近红外光谱快速测定乳化香肠的化学成分

史智佳，臧明伍，吕　玉，乔晓玲*
(中国肉类食品综合研究中心，北京　100068)

摘　要：对乳化香肠中脂肪、蛋白质和水分含量的近红外光谱快速检测技术进行研究。光谱经过校正处理和范围优选，采用偏最小二乘法建立脂肪、蛋白质和水分的定量分析模型。统计结果显示，脂肪的定量分析模型的决定系数(R^2)、内部交互验证校正标准偏差(RMSECV)、预测标准偏差(RMSEP)和外部验证交互检验相对标准偏差(RPD)分别为0.9867、0.556%、1.25%和3.98；蛋白质的定量分析模型的R^2、RMSECV、RMSEP和RPD分别为0.9723、0.28%、0.59%和2.83；水分的定量分析模型的R^2、RMSECV、RMSEP和RPD分别为0.9905、0.428%、1.15%和3.85。这说明所建定量分析模型具有良好的分析精度和稳定性，可以用于乳化香肠中脂肪、蛋白质和水分的检测。

关键词：乳化香肠；近红外光谱；快速检测；定量模型

Rapid Determination of Chemical Constituents in Emulsion-Type Sausage by Near-Infrared Diffuse Reflectance Spectroscopy

SHI Zhi-jia，ZANG Ming-wu，LÜ Yu，QIAO Xiao-ling*
(China Meat Research Center, Beijing　100068, China)

Abstract：This study reports on the application of near-infrared (NIR) diffuse reflectance spectroscopy for rapid determination of fat, protein and water in emulsion-type sausage. After the original spectra were calibrated and the optimum range was selected, partial least-squares model (PLS) models for quantitative analysis of fat, protein and water were developed. The statistical data showed that the determination coefficient (R^2), root mean square error of cross validation (RMSECV), root mean square error of prediction (RMSEP) and residual prediction deviation (RPD) for the quantitative analysis model of fat were 0.9867, 0.556%, 1.25% and 3.98; the values of R^2, RMSECV, RMSEP and RPD were 0.9723, 0.28%, 0.59% and 2.83 for protein; and 0.9905, 0.428%, 1.15% and 3.85 for water, respectively. The results prove that the quantitative analysis models have good precision and stability, and can be used for rapid detection of fat, protein and water in emulsion-type sausage.

Key words：emulsion-type sausage；NIR spectroscopy；rapid determination；quantitative model
中图分类号：TS251.7　　文献标志码：A　　文章编号：1002-6630(2013)18-0175-05
doi:10.7506/spkx1002-6630-201318035

近红外光谱是指波长范围为780～2526nm，介于可见光谱区和中红外光谱区之间的电磁波，对应于分子振动的倍频和组合频，它通常受含氢基团如C—H、N—H、O—H的倍频和合频的重叠主导，所以在NIR光谱区域，主要测量含氢基团X—H振动的倍频和合频吸收[1-3]。由于肉类中的大多数有机化合物如蛋白质、脂肪、有机酸、碳水化合物等含有不同的含氢基团，所以可以通过分析其近红外光谱确定不同物质的含量。

近红外光谱分析技术已经在牛、羊、猪、鸡等畜禽生鲜肉组分定量检测中进行了广泛的研究，主要集中于粗蛋白质、肌间脂肪、干物质、灰分、水分、总能量、肌红蛋白和胶原蛋白等物质[4-13]，均取得了较好的效果。刘晓晔等[14]还将近红外光谱分析技术用于普通公牛肉和淘汰母牛肉的鉴别，采用偏最小二乘判别分析法(PLS-DA)建立了两个产地普通公牛肉和淘汰母牛肉的鉴别模型的预测准确率分别达到96%和90%。在肉制品中，Ortiz-Somovilla[15]和Gaitan-Jurado[16]等分别研究了猪肉香肠和干腌猪肉香肠中蛋白质、脂肪和水分的近红外定量分析技术，效果良好；赵丽丽等[17]应用近红外光谱分析技术定量检测腌腊肉制品的酸价和水分的含量，同样取得的很好的效果。但整体而言，近红外光谱在肉制品组分定量检测中的应用研究非常少。乳化香肠是以畜禽肉为主要原料，经过绞碎、腌制、斩拌乳化、灌肠、蒸煮、烟熏等工艺制成的中低温西式肉制品[18]，在肉制品

