

空间分辨散射光谱多参数信息融合方法的 生鲜肉嫩度无损检测

孙宏伟, 彭彦昆*, 王凡

中国农业大学工学院, 国家农产品加工技术装备研发中心, 北京 100083

摘要 嫩度是猪肉食用品质最重要的指标之一。猪肉嫩度取决于猪肉组织复杂的物理、化学特性, 目前难以实现快速无损检测。探索空间分辨光谱技术用于生鲜肉嫩度无损检测的可行性。首先利用点光源高光谱扫描系统采集 54 块猪肉背最长肌的空间可分辨散射光谱, 经过感兴趣区域选择, 提取出猪肉样本表面光斑的空间扩散轮廓, 结合 4-参数洛伦兹分布函数对扩散轮廓进行非线性拟合, 拟合优度 $R^2 > 0.992$, 并通过残差分析, 表明 4-参数洛伦兹分布函数符合肉样表面光强的空间散射规律, 进而提取出 480~950 nm 波长下空间分辨光谱的四个形态学参数: 渐进值 a 、峰值 b 、半带宽 c 以及半带宽处的斜率 d 。然后将单参数谱分别与猪肉样本 Warner-Bratzler 剪切力 (WBSF) 测量值进行偏最小二乘回归 (PLSR) 分析。结果表明不同参数谱都含有猪肉嫩度信息, 其中峰值参数谱 b 建模效果最佳, 其回归模型的校正集决定系数 R_c^2 为 0.674, 均方根误差 SEC 为 8.396N, 预测集决定系数 R_p^2 为 0.610, 均方根误差 SEP 为 8.643N。为提高模型的预测精度和稳定性, 实现多参数谱信息的融合, 先通过 PLSR 分析, 分别提取出每个参数谱中对猪肉嫩度方差贡献大的公共因子, 然后将其因子得分组合在一起作为参数谱的特征变量, 与猪肉样本 WBSF 测量值作多元统计回归分析。为避免数据冗余, 对不同参数谱特征变量进行多重共线性判别, 进一步采用 PLSR 算法对参数谱特征变量进行降维和变换, 采用交叉验证方法, 选择前两维因子得分进行校正模型的建立。其中所提取第一维公共因子对猪肉 WBSF 值方差解释率达 92.28%。与单参数谱所建 PLSR 模型相比, 多参数谱信息融合模型预测效果有了较大提高, 其 R_c^2 和 R_p^2 分别为 0.923 和 0.800, SEC 和 SEP 分别为 4.083N 和 5.655N。通过对回归系数进行统计量 t 检验, 结果表明所有回归系数极显著 ($p < 0.01$)。本研究通过采取多参数信息融合方法为空间分辨光谱在生鲜肉嫩度无损检测应用提供一种思路, 该方法有效将空间分辨光谱解析为 4 个形态学参数, 并实现不同参数谱信息的提取和融合, 为开发基于空间分辨光谱的生鲜肉嫩度无损快速检测装备提供技术支撑。

关键词 4-参数洛伦兹分布函数; 猪肉嫩度; 空间分辨光谱技术; 多参数信息融合

中图分类号: O657.3 **文献标识码:** A **DOI:** 10.3964/j.issn.1000-0593(2019)11-3365-07

引言

嫩度是猪肉食用品质中最重要的因素之一, 也是口感的重要评价指标。近年来, 随着人们生活水平的提高, 猪肉的消费量持续增加, 与此同时对猪肉的食用品质也提出了更高的要求^[1-3]。通常猪肉嫩度评价由专业评审人员品尝打分完成, 但这种方式主观性强, 不易量化; 农业行业标准通过测定肉样 Warner-Bratzler 剪切力大小完成嫩度检测, 但这种方

式存在前处理复杂、费时、有损伤的缺点。以上两种方式都只能采取抽样测量的方式, 不能实现对生鲜肉嫩度的大批量在线无损实时检测^[4]。

猪肉嫩度是反映猪肉品质的综合指标, 其大小受到多种因素影响, 不仅取决于猪肉的化学成分, 还与猪肉的质地密切相关。在化学成分检测方面, 光谱检测有无损、快速的优点, 广泛应用于农畜产品所含成分定性、定量检测研究。欧阳爱国等利用 500~1 100 nm 漫反射可见/近红外光谱, 检测苹果可溶性固形物 SSC 含量, 最佳模型预测相关系数 R_p

