

# 基于光谱和图像信息融合的玉米霉变程度在线检测

沈 飞<sup>1</sup>, 黄 怡<sup>1</sup>, 周曰春<sup>2</sup>, 刘 琴<sup>1</sup>, 裴 斐<sup>1</sup>, 李 彭<sup>1</sup>, 方 勇<sup>1</sup>, 刘兴泉<sup>3</sup>

(1.南京财经大学食品科学与工程学院, 江苏省现代粮食流通与安全协同创新中心, 江苏 南京 210023;

2.南京灵山粮食储备库有限公司, 江苏 南京 211599; 3.浙江农林大学农业与食品科学学院, 浙江 杭州 311300)

**摘 要:** 融合可见-近红外光谱和机器视觉分析技术, 建立玉米霉变程度在线检测方法。辐照灭菌玉米分别接种 5 种谷物中常见有害霉菌, 并于 28 °C 和 85% 相对湿度环境中储藏 15 d 至严重霉变。在样品储藏的第 0、6、9、12、15 天, 同时在线采集其光谱及图像特征信息, 将提取的样品光谱特征波长和图像颜色特征参数融合成总特征参数, 建立玉米霉变程度定性定量模型。结果表明, 主成分分析可成功区分不同霉变程度的玉米样品; 基于光谱和图像信息融合的线性判别分析模型对不同霉变程度玉米样品的整体识别率达 91.1%, 比单独应用光谱和图像时的准确率分别提高 4.4% 和 8.9%; 基于信息融合的玉米菌落总数偏最小二乘回归模型结果也同样较优, 模型预测决定系数  $R_p^2$  为 0.894 1, 均方根预测误差为 0.665 (lg (CFU/g)), 相对分析偏差达 3.06。结果表明光谱和图像数据融合能够提高模型精度, 在霉变玉米在线检测方面具有可行性。下一步应不断扩大样品量, 补充自然霉变及受更多代表性霉菌感染的玉米样品, 以不断增强模型的鲁棒性和适用性。

**关键词:** 玉米; 霉菌侵染; 霉变; 可见-近红外光谱; 图像; 数据融合; 在线检测

## On-Line Detection of Mildew Degree of Maize Based on Spectral and Image Information Fusion

SHEN Fei<sup>1</sup>, HUANG Yi<sup>1</sup>, ZHOU Yuechun<sup>2</sup>, LIU Qin<sup>1</sup>, PEI Fei<sup>1</sup>, LI Peng<sup>1</sup>, FANG Yong<sup>1</sup>, LIU Xingquan<sup>3</sup>

(1. Jiangsu Collaborative Innovation Center for Modern Grain Circulation and Safety, College of Food Science and Engineering, Nanjing University of Finance and Economics, Nanjing 210023, China; 2. Nanjing Lingshan Grain Reserve Co. Ltd., Nanjing 211599, China; 3. College of Agriculture and Food Science, Zhejiang A&F University, Hangzhou 311300, China)

**Abstract:** This work aimed to establish an on-line method for the detection of the mildew degree of maize based on data fusion of visible/near infrared (Vis/NIR) spectroscopy and machine vision technique. Irradiation-sterilized maize kernel samples were inoculated with spore suspensions of 5 different fungal strains, separately. Then the samples were stored in an artificial climate box (28 °C and 85% relative humidity) for 15 d until serious mildew occurred. After 0, 6, 9, 12 and 15 d, the characteristic spectral and image information of maize samples were collected online. Both spectral features and image color features were extracted and fused for the development of qualitative and quantitative analysis models. The results showed that principal component analysis (PCA) could distinguish maize samples according to different mildew degrees. The overall recognition rate obtained by linear discriminant analysis (LDA) for the classification of samples with different mildew degrees was 91.1% based on spectral and image data fusion, which were 4.4% and 8.9% higher than single spectral and image information, respectively. The prediction of colony counts in maize samples using the partial least squares regression (PLSR) based on information fusion was also better and the coefficient of determination for the prediction set ( $R_p^2$ ), root mean square error of prediction (RMSEP) and residual predictive deviation (RPD) value obtained were 0.894 1, 0.665 (lg(CFU/g)) and 3.06, respectively. These results indicated that spectral and image data fusion could improve the model precision and was feasible in on-line detection of fungal contamination levels in maize. In further studies, naturally infected maize samples

收稿日期: 2018-06-19

基金项目: “十三五”国家重点研发计划重点专项 (2017YFC1600601); 国家自然科学基金面上项目 (31772061); 浙江省重点研发计划项目 (2018C02050); 国家粮油作物产品质量安全风险专项 (GJFP2018001); 江苏高校优势学科建设工程资助项目 (2014-124); 江苏省农业科技自主创新资金项目 (CX(19)2005)

第一作者简介: 沈飞 (1984—) (ORCID: 0000-0002-8749-7472), 男, 副教授, 博士, 主要从事农产品无损检测技术与装备研究。E-mail: shenfei0808@163.com

and samples contaminated with more representative fungal strains should be considered to enhance the robustness and applicability of the calibration model.