收稿日期：2013-04-18
基金项目：国家公益性行业(农业)科研专项(200903012)
作者简介：史智佳(1982—)，男，工程师，硕士，主要从事肉类制品加工及质量安全控制研究。E-mail：szj2006@sina.com
*通信作者：乔晓玲(1964—)，女，教授级高级工程师，本科，主要从事肉品科学和加工技术研究。E-mail：cmecsen@126.com

市场上占据重要地位。乳化香肠的蛋白质、脂肪和水分等组分含量信息，是评判产品品质的重要依据。为了快速获得乳化香肠的有效信息，本实验进行近红外光谱分析技术快速检测乳化香肠的组分含量的应用研究。

1 材料与方法

1.1 材料与试剂

猪通脊肉、猪背脂 北京市第五肉类联合加工厂；乙醚、浓硫酸、硫酸钾、硫酸铜、盐酸、氢氧化钠、硼酸、甲基红/溴甲酚绿混合指示剂(均为分析纯) 北京北北精细化学品有限公司；亚硝酸钠(食品级) 北京北方霞光食品添加剂有限公司；香辛料(食品级) 德国BK公司；三聚磷酸钠(食品级) 北京美添前景科技有限公司；VC-Na(食品级) 北京嘉康源科技发展有限公司；大豆分离蛋白 吉林不二蛋白有限公司。

1.2 仪器与设备

MPA傅里叶变换近红外光谱仪(配有漫反射积分球、Version 7.0 OPUS光谱处理软件) 德国布鲁克光谱仪器公司；FSP-625组织捣碎机 日本Nihonseiki Kaisha公司；TA-XT plus质构仪 英国Stable Micro System公司；Cutter K20 Ras V斩拌机和WH82绞肉机 德国赛德曼机械制造公司；BYXX-50全自动烟熏箱 杭州艾博机械工程有限公司；OSCAR 20真空灌肠机 德国海因里希弗雷机械制造有限公司；DZ-600/2S型真空包装机 山东小康机械有限公司。

1.3 方法

1.3.1 乳化香肠的制备

按照原料肉→解冻→修割→绞制→斩拌(过程中分步加入盐类、辅料和脂肪)→真空灌肠→煮制→冷却包装的工艺，将不同比例的通脊肉、脂肪、水、大豆分离蛋白等原辅料加工制成乳化香肠，包装后置于4℃冷库中贮藏备用。

1.3.2 理化指标的测定

水分的测定：参照GB/T 9695.15—2008《肉与肉制品：水分含量测定》；脂肪的测定：参照GB/T 9695.7—2008《肉与肉制品：总脂肪含量测定》；蛋白质的测定：参照GB/T 9695.11—2008《肉与肉制品：氮含量测定》。

1.3.3 近红外光谱的采集

于实验前一晚将乳化香肠从冷藏库中取出，使用组织捣碎机将其粉碎。将粉碎所得肉糜铺满聚苯乙烯表面皿，并置于可旋转水平样品台，使用镀金漫反射积分球采集其漫反射近红外光谱。光谱采集范围4000～12000cm^{-1}，扫描次数64次，分辨率8cm^{-1}。为了避免装样对近红外光谱采集的影响，每个样品重复装样2次。

1.3.4 定量分析模型的建立及评价

近红外光谱的处理分析使用Version 7.0 OPUS光谱处理软件。通过对原始光谱的校正处理、波长范围优选，最终建立偏最小二乘法(partial least square，PLS)定量分析模型。

传统观点认为PLS具有较强的抗干扰能力，可全波长参与多元校正模型的建立。但随着对PLS的深入研究和应用发现，通过特定方法筛选特征波长或波长区间有可能得到更好的定量校正模型[19]，其不但可以简化模型，还可以剔除不相关或非线性变量，提高模型的预测能力和稳健性。在绝大多数情况下，波长的筛选只需确定一个范围即可满足提高模型质量的要求，无需寻找单点光谱数据。确定最佳波长范围的方法则是列举全部有意义的波长范围分别进行PLS回归分析，然后根据交互验证标准偏差(RMSECV)进行优选。