收稿日期: 2018-10-01, 修订日期: 2019-02-25

基金项目: 国家重点研发计划项目(2017YFC1600801)资助

作者简介: 孙宏伟, 1990 年生, 中国农业大学工学院博士研究生 e-mail: hwsun06@163.com

* 通讯联系人 e-mail: ypeng@cau.edu.cn

达到 0.90, 预测集均方根误差 RMSEP 达到 $0.70^{\circ}\text{Brix}^{[5]}$ 。张海云等采用 1 000~1 680 nm 漫反射光谱对猪肉水分含量进行了预测, 预测相关系数 R_p 为 0.839, SEP 为 0.641^[6]。另外根据生物组织光学理论, 生物组织光学散射系数与其物理属性相关(如密度、散射微粒尺寸等)^[7]。因此猪肉组织的光谱信息结合光学散射信息将为猪肉嫩度的无损检测带来可能性。空间分辨光谱技术作为新兴无损检测方式, 不仅能够采集样品的光谱信息, 也能探测光在样品中的空间散射分布^[8-9]。Xia 等利用光纤探头扫描的方式获取了牛肉表面空间分辨光谱, 用光学漫射方程模型解析空间分辨光谱并反演出牛肉光学系数, 证实了散射系数与牛肉嫩度显著相关^[10-11]。Tao 等通过高光谱线扫描的方式采集猪肉表面空间分辨光谱, 用 3-参数洛伦兹分布函数解析空间分辨光谱, 并用洛伦兹参数谱与猪肉嫩度作回归分析, 其中参数 a 和 b 的交叉验证相关系数 R_{cv} 都大于 0.80, SE_{cv} 小于 10N, 与可见/近红外光谱检测技术相比有了显著地提高^[12]。现有研究大多都是先采用模型解析空间分辨光谱并利用模型参数谱预测生物组织特性, 进而选择预测效果最好的参数。但是单一的参数谱不能完全利用空间分辨光谱中包含的信息, 因此不能全面地反映样品理化特性。在多参数融合方面, Tao 等提出将各单一参数谱先进行方差归一化, 然后组合在一起, 共同预测牛肉中菌落总数的含量, 使模型预测效果有了一定提高, 但是也大大增加了自变量集数据维度, 模型计算量增加^[13]。

提出一种基于因子分析方法实现空间分辨光谱的多参数信息融合。首先通过高光谱线扫描的方式采集猪肉表面后向散射光谱, 并采用 4-参数洛伦兹分布函数解析空间分辨光谱, 进而探究多参数信息融合方法对提高猪肉嫩度预测效果的可行性, 为今后空间分辨光谱应用于猪肉品质的快速无损检测提供一种方案。

1 实验部分

1.1 材料

以经过 24 h 冷却排酸后的猪背最长肌为研究对象, 为扩大嫩度分布范围, 选取 54 块来自不同猪胴体的样本。试验材料采购于北京顺鑫农业股份有限公司鹏程食品分公司。试验前, 每个样品剔除表面的筋、腱、脂肪, 修剪为约 8 cm×5 cm×3 cm 大小。

1.2 猪肉剪切力的测量

根据中华人民共和国农业行业标准《NY/T 1180—2006 肉嫩度的测定剪切力测定法》, 测定猪肉样品 Warner-Bratzler 剪切力大小作为参考值。具体操作流程如下: 当肉样采集光谱信息后, 放入 80 °C 恒温水浴锅加热, 用电热耦测温仪监测样品中心温度, 当中心温度达 70 °C, 取出并放入 4 °C 冰箱, 隔夜取出并测量剪切力大小。采用直径 1.27 cm 的圆形钻孔器沿肌肉纤维方向钻取圆柱状肉样, 每个样品钻取 3 个肉样。用嫩度仪测量样品剪切力峰值, 3 个平行肉样的剪切力峰值的平均值作为样品 Warner-Bratzler 剪切力大小, 用于下一步分析。嫩度仪剪切速率为 3 mm·s⁻¹。

1.3 空间分辨光谱采集

采用高光谱扫描系统获取猪肉表面后向散射轮廓。该系统由成像光谱仪(Imspector V10E, 芬兰)、可见/近红外 CCD 相机(Sensecam QE, 美国)、100W 卤素灯光源(Oriel Instruments, 美国)及计算机组成。整个系统放置于暗箱中, 减少外界环境光的干扰。为了避免猪肉表面的镜面反射以及 CCD 相机的饱和, 直径 1.5 mm 的光束沿 75°倾角入射猪肉样品表面, 保持光斑中心与相机扫描线距离 1 mm。光谱采集前, 高光谱线扫描系统预热 30 min, 从而使系统处于稳定的工作状态。光谱采集范围 450~1 000 nm, 空间分辨 0.123 mm·pix⁻¹。为消除不同波长处光源光强不一致和电子暗噪声带来的影响, 以硫酸钡作为标准白色校正板, 遮盖镜头采集光谱暗电流, 对猪肉光谱进行黑白参考校正。