**Keywords:** maize; mold infection; mildew; visible/near infrared spectroscopy; image; data fusion; on-line detection

DOI:10.7506/spkx1002-6630-20180619-355

中图分类号: TS255.7; S379

文献标志码: A

文章编号: 1002-6630 (2019) 16-0274-07

引文格式:

沈飞, 黄怡, 周曰春, 等. 基于光谱和图像信息融合的玉米霉变程度在线检测[J]. 食品科学, 2019, 40(16): 274-280.

DOI:10.7506/spkx1002-6630-20180619-355. <http://www.spkx.net.cn>

SHEN Fei, HUANG Yi, ZHOU Yuechun, et al. On-line detection of mildew degree of maize based on spectral and image information fusion[J]. Food Science, 2019, 40(16): 274-280. (in Chinese with English abstract) DOI:10.7506/spkx1002-6630-20180619-355. <http://www.spkx.net.cn>

玉米是世界三大粮食作物之一,但由于玉米原始水分高、胚部大、吸湿性强、脂肪含量高,使其不耐储藏,在储运期间易受黑曲霉、白曲霉等有害霉菌感染而发生霉变,从而降低玉米品质,甚至产生呕吐毒素、玉米赤霉烯酮等真菌毒素,严重威胁人畜健康<sup>[1-2]</sup>。因此,如果在玉米储藏、运输和加工过程中,能够快速检测出霉变玉米,可以有效剔除霉变产品,避免受污染的玉米作为饲料或者粮食原料进入消费环节,从而维护人畜身心健康。目前,玉米霉菌感染的检测方法主要有干片培养法<sup>[3]</sup>、酶联免疫吸附法<sup>[4-5]</sup>和荧光检测法<sup>[6-7]</sup>等。但这些检测手段普遍存在操作繁琐、检测时间长、成本高等问题,不能满足玉米收购、储运和交易时快速检测要求。近年来,近红外光谱和机器视觉技术作为快速无损技术,已广泛用于水果<sup>[8-10]</sup>、肉类<sup>[11-13]</sup>等各类食品的检测中,在粮食品质<sup>[14-16]</sup>、毒素<sup>[17-19]</sup>检测等方面也开展了一些应用。在玉米分析方面,Chu Xuan等<sup>[20]</sup>利用傅里叶变换近红外光谱技术对150个玉米籽粒进行了检测,根据霉变程度(无症状、中度霉变和重度霉变),采用线性判别分析(liner discriminant analysis, LDA)建立模型,校准和验证集的分类精度分别达91.4%和86.7%。Tallada等<sup>[21]</sup>利用近红外反射光谱和彩色成像对受8种不同真菌感染玉米籽粒进行检测,并根据感染水平进行鉴别,发现近红外(near infrared, NIR)光谱对不同霉变程度样品的判别准确率为89%;而彩色成像能区分75%的未感染和感染玉米籽粒。然而,目前绝大多数研究仍停留在静态检测阶段,在线检测方面亟待进一步深入。此外,近红外光谱技术无法有效获取被测样品的外部信息,且容易受外界光、湿度等的噪音干扰,影响检测精度。图像处理检测技术能通过提取颜色、纹理等外部参数来鉴定是否霉变,但不能准确检验内部损伤、轻微病害感染等内部缺陷。因此,将两种技术融合可以同时获得样品的内外部信息,能够更全面评估样品品质,从而提高方法的可信度。

因此,本研究拟以感染不同种类有害霉菌的玉米样品为研究对象,在线获取不同储藏阶段(0、6、9、12 d

和15 d)玉米样品的可见-近红外光谱和图像信息,并将提取的玉米样品光谱特征波长和图像特征颜色参数进行融合,结合化学计量学手段建立玉米霉变程度的在线识别方法,并定量预测玉米的菌落总数水平,以探索可见-近红外光谱和图像数据融合技术用于有害霉菌感染玉米在线检测的可行性。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料与菌种

2017年新收获玉米样品(苏玉20),经南京航空航天大学辐照中心Co-60辐照(剂量:12 kGy)灭菌后装入无菌塑料密封袋,4℃冷藏,备用。

5种玉米中常见有害霉菌:白曲霉(*Aspergillus candidus*) 182448、层出镰刀菌(*Fusarium proliferatum*) 195647、黑曲霉(*A. niger*) 186380、寄生曲霉(*A. parasiticus*) 3.3950和赭曲霉(*A. ochraceus*) 3.3486,均购于中国北京北纳创联研究院。

### 1.2 仪器与设备

MCS 600型可见-近红外光谱仪、OMK500-H/NIR漫反射探头 德国Zeiss公司。

### 1.3 方法

#### 1.3.1 霉菌孢子悬浮液制备

将5种有害霉菌分别接种在马铃薯葡萄糖琼脂(potato dextrose agar, PDA)培养基上,置于28℃和85%相对湿度(relative humidity, RH)培养箱内进行培养,待霉菌生长产生大量孢子,用无菌水冲洗培养基的表面菌丝,收集孢子悬浮液于100 mL锥形瓶中,依据GB/T 4789.2—2016《食品微生物学检验 菌落总数测定》中的平板计数法<sup>[22]</sup>分别统计5种霉菌孢子悬浮液浓度,并用无菌水调节悬浮液孢子浓度至约 $1 \times 10^5$  CFU/mL,4℃冷藏备用。