近红外光谱校正方法有很多种，常用的主要有求导法、多元散射校正(multiplicative scatter correction，MSC)、卷积平滑法(savitzky-golay，SG)、矢量归一化(standard normal variate transformation，SNV)等。MSC主要是消除颗粒分布不均匀及颗粒大小产生的散射影响，增强与成分含量相关的光谱吸收，在固体漫反射和浆状物透(反)射光谱中应用较为广泛。SNV的作用与MSC基本一致，主要是用来消除固体颗粒大小、表面散射以及光程变化对NIR漫反射光谱的影响[19-20]。光谱求导法校正可有效地除去基线和其他背景的干扰，分辨重叠峰，提高分辨率和灵敏度[19]，其中一阶导数和二阶导数最为常用。但为了消除光谱变换带来的噪声，常在求导前需对原始光谱进行平滑处理。SG是消除噪声最常用的一种方法，其本质是对光谱曲线进行低通滤波，去掉高频成分，保留有用低频信息[21]。

模型在建立和外部验证过程中，通常根据决定系数(R^2)、内部交互验证标准偏差(root mean square error of cross validation，RMSECV)、外部检验预测标准偏差(root mean square error of prediction，RMSEP)和交互检验相对标准偏差(residual prediction deviation，RPD)对其质量进行评价，以选取最优的参数。

决定系数(R^2)值反映因变量(吸光度)和自变量(成分含量)之间相关的密切程度。R^2值越接近于1，说明自变量对因变量的解释程度越高，自变量引起的变异占总变异的比例越高，模型的准确度越高。RMSECV为交互验证标准偏差，其计算公式为：

$$\mathrm{RMSECV}=\sqrt{\frac{\sum_{i=1}^{n}(y_{i,\mathrm{actual}}-y_{i,\mathrm{predicted}})^2}{n-1}}$$

式中：$y_{i,\mathrm{actual}}$为第i个样品参考方法的测定值；$y_{i,\mathrm{predicted}}$

为用所建模型对校正集中第i个样品的预测值；n为校正集的样品数。RMSECV越小，表明模型的回归性越好。RMSEP为预测标准偏差。按照概率统计，通过RMSEP可以估计出预测值与参考方法实际值的之间的偏差。如光谱方法的预测值为$\hat{y}$，则参考方法实际值落在[$\hat{y}$±SEP]范围的概率为67%左右，落在[$\hat{y}$±2×SEP]范围的概率为95%左右[19]。因此，RMSEP值越小，结果越准确。RPD为验证集标准偏差与预测标准偏差的比值。通常认为，如果RPD≥3.0，说明定标效果良好，建立的定标模型可以用于实际检测；如果2.5＜RPD＜3.0，说明利用NIR对该成分进行定量分析是可行的，但预测精度有待于提高；如果RPD＜2.5，则说明该成分难于进行NIRS定量分析[22]。

2 结果与分析

2.1 乳化香肠组分分析及图谱采集结果

乳化香肠样品共计46个，其中校正集34个，验证集12个。所有样品的脂肪含量介于10.5%～29.7%，蛋白质含量介于10.2%～18.5%，水分含量介于52.2%～73.6%，统计结果见表1。乳化香肠原始的近红外光谱如图1所示。

表1 样品中脂肪、蛋白质和水分含量

Table 1 Chemical analyses of fat, protein and water in samples

成分	脂肪	蛋白质	水分
最小值/%	10.5	10.2	52.2
最大值/%	29.7	18.5	73.6
平均值/%	23.17	12.60	60.49
标准偏差/%	5.68	1.84	4.72
方差	32.24	3.37	22.28

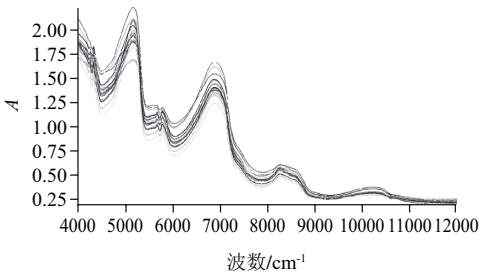


图1 乳化香肠的原始近红外光谱

Fig.1 Original NIR spectra of emulsion-type sausage

2.2 近红外光谱的校正

由于近红外光谱除含有乳化香肠化学成分信息外，还包括各种仪器噪声，如高频随机噪声、基线漂移、杂散光、样品背景等。因此，在数据进行分析前，应对光谱进行校正，消除(或减弱)各种非目标因素对光谱的影响，为稳定、可靠的校正模型建立奠定基础。不同的光谱预处理方法对建立的定量分析模型的分析精度有着不同的影响。本实验研究了MSC、SNV、一阶导数＋SG、二阶导数＋SG、一阶导数＋SG＋SNV和一阶导数＋SG＋MSC六种光谱校正方法和组合对全光谱(4000～12000cm^{-1})PLS回归模型的影响。