1.4 空间分辨光谱特征参数提取

4-参数洛伦兹分布函数[式(1)]作为经验模型, 用于空间分辨光谱形态学参数的提取。因此每个样品的空间分辨光谱分解为四个参数谱。

$$y = a + \frac{b}{1 + (x/c)^d} \quad (1)$$

式中, a 为远离入射点处光斑扩散轮廓的渐进值, b 正比于光斑在入射点处的光强, c 正比于空间扩散轮廓的半带宽, d 正比于峰值 1/2 处空间扩散轮廓的斜率。即通过 4-参数洛伦兹分布函数解析, 从空间扩散轮廓的渐进值、峰值、半带宽、半带宽处的斜率 4 个维度描述样品的空间分辨光谱。

1.5 数据处理

首先对猪肉空间分辨光谱进行感兴趣区域识别, 提取出以光斑入射点为圆心半径 3 cm 的区域作为感兴趣区域; 通过黑白参考采集, 计算出猪肉光谱相对反射率, 进而避免光源信号不均和相机暗电流带来的干扰; 为消除光谱信息中与猪肉样品信息无关的随机噪声, 提高光谱信噪比, 对猪肉光谱进行 Savitzky-Golay(SG)平滑处理; 对每个波长下的猪肉空间分辨轮廓进行形态学参数提取, 采用 Levenberg-Marquardt 算法求解 4-参数洛伦兹分布函数的参数非线性拟合值; 为综合利用猪肉样品空间分辨散射光谱各参数信息, 先采用偏最小二乘 PLSR 分析方法, 分别求解洛伦兹分布各参数在因子空间的得分, 再将不同参数的因子得分作为自变量与猪肉嫩度进行回归分析。

采用 Matlab R2015a(The Math Works, 美国)处理数据。

2 结果与讨论

2.1 猪肉样本嫩度分布状况

选取 30 块嫩度均匀分布的猪肉样品作为校正集进行回归模型的建立, 24 块猪肉样品作为预测集检验模型的效果, 其 WBSF 值分布如表 1 所示。其中预测集猪肉样本 WBSF 值分布小于校正集范围, 从而正确地反映模型预测能力。

2.2 空间分辨光谱形态学参数提取

图 1 为猪肉样品空间分辨光谱。在 450~950 nm 范围内, 由于猪肉组织吸光度及光学散射系数不同, 因此不同波长光的反射强度和空间扩散距离不同。为准确高效提取空间分辨光谱形态学特征, 采用 4-参数洛伦兹分布函数对猪肉样

表 1 校正集和预测集猪肉 WBSF 值统计
Table 1 Statistic of WBSF values in calibration and prediction sets

	样本 个数	最大值 /N	最小值 /N	平均值 /N	标准 偏差
校正集	30	65.79	17.47	37.28	14.17
预测集	24	62.96	23.02	35.53	11.69

品空间扩散轮廓进行非线性拟合。采用统计量决定系数 R^2 作为评价指标,用于拟合优度的比较。如图 2(a)所示,所有样本拟合决定系数 R^2 都大于 0.992,说明 4-参数洛伦兹分布函数可以解释猪肉样品表面大于 99.2%的光强变化信息;同时也可以看到在不同波长处函数拟合效果是不同的,这是由于光谱在不同波长处信噪比不同,如所有样本在 660 nm 附近,拟合决定系数 R^2 最大且方差最小,函数的拟合效果最佳;在其两侧的波长范围,拟合效果逐渐变差。猪肉样品在 550 nm 处光强分布的拟合残差如图 2(b)所示,残差均匀地