#### 1.3.2 玉米样品霉菌接种

称取每份约100 g的灭菌玉米样品共270份,随机分

成6组, 每组45份。玉米霉菌接种步骤为: 在室温20℃条件下, 将玉米样品放置于上方有开孔的灭菌塑料盒(规格: 115 mm×115 mm×65 mm)中, 用移液枪精确移取1 mL霉菌孢子菌液均匀接种于样品上并充分搅拌均匀。每种霉菌各接种45个样品, 5种霉菌共计接种225份样品。剩余45份样品加入1 mL的无菌水作为空白对照组。以上操作均在无菌环境下操作, 接种完毕后转移至6个不同的人工气候箱(28℃和85% RH)中储藏15 d以加速霉变。样品从接种霉菌起, 选取储藏时间节点0、6、9、12 d和15 d, 从对照组和每种霉菌侵染玉米样品中各随机选取9份, 每次共计45份样品, 样品分析前均放于4℃冷藏。

### 1.3.3 玉米样品可见-近红外光谱和图像在线采集

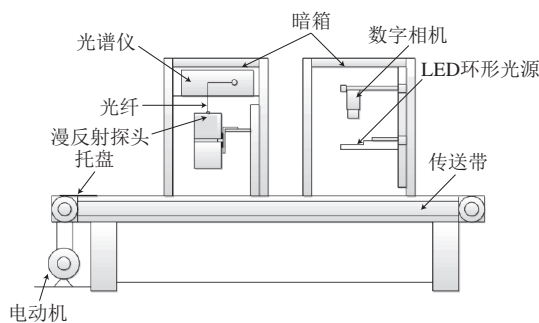


图1 可见-近红外光谱图像在线检测系统示意图

Fig. 1 Schematic diagram of visible/near infrared spectroscopy and image online detection system

图1为可见-近红外光谱和图像在线检测系统示意图, 该系统主要由可见-近红外光纤光谱仪、漫反射探头、数字相机、LED环形光源、遮光箱、传送带和电动机等部分构成。光谱采集步骤如下: 将冷藏的样品置于室温下2 h直至样品达到室温。可见-近红外光谱仪预热30 min。将玉米样品放置于直径90 mm培养皿中并平整, 将培养皿放置于可调速皮带传送带中线位置处, 传送带速率为0.15 m/s。当样品传送至与光谱仪连接的OMK500-H/NIR漫反射探头正下方时采集样品光谱, 采集波长范围为560~1 700 nm, 积分时间20 ms; 每个样品重复装样扫描3次, 取平均光谱进行分析。图像采集步骤如下: 将采集完光谱的样品培养皿放置于传送带(铺黑色不反光摄影布作为背景)中线位置处, 传送带速率为0.15 m/s; 当样品传送至MV-EM120C/M型相机(陕西维视图像公司)正下方时拍摄样品图像, 分辨率为1 280×960像素, 图片以JPEG格式存储。光谱图像采集完毕后, 对所用品参照国标平板计数法进行玉米菌落总数的测定, 将所得结果取对数, 以用于后续建模分析。

### 1.3.4 数据处理与模型构建

采用MATLAB 2015a软件(美国Mathworks公司)对光谱和图像进行处理和建模。首先, 运用平滑和多

元散射校正等方法对光谱进行预处理<sup>[23]</sup>, 并运用正自适应加权算法提取光谱特征波长用于后续模型计算<sup>[24]</sup>。正自适应加权算法是通过自适应重加权采样技术选择出PLS模型中回归系数绝对值大的波长点, 去掉权重小的波长点, 利用交互验证选出交互验证均方根误差(root mean squared error of cross validation, RMSECV)最低的子集, 可有效获得最优变量组合(特征波长)。运用灰度化、二值化处理、形态学运算、边缘检测等, 对图像进行预处理, 去除黑色背景部分的无用信息, 并提取图像的RGB颜色特征参数(红色、绿色、蓝色)和HIS(色调、饱和度、亮度)颜色模型中的各颜色分量均值和方差作为样品的图像特征参数<sup>[25]</sup>。最后将提取的光谱特征波长和图像特征颜色参数融合成玉米样品的总特征参数。其次, 运用主成分分析(principal component analysis, PCA)分析不同霉变程度样品的聚类趋势; 再通过LDA建立不同霉变程度玉米的定性判别模型<sup>[26]</sup>。最后进行偏最小二乘回归(partial least squares regression, PLSR)分析<sup>[27]</sup>时, 将光谱特征波长、图像颜色特征参数及光谱和图像融合特征参数为自变量, 菌落总数作为因变量进行建模。评估PLSR模型性能的指标有: 模型决定系数(correlation coefficient of determination,  $R^2$ )、建模均方根误差(root mean squared error of calibration, RMSEC)和预测均方根误差(root mean squared error of calibration and prediction, RMSEP)、RMSECV和相对分析偏差(residual predictive deviation, RPD)等, 其中RPD为预测集标准偏差与RMSEP的比值<sup>[28]</sup>。模型建立时, 随机选取2/3的样品用于模型构建, 剩余1/3样品用于模型性能验证。

