除近红外异常样品[J]. 江苏大学学报(自然科学版), 2008, 29(4): 277-280.
CHEN B, ZOU X Y, ZHU W J. Eliminating outlier samples in near-infrared model by method of PCA-mahalanobis distance[J]. Journal of Jiangsu University (Natural Science Edition), 2008, 29: 277-280.

[12] 陆婉珍. 近红外光谱仪器[M]. 北京: 化学工业出版社, 2010: 57.
LU W Z. Near infrared spectrometers[M]. Beijing: Chemical Industry Press, 2010: 57.

[13] GALVÃO R K H, ARAUJO M C U, JOSÉ G E, et al. A method for calibration and validation subset partitioning[J]. Talanta, 2005, 67(4): 736-740.

[14] 孙宗保, 王天真, 刘小裕, 等. 高光谱结合波长选择算法串联策略检测调理牛排新鲜度[J]. 光谱学与光谱分析, 2020, 40(10): 3 224-3 229.
SUNZ B, WANG T Z, LIU X Y, et al. Detection of prepared steaks freshness using hyperspectral technology combined with wavelengths selection methods combination strategy[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2020, 40(10): 3 224-3 229.

[15] 周宏平, 胡逸磊, 姜洪喆, 等. 基于高光谱成像的油茶籽含油率检测方法[J]. 农业机械学报, 2021, 52(5): 308-315.
ZHOU H P, HU Y L, JIANG H Z, et al. Detection method of oil content of camellia oleifera seed based on hyperspectral imaging[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2021, 52(5): 308-315.

[16] MUNCKA L, NIELSENA J P, MØLLERA B, et al. Exploring the phenotypic expression of a regulatory proteome-altering gene by spectroscopy and chemometrics[J]. Analytica Chimica Acta, 2001, 446(1): 169-184.

[17] 梅从立, 陈瑶, 尹梁, 等. siPLS-LASSO 的近红外特征波长选择及其应用[J]. 光谱学与光谱分析, 2018, 38(2): 436-440.
MEI C L, CHEN Y, YIN L, et al. Wavelength selection by siPLS-LASSO for NIR spectroscopy and its application[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2018, 38(2): 436-440.

[18] WOLD S, SJÖSTRÖM M, ERIKSSON L. PLS-regression: A basic tool of chemometrics[J]. Chemometrics & Intelligent Laboratory Systems, 2001, 58(2): 109-130.

[19] 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.
CHU X L. Molecular spectroscopy analytical technology combined with chemometrics and its applications[M]. Beijing: Chemical Industry Press, 2011.

[20] BAILLÈRES H, DAVRIEUS F, PICHAVANT F H. Near infrared analysis as a tool for rapid screening of some major wood characteristics in a eucalyptus breeding program[J]. Annals of Forest Science, 2002, 59(5/6): 479-490.

[21] 严衍禄. 近红外光谱分析基础与应用[M]. 北京: 中国轻工业出版社, 2005: 39-42.
YAN Y L. Foundation and application of near infrared spectroscopy[M]. Beijing: China Light Industry Press Ltd, 2005: 39-42.

[22] MAMANI-LINARES L W, GALLO C, ALOMAR D. Identification of cattle, llama and horse meat by near infrared reflectance or transflectance spectroscopy[J]. Meat Science, 2012, 90(2): 378-385.

[23] WORKMAN J, WEYER L J. Practical guide to interpretive near-infrared spectroscopy[M]. Boca Raton: CRC Press, Inc., 2007: 22-85.

(上接第 60 页)

[11] 闫顺华, 王亚丽, 夏依拉·艾妮. 液相色谱—质谱/质谱法测定猪肉中 4 种磺胺类药物残留量的不确定度评定[J]. 食品与机械, 2021, 37(7): 69-75, 86.
YAN S H, WANG Y L, XIAYILA A N. Uncertainty evaluation for the determination of 4 kinds of Sulfonamides residues in pork by LC-MS/MS[J]. Food & Machinery, 2021, 37(7): 69-75, 86.

[12] 王璐璐, 张水锋, 施元旭, 等. 超高效液相色谱—串联质谱法测定豆芽中甲硝唑及羟基甲硝唑残留量的不确定度评定[J]. 食品安全质量检测学报, 2021, 12(17): 6 902-6 908.
WANG L L, ZHANG S F, SHI Y X, et al. Uncertainty evaluation for determination of metronidazole and hydroxym etronidazole residues in bean sprouts by ultra performance liquid chromatography-tandem mass spectrometry[J]. Journal of Food Safety & Quality, 2021, 12(17): 6 902-6 908.

[13] 施元旭, 张水锋, 潘项捷, 等. 超高效液相色谱串联质谱法测定豆芽中恩诺沙星、环丙沙星残留量的不确定度评定[J]. 食品与机械, 2020, 36(10): 37-42.
SHI Y X, ZHANG S F, PAN X J, et al. Evaluation of uncertainty in determination of enrofloxacin and ciprofloxacin residues in bean sprouts by ultra performance liquid chromatography-tandem mass spectrometry[J]. Food & Machinery, 2020, 36(10): 37-42.