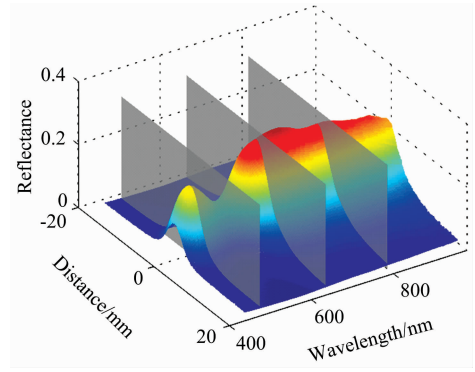


图 1 猪肉样品空间分辨光谱

Fig. 1 Spatially resolved hyperspectral image of pork sample

分布在横轴附近,随扩散距离增加没有明显的变化,表明 4-参数洛伦兹分布函数模型适合描述光强的空间散射规律。

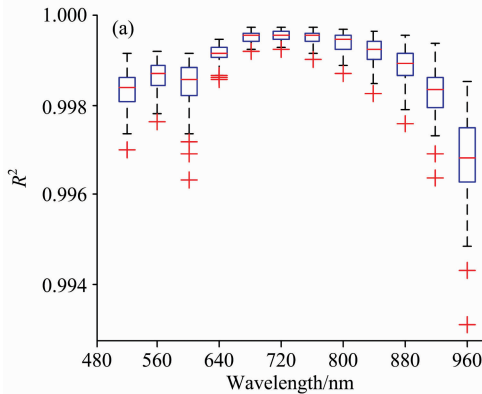
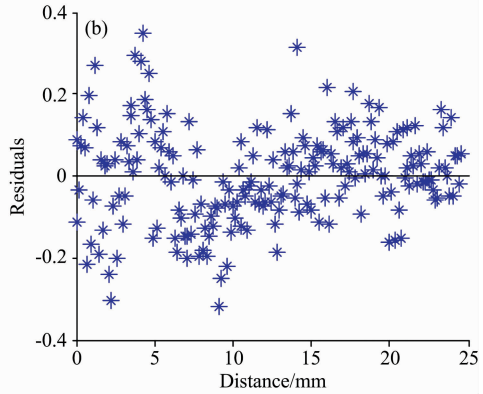


图 2 4-参数洛伦兹分布函数拟合优度

(a): 拟合决定系数 R^2 ; (b): 拟合残差分布

Fig. 2 The fitting effects of 4-parameter Lorentzian distribution function

(a): The goodness of fitness R^2 ; (b): Fitting residuals at 550 nm



通过 4-参数洛伦兹分布函数拟合,空间分辨光谱被解析为 4 个参数谱,即每个样本对应 4 个参数谱。为提高模型鲁棒性,减少噪声的干扰,选择 480~950 nm 波范围的下参数谱(如图 3 所示)用于分析。参数 a, b, c, d 分别代表着猪肉样品空间分辨光谱的渐进值、峰值、半带宽、半带宽处斜率四个形态学指标,从图 3 可以看出参数谱延续了可见/近红外光谱峰带宽的特点,光谱强度沿波长变化较平缓。其中峰值参数 b 在 550 和 580 nm 处有明显的吸收峰,该区域与肌肉中氧合肌红蛋白的含量及状态有关^[14-15];在 760 nm 附近有较为微弱的吸收峰,可能归属于肌肉中脱氧肌红蛋白;其整体形态与猪肉组织可见/近红外光谱相近^[16-17]。参数 c 和 d 主要描述了光在猪肉组织中空间扩散的形态,其反映猪肉组织光学散射效应。

2.3 基于单参数谱建立猪肉样本嫩度预测模型

选取偏最小二乘回归(PLSR)算法建立参数谱和猪肉嫩度值间的回归模型。通过交叉验证法,选取预测均方误差最

小时的因子数,建模效果如表 2 所示。渐进值参数 a 为远离光束入射点处的光谱反射强度,因此其信号较弱、稳定性较差、信噪比较低。为有效提取参数 a 中加载的猪肉嫩度信息,经过多次尝试,对参数谱 a 先进行 Savitzky-Golay 卷积平滑(SG)、Autoscale 方差归一化和一阶导数(FD)预处理,再进行 PLSR 分析,当最优因子数为 5 时,因子得分变量对参数谱 a 的累积方差贡献率可达 81.64%,从而提取出参数谱 a 中较多的变化信息。通过建立嫩度回归模型,其决定系数 R^2 为 0.494, SEC 为 10.452N, 预测集决定系数 R_p^2 为 0.433, SEP 为 10.528N。从表 2 还可以看出,不同参数谱 a, b, c, d 相比较而言,峰值参数谱 b 建模效果最佳,通过 PLSR 分析,当最佳因子数选为 6 时,提取出参数谱 b 中 99.97%的变化信息,所建立剪切力 WBSF 回归模型决定系数 R^2 为 0.674, SEC 为 8.396N, 预测集决定系数 R_p^2 为 0.610, SEP 为 8.643N。