## 2 结果与分析

### 2.1 玉米菌落总数与霉变程度分析

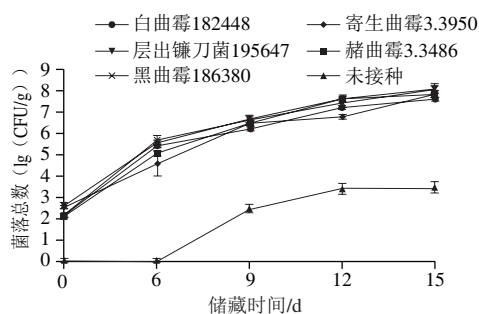


图2 不同储藏阶段玉米样品菌落总数的变化

Fig. 2 Colony counts of control maize samples and samples infected with 5 different fungal species during storage

参考前人研究, 根据菌落总数高低可将玉米样品分为未霉变( $<3.0$  ( $\lg$  (CFU/g)))、霉变( $3.0 \sim$



7.0 ( $\lg$  (CFU/g)) 和严重霉变 ( $>7.0$  ( $\lg$  (CFU/g))) 3 类<sup>[29]</sup>。如图2所示, 接种不同霉菌样品的霉菌菌落总数快速递增, 表明样品霉变程度逐渐加深。不同霉菌的增长速率总体差异不大, 以黑曲霉186380繁殖速率最快, 寄生曲霉3.3950相对滞后。除寄生曲霉3.3950外其他接种样品第12天均已达到严重霉变, 而寄生曲霉3.3950样品第15天才达到严重霉变。而未接种霉菌的对照组样品虽然经过辐照灭菌处理, 但无法做到与周围环境的完全隔离, 其霉菌总数也缓慢增长, 第9天时样品仍处于未霉变状态; 到第12天时开始处于霉变状态 (3.43 ( $\lg$  (CFU/g))), 但仍显著低于同一储藏阶段其他接种霉菌的样品。综上, 尽管不同霉菌的繁殖速率存在差异, 但菌落总数整体呈显著上升趋势, 表明样品中霉菌整体的新陈代谢活动旺盛, 产生大量次级代谢产物, 导致玉米化学组成不断发生变化, 同时样品表面也出现霉变区域, 为基于光谱和图像信息的霉变分析提供了可能。

## 2.2 玉米可见-近红外光谱分析

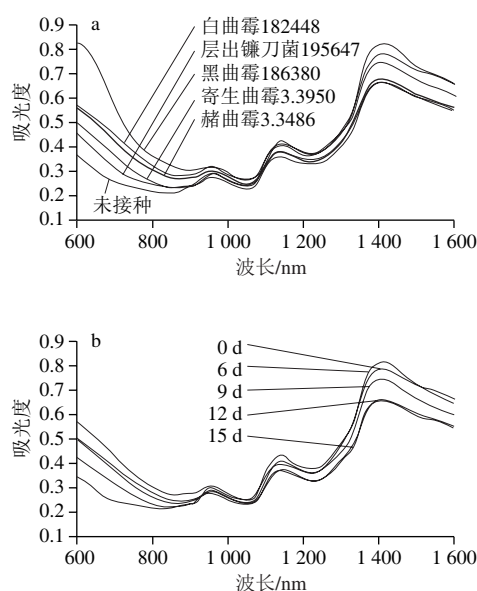


图3 储藏第12天时感染不同霉菌及未接种霉菌玉米 (a) 和感染寄生曲霉3.3950玉米在不同储藏阶段 (b) 的原始平均光谱图

Fig. 3 Average raw spectra of maize samples inoculated or not inoculated with various fungi after storage for 12 days (a) and average raw spectra of maize samples contaminated with *A. parasiticus* 3.3950 strain at different storage times (b)

图3a为储藏第12天时未接种霉菌和感染不同霉菌玉米样品的平均可见-近红外光谱图, 其他储藏阶段的光谱特征与之类似。感染不同霉菌的样品光谱在600~1 600 nm波长范围内整体相似, 存在许多典型的共有光谱, 主要吸收峰位于962、1 143 nm和1 411 nm波长处, 分别对应于蛋白质、氨基酸和淀粉中N—H和C—H

基团的二级振动、水中O—H基团的一级基频振动等<sup>[30]</sup>。在600~1 200 nm范围内, 接种不同霉菌样品的光谱吸光度普遍高于未接种样品的吸光度。在1 200~1 600 nm范围内, 除层出镰刀菌组样品外, 接种其他霉菌样品的光谱吸光度均低于未接种样品的吸光度。图3b为受寄生曲霉3.3950感染的玉米样品在不同储藏阶段的平均光谱图。感染其他霉菌样品的光谱差异与之类似, 故未列出。观察可知, 随着储藏时间的延长, 玉米样品的吸光度在962、1 143 nm和1 411 nm等波长处主要吸收峰处呈递减趋势。结果表明, 随着霉变程度的加深, 霉菌侵染引起的玉米物理和化学变化越来越显著, 从而玉米光谱呈现一定的规律性变化。