表2 不同的光谱校正方法和窗口宽度对全光谱PLS模型效果的影响

Table 2 Effects of different spectral pre-processing methods and Savitky-Golay smoothing with different smoothing points on NIR mathematic models

光谱校正	窗口宽度	脂肪			蛋白质			水分		
		R^2	RMSECV/%	RPD	R^2	RMSECV/%	RPD	R^2	RMSECV/%	RPD
MSC	/	0.9789	0.7	6.88	0.8638	0.621	2.72	0.9733	0.715	6.13
SNV	/	0.9794	0.691	6.97	0.8650	0.618	2.73	0.9739	0.708	6.19
SG+一阶导数	5	0.9557	1.01	4.75	0.8715	0.603	2.80	0.8687	1.59	2.76
	9	0.951	1.07	4.52	0.9078	0.511	3.31	0.88	1.52	2.89
	13	0.9519	1.06	4.56	0.907	0.513	3.31	0.8765	1.54	2.85
	17	0.9524	1.05	4.58	0.9048	0.519	3.28	0.8736	1.56	2.82
	21	0.9526	1.05	4.60	0.9015	0.528	3.22	0.8663	1.60	2.75
	25	0.6528	1.05	4.60	0.9	0.532	3.19	0.8586	1.65	2.67
SG+二阶导数	9	0.9571	0.997	4.84	0.6757	0.959	1.76	0.8323	1.79	2.45
	13	0.9556	1.01	4.75	0.8472	0.658	2.57	0.8533	1.68	2.61
	17	0.949	1.09	4.44	0.8794	0.585	2.90	0.872	1.57	2.79
	21	0.9525	1.05	4.59	0.9049	0.519	3.27	0.8903	1.45	3.02
	25	0.9541	1.03	4.67	0.9101	0.505	3.37	0.8853	1.48	2.96
SG+SNV+一阶导数	5	0.944	1.14	4.23	0.9393	0.415	4.07	0.9569	0.91	4.82
	9	0.9545	1.03	4.69	0.957	0.349	4.83	0.9533	0.947	4.63
	13	0.9592	0.972	4.96	0.9609	0.333	5.06	0.9483	0.996	4.41
	17	0.9598	0.965	4.99	0.9549	0.358	4.71	0.9458	1.02	4.31
	21	0.9597	0.966	4.98	0.9548	0.358	4.73	0.9529	0.95	4.62
	25	0.9593	0.971	4.96	0.9594	0.339	5.00	0.9511	0.968	4.53
SG+MSC+一阶导数	5	0.9488	1.09	4.42	0.9321	0.439	3.84	0.9474	1.0	4.36
	9	0.9592	0.972	4.95	0.9532	0.364	4.63	0.9416	1.06	4.15
	13	0.9635	0.920	5.24	0.9577	0.346	4.87	0.9397	1.08	4.08
	17	0.9639	0.915	5.26	0.9561	0.353	4.79	0.9404	1.07	4.11
	21	0.9636	0.918	5.24	0.9602	0.336	5.04	0.9414	1.06	4.14
	25	0.9631	0.925	5.21	0.9576	0.347	4.88	0.9425	1.05	4.18