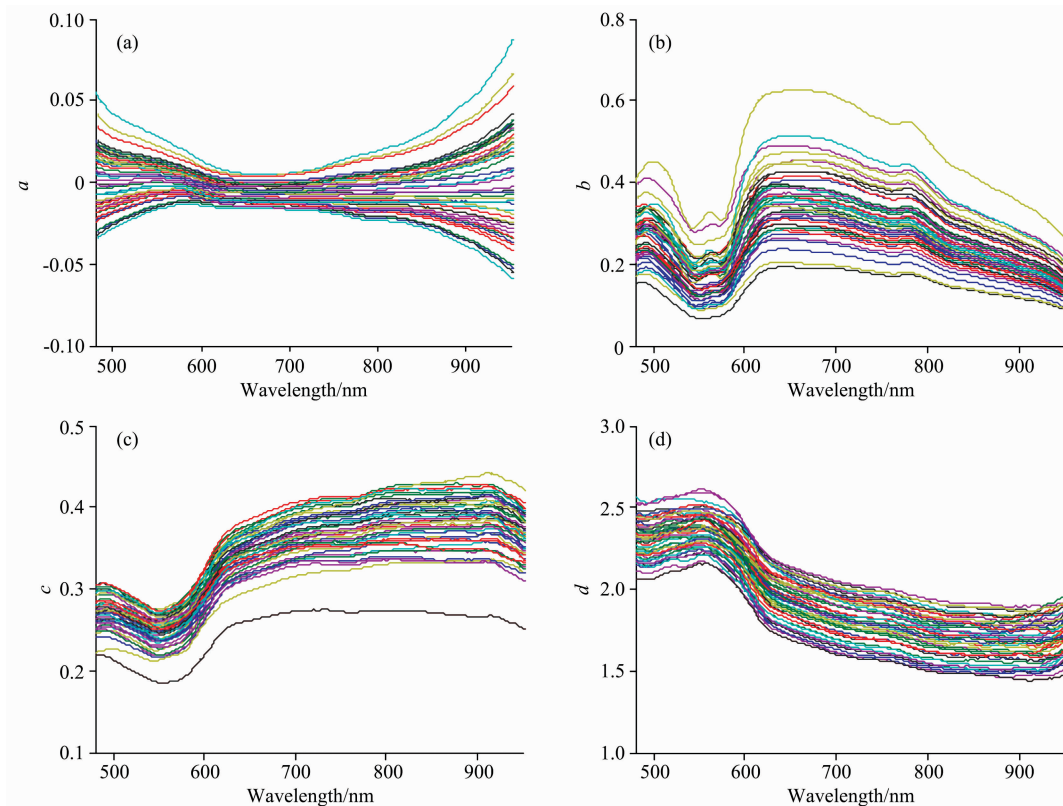


图 3 猪肉样本空间分辨光谱的形态学参数

(a): 渐进值 a ; (b): 峰值 b ; (c): 半带宽 c ; (d): 半带宽斜率 d

Fig. 3 Morphological features of spatially resolved hyperspectral images of pork samples

(a): Asymptotic value a ; (b): Peak value b ;

(c): Full scattering width at half maximal value c ; (d): Slope at half maximal value d

表 2 单参数谱预测模型效果

Table 2 PLSR model results on single parameter spectra

参数	预处理	因子数	方差贡献率/%	R^2_c	SEC	R^2_p	SEP
a	SG+Autoscale+FD	5	81.64	0.494	10.452	0.433	10.528
b	None	6	99.97	0.674	8.396	0.610	8.643
c	None	4	94.42	0.540	9.968	0.410	10.505
d	None	4	98.29	0.797	6.623	0.450	9.234

2.4 基于多参数信息融合方法建立嫩度预测模型

单一参数谱所含信息有限,不同参数谱往往可以从不同的角度反映猪肉嫩度。为了更准确地预测猪肉嫩度大小,多参数信息融合方法被进一步探讨。根据单一参数谱预测猪肉嫩度的结果,提取每个参数谱中对猪肉嫩度方差贡献大的因子得分变量作为参数谱特征变量,组合成自变量集(如参数谱 a 提取前 5 个主因子,分别表示为 a_1, a_2, a_3, a_4 和 a_5 ,与此类似,参数谱 b, c 和 d 分别提取前 6, 4, 4 个主因子,共 19 个参数谱特征变量)。然后所有参数谱特征变量与猪肉 WBSF 值进行回归分析。为避免不同参数谱间特征变量存在线性相关关系,影响回归模型的鲁棒性,对所有参数谱特征变量进行多重共线性识别。通过计算容忍度和方差膨胀因子,发现 $a_1, a_2, b_1, b_2, c_1, c_4$ 和 d_1 变量的容忍度小于 0.1, 方差膨胀因子大于 10, 存在严重的多重共线性。因此对

参数谱特征变量进一步实施 PLSR 分析。

根据交叉验证结果,随着参与建模因子数的增加,均方误差 MSE 先降低后上升,如图 4(a)所示,当因子数选择前两维时, MSE 为 24.865 达到极小值点。图 4(b)为校正集猪肉样本和 19 个参数谱特征指标在前两维因子空间的分布,其中第一因子得分变量对猪肉样本嫩度值的方差贡献率为 92.28%。圆圈代表 30 个猪肉样本,可以发现猪肉样本剪切力 WBSF 值与第一因子得分正相关。不同颜色的箭头矢量分别为 19 个参数谱特征变量的载荷向量在因子空间的表达,可以看出所有载荷向量都位于第一因子轴零刻度的右侧,说明样本第一因子得分与其所有参数谱特征变量值正相关;其中箭头矢量长度越长,代表公共因子对该参数谱特征变量的方差贡献率越大,该特征变量所含有效信息越多,对公共因子的依赖性也越强。从图 4(b)中可以看出参数谱 a, b, c, d