## 2.3 玉米图像信息分析

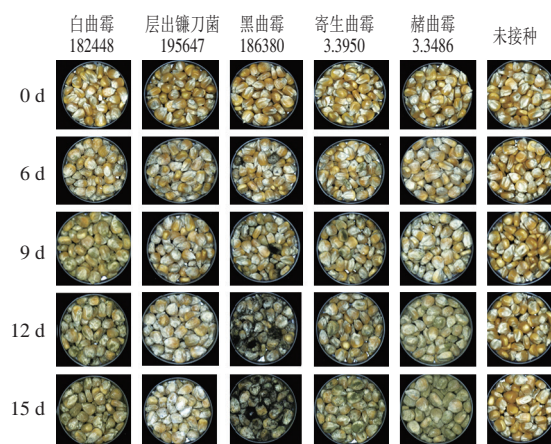


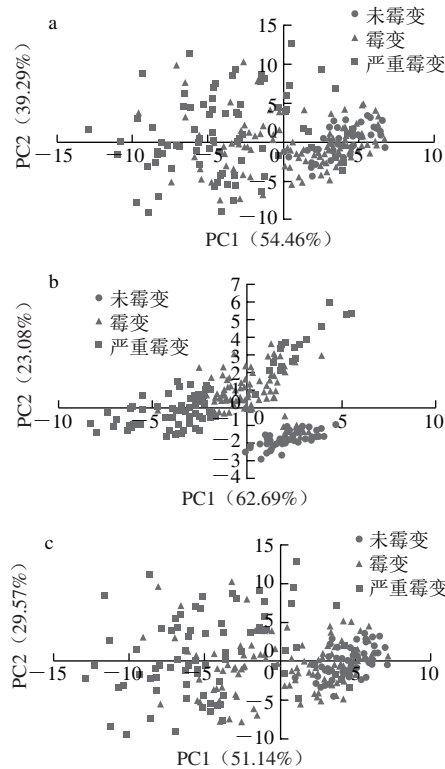
图4 不同储藏阶段感染不同霉菌及未接种霉菌玉米样品原始图像  
Fig. 4 Original images of maize samples inoculated or not inoculated with various fungi at different storage times

由图4可知, 随着储藏时间的延长, 接种霉菌的玉米样品表面颜色发生明显变化, 受不同霉菌侵染的样品的图像特征随着储藏阶段的进行差异也越来越显著。第0天感染不同霉菌和未接种霉菌玉米表面均鲜艳有光泽, 第9天接种不同霉菌玉米样品表面发生了明显的颜色暗淡、光泽度降低等变化, 第12天开始接种霉菌的样品已经严重霉变, 样品几乎都被菌丝覆盖, 接种寄生曲霉3.3950样品霉变程度低于接种其他4种霉菌的样品, 表面霉变区域较少。第15天所有接种霉菌样品均已达到严重霉变。

## 2.4 PCA结果

分别利用光谱特征波长、图像特征颜色参数及光谱和图像融合特征参数, 未接种和接种不同霉菌玉米样品不同霉变程度 (未霉变、霉变和严重霉变) 的主成分得分如图5所示。所运用的光谱和图像特征数如表1所示。2个主成分贡献之和在80.71%~93.75%之间, 尽管不同霉变程度样品在得分图上的分布区域有部分重叠, 但整体上仍存在一定聚类趋势。结果表明, 随着储藏时间的延长, 霉菌繁殖和代谢导致玉米样品的光谱和图像产生

了系统性变化,为进一步的判别分析提供了基础。利用光谱特征波长及利用光谱和图像融合特征参数的聚类趋势略低于单独利用图像特征颜色参数效果。未霉变和霉变样品重叠较多,这可能是由于第12、15天时未接种样品霉变程度较低,与接种霉菌样品出现部分重叠。



a.光谱特征波长; b.图像特征颜色参数; c.光谱及图像融合特征参数。  
图5 未接种和感染不同霉菌的小麦样品随霉变程度的主成分得分图  
Fig.5 PCA score plots of control and infected maize samples in terms of mildew degree

2.5 不同霉变程度(储藏阶段)玉米样品LDA结果

将玉米样品依据霉变程度划分为3类(未霉变、霉变和严重霉变),分别运用光谱特征波长、图像特征颜色参数及光谱和图像融合信息建立不同霉变程度玉米样品的LDA模型见表1, LDA模型能较好区分不同霉变程度单一霉菌侵染样品,基于光谱特征波长对不同霉变程度样品的建模集准确率均为100%,预测集准确率均在

86.7%以上。基于图像特征颜色参数对不同霉变程度样品的建模集准确率除对照组(96.7%)外均为100%,预测集准确率均在86.7%以上。其中对照组样品霉变程度不明显导致样品颜色无较大改变,从而判别准确率较低。基于光谱和图像融合特征参数对不同霉变程度样品的建模集和预测集准确率均为100%。当然,受单一霉菌侵染的模型样本集还较为有限(建模集30个样品,预测集15个样品),还需要进一步补充样品数量提高模型的稳健性。进一步,当对未接种和接种不同霉菌的全部270个样品进行综合建模时,基于光谱和图像融合信息的模型同样取得了较优的效果,建模集和预测集准确率分别为98.3%和91.1%,比单独应用光谱和图像时的准确率分别提高4.4%和8.9%。结果说明,随着储藏过程的进行,样品霉变程度加深,可见-近红外光谱融合图像可有效获取样品的内部和外部整体差异信息,在区分样品霉变程度时展现更高的精度优势。

表1 不同霉变程度玉米样品LDA模型判别结果  
Table 1 LDA discrimination results of maize samples with different mildew degrees

霉菌	建模/预测样本数	特征参数数量 (光谱/图像/融合)	建模集准确率/% (光谱/图像/融合)	预测集准确率/% (光谱/图像/融合)
白曲霉182448	30/15	9/12/21	100/100/100	93.3/100/100
层出镰刀菌195647	30/15	9/12/21	100/100/100	100/93.3/100
黑曲霉186380	30/15	6/12/18	100/100/100	100/93.3/100
寄生曲霉3.3950	30/15	9/12/21	100/100/100	93.3/100/100
赭曲霉3.3486	30/15	9/12/21	100/100/100	86.7/93.3/100
对照组	30/15	7/12/19	100/96.7/100	100/86.7/100
所有菌株+对照	180/90	57/12/69	94.4/83.9/98.3	86.7/82.2/91.1

2.6 玉米样品霉菌菌落总数PLSR定量预测

PLSR建模方法分别以光谱特征波长吸光度、图像颜色特征参数及光谱和图像融合特征参数为自变量,玉米样品菌落总数为因变量,选取2/3样品作为建模集,剩余1/3样品作为验证预测集,其定量分析统计结果如表2所示。 $R^2_c/R^2_p$ 值、RPD值越大和RMSEP值越小模型性能较优<sup>[31]</sup>。由表2可知,基于光谱特征波长吸光度、图像颜色特征参数和光谱及图像融合信息对受单一霉菌侵染的玉米样品进行建模和预测时, $R^2_c$ 和 $R^2_p$ 分别高于0.920和0.890, RMSEC低于0.522 (lg (CFU/g)), RMSEP

表2 玉米中霉菌总数PLSR模型预测分析结果  
Table 2 Predicted results of colony forming units in maize samples by PLSR model

霉菌	建模/预测 样本数	特征参数数量 (光谱/图像/ 融合)	$R^2_c$ (光谱/图像/ 融合)	RMSEC (lg (CFU/g)) (光谱/图像/融合)	因子数 (光谱/图像/ 融合)	$R^2_p$ (光谱/图像/ 融合)	RMSEP (lg (CFU/g)) (光谱/图像/融合)	斜率 (光谱/图像/ 融合)	RMSECV (lg (CFU/g)) (光谱/图像/融合)	RPD (光谱/ 图像/融合)
白曲霉182448	30/15	26/12/38	0.982/0.983/0.987	0.2302/0.255/0.223	10/7/5	0.977/0.974/0.978	0.318/0.318/0.308	0.972/1.018/0.929	0.399/0.366/0.313	6.74/6.14/6.58
层出镰刀菌195647	30/15	36/12/48	0.950/0.953/0.967	0.359/0.416/0.353	12/6/9	0.945/0.926/0.943	0.614/0.589/0.494	1.071/0.826/0.880	1.109/0.555/1.068	2.97/3.52/4.08
黑曲霉186380	30/15	14/12/26	0.986/0.977/0.991	0.236/0.315/0.196	12/6/14	0.955/0.957/0.943	0.503/0.620/0.618	0.940/0.977/0.954	0.441/0.430/0.582	4.37/3.59/3.61
寄生曲霉3.3950	30/15	15/12/27	0.970/0.920/0.963	0.306/0.522/0.362	8/7/9	0.953/0.914/0.930	0.617/0.606/0.505	0.877/0.996/0.854	0.510/0.751/0.722	3.32/3.25/3.74
赭曲霉3.3486	30/15	17/12/29	0.975/0.964/0.968	0.249/0.402/0.394	15/9/7	0.935/0.958/0.890	0.723/0.563/0.728	1.129/1.000/0.932	0.703/0.819/0.720	3.18/3.79/3.06
所有菌株+对照	168/84	36/12/48	0.860/0.912/0.901	0.648/0.613/0.663	15/10/8	0.851/0.889/0.894	0.823/0.717/0.665	0.741/0.909/0.853	0.853/0.658/0.739	2.46/2.93/3.06

值也较小(0.313~0.728 (lg (CFU/g)))。对单一霉菌进行交互验证时, 所得RMSECV值也偏低, 均小于1.109 (lg (CFU/g))。除基于光谱特征波长的层出镰刀菌195647组外, 其余各组模型的RPD值均大于3.0, 表明模型具有定量分析应用潜力。对所有霉菌侵染的225份玉米样品和27份菌落总数不为0的对照组样品综合建立PLSR分析模型, 共252个样品参与建模。结果表明, 3个模型的预测集的 $R_p^2$ 值分别为0.851、0.889和0.894, RMSEP分别为0.823、0.717、0.665 (lg (CFU/g)), RPD值分别为2.46、2.93和3.06。从结果可以看出, 基于光谱及图像融合特征参数建立的PLSR模型效果普遍优于单一光谱和图像技术建立的模型效果, 表明该模型鲁棒性较好, 预测精度高, 可用于定量分析。图6为基于光谱特征波长吸光度、图像颜色特征参数和光谱特征波长及图像特征参数融合信息的所有252个玉米样品菌落总数实测值与光谱预测值的相关关系图, 样品均分布于中心线两侧, 表明两者具有较高的相关性。由于样品来源的差异性, 模型性能略有下降, 但RPD值仍较高, 表明模型具有一定的实际检测能力。