的特征变量中序号越小的变量与第一因子轴越近, 并且箭头矢量越长。具体数据如表 3 所示, 相关系数 r 指该特征变量与猪肉剪切力 WBSF 值的相关系数。共同度 h_1^2 表示第一公共因子对该特征变量的方差贡献, 也反映出第一公共因子从特征变量中所提取的信息量多少。从表中可以看出, 共同度 h_1^2 与相关系数 r 基本呈正相关, 表明经过 PLSR 分析, 第一因子可以有效地提取各个特征变量所含信息, 特征变量与猪肉剪切力 WBSF 值相关性越强, 第一因子从该特征变量中所提取的信息越多。进一步分析, 第二因子得分变量对猪肉样本嫩度值的方差贡献率较小约为 2.43%, 但是从交叉验证均方误差图可以看出第二因子得分可以有效降低预测误差, 因此第二因子得分在回归模型中可能起到修正和补偿的作用。从图 4(b) 可以看出所有特征变量箭头矢量分布于第二因子轴零刻度上下, 其中位于零刻度上方的特征变量与第二因子正相关, 位于零坐标下方的特征变量与第二因子负相关, 两者相互抵消和补偿, 从而修正模型预测效果。特征变量在第二因子维度的共同度 h_2^2 如表 3 所示, 其中 a_4 , b_3 和 d_4 三个特征变量 h_2^2 大于 0.430, 表明这些特征变量中大于 43% 的信息用于预测结果的修正。总的来说, 前两维因子对 a , b , c 和 d 参数谱的方差贡献率分别为 25.4%, 23.4%, 20.8% 和 36.0%, 有效实现了多参数有效信息的提取和融合。

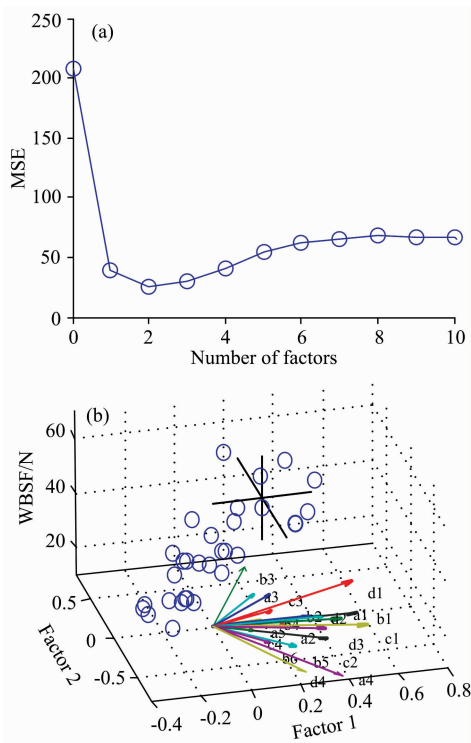


图 4 参数谱特征变量 PLSR 分析

(a): 交叉验证均方误差; (b): 猪肉样本和参数谱特征变量在前两维因子空间的表达

Fig. 4 PLSR analysis of the characteristic variables of the parameter spectra

(a): Mean squared prediction error by cross-validation; (b): Distribution of pork sample and parameter spectrum characteristic variables in the first two dimensions of factors space

表 3 参数谱特征变量 PLSR 分析
Table 3 PLSR model results on characteristic variables of parameters spectra

参数谱	参数特征	相关系数 r	共同度 h_1^2	共同度 h_2^2	方差贡献率/%
a	a1	0.489	0.258	0.004	25.4
	a2	0.298	0.080	0.005	
	a3	0.270	0.053	0.119	
	a4	0.253	0.147	0.565	
	a5	0.171	0.039	0.000	
b	b1	0.531	0.337	0.000	23.4
	b2	0.370	0.155	0.000	
	b3	0.350	0.069	0.475	
	b4	0.266	0.068	0.014	
	b5	0.212	0.073	0.114	
	b6	0.129	0.032	0.069	
c	c1	0.546	0.353	0.030	20.8
	c2	0.363	0.164	0.080	
	c3	0.313	0.082	0.095	
	c4	0.110	0.020	0.010	
d	d1	0.683	0.404	0.140	36.0
	d2	0.413	0.193	0.000	
	d3	0.372	0.180	0.023	
	d4	0.145	0.060	0.439	

通过 PLSR 分析, 有效降低了自变量维度, 实现了回归模型的简化。根据计算所得猪肉样本参数谱特征变量在前两维因子得分, 建立二元线性回归模型

$$\hat{y} = \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \beta_0 \quad (2)$$

式中, \hat{y} 为预测猪肉样本剪切力 WBSF 值, x_1 为参数谱特征变量的第一因子得分, β_1 为第一因子得分的回归系数, x_2 为参数谱特征变量的第二因子得分, β_2 为第二因子得分的回归系数, β_0 为回归方程的截距值。各回归系数估计值如表 4 所示, 根据 t 检验结果 $p < 0.01$, 所有回归系数都极其显著。可以发现, x_1 的回归系数远大于 x_2 , 因此第一因子是猪肉剪切力预测模型的主要影响因素, 第二因子在较小范围内修正和补偿模型预测效果。