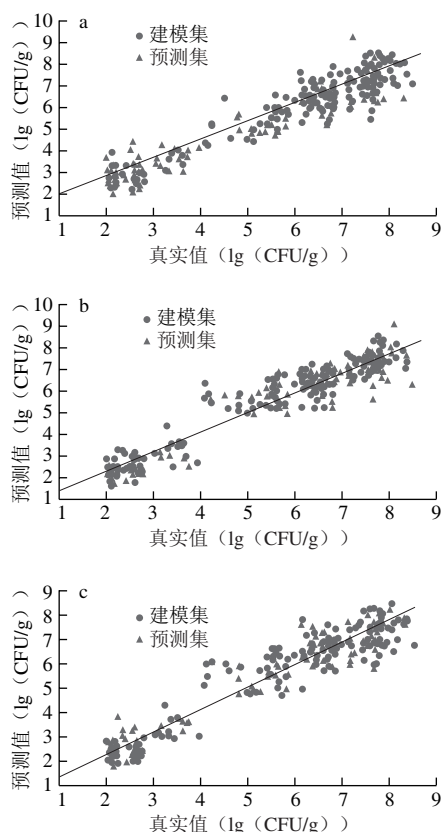


图6 玉米样品中菌落总数与光谱特征波长(a)、图像特征颜色参数(b)和光谱和图像融合特征参数(c)预测值的相关关系

Fig. 6 Correlation between actual colony counts in maize samples and predictions from characteristic wavelengths (a), image color feature parameters (b) and data fusion (c)

### 3 结论

可见-近红外光谱可在线获取不同霉变程度玉米样品内部有机分子的基频振动信息, 而机器视觉技术可实时获得样品外部的可见光图像信息, 两类信息具有不同的来源和属性。本研究的结果表明, PCA、LDA和PLSR等多元统计方法可以有效融合样品的光谱和图像信息, 实现其内部与外部信息的综合利用, 从而提升在线检测结果的准确性和可信度。当然, 本研究仅实现了样品信息的在线采集, 将来还需要在检测软件开发、模型嵌入和模型调用等方面进一步研究, 以实现真正的在线检测。另一方面, 还需要不断补充更多受不同霉菌侵染的玉米样品, 以增强模型的稳健性和方法适用性。

### 参考文献:

- [1] 王若兰, 赵炎, 张令, 等. 玉米霉变与其图像颜色特征参数之间的相关性研究[J]. 粮食与饲料工业, 2015(2): 13-16. DOI:10.7633/j.issn.1003-6202.2015.02.004.
- [2] WANG J. Design of automatic mildew image detection system for corn grain[J]. Revista de la Facultad de Ingeniería, 2016, 31(6): 204-218. DOI:10.21311/002.31.6.21.
- [3] TERAMURA H, USHIYAMA M, OGIHARA H. Evaluation of a novel dry sheet culture method (Sanita-kunR) for rapid enumeration of yeasts and molds in foods[J]. Journal of Microbiological Methods, 2015, 109: 16-19. DOI:10.1016/j.mimet.2014.11.017.
- [4] 陈福生, 罗信昌. 酶联免疫吸附法快速检测储存粮食中的污染曲霉[J]. 中国粮油学报, 1999, 14(1): 51-54. DOI:10.3321/j.issn:1003-0174.1999.01.013.
- [5] DONG G, PAN Y, WANG Y, et al. Preparation of a broad-spectrum anti-zearalenone and its primary analogues antibody and its application in an indirect competitive enzyme-linked immunosorbent assay[J]. Food Chemistry, 2018, 247: 8-15. DOI:10.1016/j.foodchem.2017.12.016.
- [6] TANAKA K, YAMAGUCHI N, BABA T, et al. Rapid enumeration of low numbers of moulds in tea based drinks using an automated system[J]. International Journal of Food Microbiology, 2011, 145(1): 365-369. DOI:10.1016/j.ijfoodmicro.2011.01.012.
- [7] ZHANG F, LIU B, SHENG W, et al. Fluoroimmunoassays for the detection of zearalenone in maize using CdTe/CdS/ZnS quantum dots[J]. Food Chemistry, 2018, 255: 421-428. DOI:10.1016/j.foodchem.2018.02.060.
- [8] MCGLONE V A, JORDAN R B, MARTINSEN P J. Vis/NIR estimation at harvest of pre-and post-storage quality indices for 'Royal Gala' apple[J]. Postharvest Biology and Technology, 2002, 25(2): 135-144. DOI:10.1016/S0925-5214(01)00180-6.
- [9] SHAHIN M A, TOLLNER E W, MCCLENDON R W, et al. Apple classification based on surface bruises using image processing and neural networks[J]. Transactions of the ASAE, 2002, 45(5): 1619. DOI:10.13031/2013.11047.
- [10] 刘燕德, 施宇, 蔡丽君, 等. 基于CARS算法的脐橙可溶性固形物近红外在线检测[J]. 农业机械学报, 2013, 44(9): 138-144. DOI:10.6041/j.issn.1000-1298.2013.09.025.
- [11] TØGERSEN G, ARNESEN J F, NILSEN B N, et al. On-line prediction of chemical composition of semi-frozen ground beef by



- non-invasive NIR spectroscopy[J]. Meat Science, 2003, 63(4): 515-523. DOI:10.1016/S0309-1740(02)00113-4.
- [12] LI J, TAN J, MARTZ F A, et al. Image texture features as indicators of beef tenderness[J]. Meat Science, 1999, 53(1): 17-22. DOI:10.1016/S0309-1740(99)00031-5.
- [13] UDDIN M, OKAZAKI E, TURZA S, et al. Non-destructive visible/NIR spectroscopy for differentiation of fresh and frozen-thawed fish[J]. Journal of Food Science, 2005, 70(8): c506-c510. DOI:10.1111/j.1365-2621.2005.tb11509.x.
- [14] SU W H, HE H J, SUN D W. Non-destructive and rapid evaluation of staple foods quality by using spectroscopic techniques: a review[J]. Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 2017, 57(5): 1039-1051. DOI:10.1080/10408398.2015.1082966.
- [15] CHOPDE S, PATIL M R, ADIL S, et al. Developments in computer vision system, focusing on its applications in quality inspection of fruits and vegetables: a review[J]. Agricultural Reviews, 2017, 38(2): 94-102. DOI:10.18805/ag.v38i02.7940.
- [16] WANG W, PALIWAL J. Near-infrared spectroscopy and imaging in food quality and safety[J]. Sensing and Instrumentation for Food Quality and Safety, 2007, 1(4): 193-207. DOI:10.1007/s11694-007-9022-0.
- [17] WANG W, HEITSCHMIDT G W, WINDHAM W R, et al. Feasibility of detecting aflatoxin B<sub>1</sub> on inoculated maize kernels surface using Vis/NIR hyperspectral imaging[J]. Journal of Food Science, 2015, 80(1). DOI:10.1111/1750-3841.12728.
- [18] 张楠楠, 刘伟, 王伟, 等. 玉米霉变及黄曲霉毒素的图像处理检测方法[J]. 中国粮油学报, 2014, 29(2): 82-88.
- [19] WANG W, NI X, LAWRENCE K C, et al. Feasibility of detecting aflatoxin B<sub>1</sub> in single maize kernels using hyperspectral imaging[J]. Journal of Food Engineering, 2015, 166: 182-192. DOI:10.1016/j.jfoodeng.2015.06.009.
- [20] CHU X, WANG W, YUAN Y, et al. Detection of mildew maize kernels using FT-NIR spectroscopy[C]//2014 Montreal, Quebec Canada July 13-July 16, 2014. American Society of Agricultural and Biological Engineers, 2014: 1.
- [21] TALLADA J G, WICKLOW D T, PEARSON T C, et al. Detection of fungus-infected corn kernels using near-infrared reflectance spectroscopy and color imaging[J]. Transactions of the ASABE, 2011, 54(3): 1151-1158. DOI:10.13031/2013.37090.
- [22] 国家卫生和计划生育委员会, 国家食品药品监督管理总局. 食品微生物学检验 菌落总数测定: GB/T 4789.2—2016[S]. 北京: 中国标准出版社, 2016.
- [23] ZEAITER M, ROGER J M, BELLON-MAUREL V. Robustness of models developed by multivariate calibration. Part II: the influence of pre-processing methods[J]. Trac-Trends in Analytical Chemistry, 2005, 24: 437-445. DOI:10.1016/j.trac.2004.11.023.
- [24] LI H, LIANG Y, XU Q, et al. Key wavelengths screening using competitive adaptive reweighted sampling method for multivariate calibration[J]. Analytica Chimica Acta, 2009, 648(1): 77-84. DOI:10.1016/j.aca.2009.06.046.
- [25] 赵炎, 张乃建, 王若兰. 霉变玉米真菌毒素含量与图像颜色特征参数之间的相关性研究[J]. 粮食与饲料工业, 2015(12): 21-26.
- [26] BERRUETA L A, ALONSO-SALCES R M, HEBERGER K. Supervised pattern recognition in food analysis[J]. Journal of Chromatography A, 2007, 1158: 196-214. DOI:10.1016/j.chroma.2007.05.024.
- [27] CUI C, FEARN T. Comparison of partial least squares regression, least squares support vector machines, and Gaussian process regression for a near infrared calibration[J]. Journal of Near Infrared Spectroscopy, 2017, 25(1): 5-14. DOI:10.1177/0967033516678515.
- [28] SHEN F, WU Q, SHAO X, et al. Non-destructive and rapid evaluation of aflatoxins in brown rice by using near-infrared and mid-infrared spectroscopic techniques[J]. Journal of Food Science and Technology, 2018, 55(3): 1175-1184. DOI:10.1007/s13197-018-3033-1.
- [29] 赵炎. 基于计算机图像处理技术的霉变玉米检测研究[D]. 郑州: 河南工业大学, 2015.
- [30] 赵海燕, 郭波莉, 魏益民, 等. 近红外光谱对小麦产地来源的判别分析[J]. 中国农业科学, 2011, 44(7): 1451-1456. DOI:10.3864/j.issn.0578-1752.2011.07.018.
- [31] GENISHEVA Z, QUINTELAS C, MESQUITA D P, et al. New PLS analysis approach to wine volatile compounds characterization by near infrared spectroscopy (NIR)[J]. Food Chemistry, 2018, 46: 172-178. DOI:10.1016/j.foodchem.2017.11.015.