表 4 回归系数估计与 t 检验

Table 4 Regression coefficient estimation and t test

参数估计	95%置信域	t 值	p 值	
β_1	73.351	[66.419, 80.284]	21.710	0.000
β_2	11.908	[4.975, 18.840]	3.524	0.002
β_3	37.285	[36.020, 38.551]	60.444	0.000

通过 PLSR 分析, 模型预测效果如图 5 所示, 其校正集决定系数 R_c^2 和均方根误差 SEC 分别为 0.923 和 4.083N, 预测集决定系数 R_p^2 和均方根误差 SEP 分别为 0.800 和 5.655N。与单参数谱相比, 分步 PLSR 算法有效地实现了多参数信息融合, 提高了空间分辨光谱预测猪肉嫩度的能力。

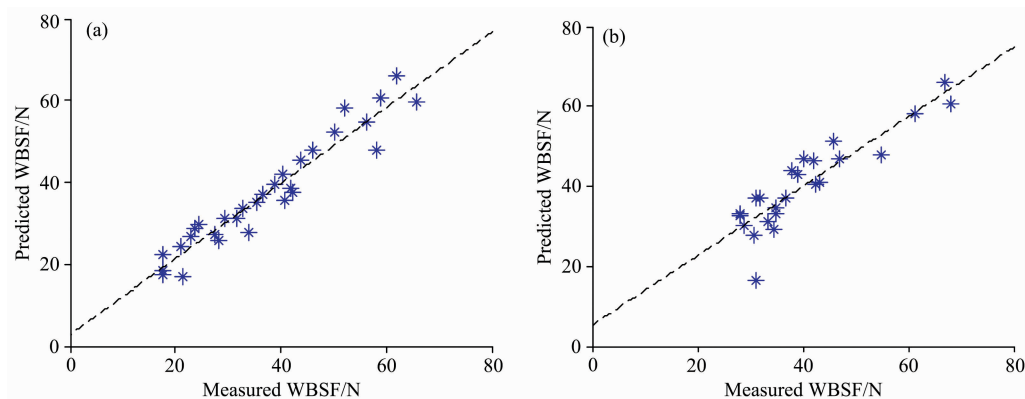


图 5 校正集和预测集中猪肉 WBSF 测定值和预测值散点分布图

(a): 校正集; (b): 预测集

Fig. 5 Prediction of WBSF values of pork samples in calibration and prediction sets

(a): Calibration sets; (b): Prediction sets

3 结 论

空间分辨光谱可以实现猪肉嫩度的快速无损检测,与传统的可见/近红外光谱技术相比,该技术获取了更多样本携带的物化信息,因此具有广阔的应用前景。所得主要结论如下:(1)4-参数洛伦兹分布函数符合肉样表面光强的空间散射规律,可以通过提取形态学特征有效解析猪肉空间分辨光

谱;(2)不同参数谱都包含有猪肉嫩度信息,通过单参数建模效果的对比,空间分辨光谱的峰值 b 参数建模效果最好;(3)提出的分步 PLSR 回归分析算法可以有效地实现多参数信息的融合,与单参数谱相比,显著提高了空间分辨光谱对猪肉嫩度的预测能力。多参数信息融合方法也为空间分辨光谱技术在生鲜肉嫩度无损检测应用提供一种思路,为后续开发基于空间分辨光谱技术的生鲜肉嫩度无损快速检测装置奠定了基础。

References

- [1] ZHU Yao-di, SHEN Ting-ting, ZHAO Gai-ming, et al(朱瑶迪, 申婷婷, 赵改名, 等). Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology(中国食品学报), 2017, 17(11): 239.
- [2] Zeng W C, Wen W T, Deng Y, et al. Meat Science, 2016, 120: 37.
- [3] LIU Yuan-yuan, PENG Yan-kun, ZHANG Lei-lei, et al(刘媛媛, 彭彦昆, 张雷蕾, 等). Transactions of the Chinese Society of Agricultural Machinery(农业机械学报), 2014, 45(12): 271.
- [4] ZHANG Gen-wei, WEN Xing, WANG Zhong-yi, et al(张根伟, 文 星, 王忠义, 等). Spectroscopy and Spectral Analysis(光谱学与光谱分析), 2010, 30(10): 2793.
- [5] OUYANG Ai-guo, XIE Xiao-qiang, LIU Yan-de(欧阳爱国, 谢小强, 刘燕德). Transactions of the Chinese Society of Agricultural Machinery(农业机械学报), 2014, 45(4): 220.
- [6] ZHANG Hai-yun, PENG Yan-kun, WANG Wei(张海云, 彭彦昆, 王 伟). Journal of Food Safety and Quality(食品安全质量检测学报), 2012, 3(1): 23.
- [7] Cen H Y, Lu R F, Mendoza F, et al. Postharvest Biology and Technology, 2013, 85: 30.
- [8] Zhang L L, Peng Y K. Applied Spectroscopy, 2016, 70(8): 1309.
- [9] Lorente D, Zude M, Idler C, et al. Journal of Food Engineering, 2015, 154: 76.
- [10] Xia J J, Weaver A, Gerrard D E, et al. Journal of Food Engineering, 2008, 84(1): 75.
- [11] Xia J J, Berg E P, Lee J W, et al. Meat Science, 2007, 75(1): 78.
- [12] Tao F F, Peng Y K, Li Y Y, et al. Meat Science, 2012, 90(3): 851.
- [13] Tao F F, Peng Y K, Gomes C L, et al. Journal of Food Engineering, 2015, 162: 38.
- [14] Van B R, Kokawa M, Aernouts B, et al. Meat Science, 2017, 136: 50.
- [15] Pu H B, Kamruzzaman M, Sun D W. Trends in Food Science & Technology, 2015, 45(1): 86.
- [16] Adebayo S E, Hashim N, Abdan K, et al. Journal of Food Engineering, 2016, 169: 155.
- [17] Hughes J M, Oiseth S K, Purslow P P, et al. Meat Science, 2014, 98(3): 520.

Nondestructive Detection of Pork Tenderness Using Spatially Resolved Hyperspectral Imaging Technique Based on Multivariable Statistical Analysis

SUN Hong-wei, PENG Yan-kun*, WANG Fan

National Research and Development Center for Agro-Processing Equipment, College of Engineering, China Agricultural University, Beijing 100083, China

Abstract Tenderness is one of the most important attributes of pork eating quality. The tenderness of pork depends on the complex physical and chemical characteristics of pork tissue. And a rapid, non-destructive detection method is urgently in need. This paper reports the feasibility of spatially resolved hyperspectral imaging technique for nondestructive detection of pork tenderness. First, the spatial resolved scattering images of 54 pork longissimus dorsi muscle were collected by hyperspectral system on line-scanning mode. The region of interest (ROI) was selected and the diffused spatial profile of incident light was extracted on the surface of the pork sample. The diffused spatial profile was fitted non-linearly by 4-parameter Lorentzian distribution function. The goodness of fit was $R^2 > 0.992$, and the residual analysis showed that the 4-parameter Lorentzian function could describe the spatial distribution of light intensity on meat surface. Four morphological parameters of spatial resolved spectrum at wavelength of 480~950 nm were extracted: asymptotic value a , peak value b , full width at half of the peak value c (FWHM) and slope at half of the peak value d . Partial least squares regression (PLSR) models were established to relate each parameter spectra and Warner Bratzler shear force (WBSF) values of pork samples respectively. The results showed that all parameters spectra contained pork tenderness information, in which the peak parameter b had the best prediction results, with determination coefficient of calibration set R_c^2 of 0.674, the root-mean-square error SEC of 8.396N, the determination coefficient of prediction set R_p^2 of 0.610, and the root-mean-square error SEP of 8.643N. In order to improve the accuracy and stability of the prediction model and realize the information fusion of multi-parameter spectra, PLSR analysis was firstly used to extract the latent variables in each parameter spectrum, which have high relative variance contribution to pork tenderness. Then, the latent variable scores were combined as the characteristic variables of the parameter spectra, and multiple statistical regression analysis was performed to relate the characteristic variables and the WBSF values of pork samples. In order to avoid data redundancy, PLSR algorithm was secondly used to reduce and transform the characteristic variables of the parameter spectra. Using the cross validation method, the first two - dimensional factor scores were selected to establish the calibration model. The variance interpretation rate of the pork WBSF value from the first factor was 92.28%. Compared with the PLSR model built by the single-parameter spectrum, the prediction results of the multi-parameter spectra model have been greatly improved, with R_c^2 of 0.923 and R_p^2 of 0.800, SEC of 4.083N and SEP of 5.655N respectively. The results show that all regression coefficients are very significant ($p < 0.01$). In this study, the multi-parameter information fusion method was adopted to provide an idea for the application of spatial resolution spectroscopy in the nondestructive testing of pork tenderness. This method decomposed the spatial resolved spectra into 4 morphological parameters effectively, and achieved the information extraction and fusion of different parameter spectra, providing technical support for the development of non-destructive rapid detection equipment for pork tenderness based on spatial resolved spectroscopy technology.

Keywords 4-parameter Lorentzian distribution function; Pork tenderness; Spatially resolved hyperspectral imaging; The multi-parameter information fusion

(Received Oct. 1, 2018; accepted Feb. 25, 2019)

* Corresponding author