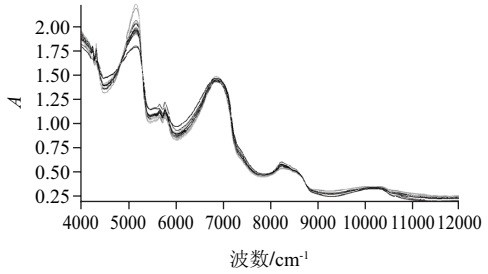


图2 MSC预处理乳化香肠近红外光谱图

Fig.2 NIR spectra of emulsion-type sausage obtained by MSC pre-processing

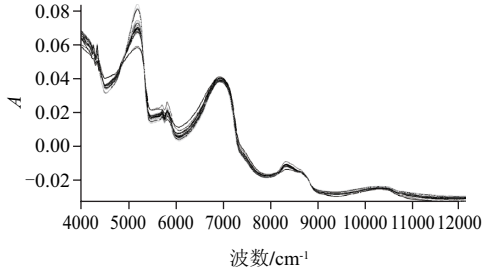


图3 SNV预处理乳化香肠近红外光谱图

Fig.3 NIR spectra of emulsion-type sausage obtained by SNV pre-processing

将经过MSC和SNV校正过的光谱进行全光谱PLS回归，其留一法的内部交互验证结果如表2所示。光谱经过MSC和SNV校正后分别建立的全光谱PLS回归模型，其决定系数(R^2)、交互验证校正标准偏差(RMSECV)和交互检验相对标准偏差(RPD)的值差异不大。这主要是两种光谱校正方法的目的基本相同，即MSC主要是消除颗粒分布不均匀及颗粒大小产生的散射影响，增强与成分含量相关的光谱吸收，而SNV主要是用来消除固体颗粒大小、表面散射以及光程变化对NIR漫反射光谱的影响[19-20]。经MSC和SNV校正后的乳化香肠的近红外光谱如图2、3所示。可以看出，经过光谱经SNV处理后，其纵坐标值明显小于MSC校正结果，这是由于两种校正方法的校正理论不同造成的。

在卷积平滑处理过程中，平滑窗口宽度(也即平滑点数)是一个重要参数——窗口宽度太小，平滑去噪效果不佳；平滑窗口过大，有用信息也将被平滑掉，造成信号失真。平滑窗口宽度是在实际应用中总结出来的，不同样品的窗口宽度是不一样的[23]。表2给出了乳化香肠的近红外光谱经过不同窗口宽度的平滑处理，再经不同校正方法处理后，建立的全光谱PLS回归模型的留一法内部交互验证结果。

从表2可以看出，对于脂肪而言，一阶导数光谱校正最佳平滑点数为5点，此时R^2值最大、RMSECV值最小，分别为95.57%和1.01；二阶导数光谱校正最佳平滑点数为9点，对应的R^2值、RMSECV值分别为95.71%、0.997；SNV＋一阶导数和MSC＋一阶导数光谱校正的最佳平滑点数都为17点。对于蛋白质而言，一阶导数、二阶导数、SNV＋一阶导数和MSC＋一阶导数光谱校正的最佳平滑点分别为9点、25点、13点和21点；而水分的则分别为9点、21点、5点和5点。

2.3 定量分析模型的建立及验证

表3 乳化香肠化学成分PLS定量分析模型评价结果

Table 3 Evaluation results for the PLS models of fat, protein and water contents

成分	校正方法	校正集			验证集	
		R^2	RMSECV/%	波长范围/cm^{-1}	RMSEP/%	RPD
脂肪	MSC	0.9867	0.556	9404.1～7498.6，4243～5454.2	1.25	3.98
	SNV	0.9853	0.584	5446.5～7506.3，4243～4605.6	1.42	3.57
蛋白质	SG(13点)+一阶导数+ SNV	0.9715	0.284	7498.6～9404.1，4243～5454.2	0.62	2.69
	SG(21点)+一阶导数+ MSC	0.9723	0.28	6094.5～9404.1，4243～4852.5	0.59	2.83
水分	MSC	0.9911	0.413	7498.6～9404.1	1.23	3.68
	SNV	0.9905	0.428	7498.6～9404.1	1.15	3.85

定量分析模型采用偏最小二乘法(PLS)。由表2可知，对于脂肪和水分而言，光谱经MSC和SNV校正后建立的全光谱PLS回归模型最好；而对于蛋白质而言，光谱经SG(13点)＋SNV＋一阶导数和SG(21点)＋MSC＋一阶导数校正后建模效果最好。针对不同组分，在确定光谱校正方法后，利用OPUS软件列举全部有意义的波长范围并分别进行PLS回归分析，再根据交互验证标准偏差(RMSECV)确定最佳波长范围，进而建立定量分析模型并进行外部验证，结果如表3所示。

从表3可以看出，近红外光谱经过MSC校正后建立的脂肪的PLS定量分析模型的RMSEP最小值和RPD最大值分别为1.25和3.98，这说明所建立的定量分析模型具有良好的分析精度和稳定性，最佳波长范围有两个，分别是7498.6～9404.1cm^{-1}和4243～5454.2cm^{-1}。而对于蛋白质而言，PLS定量分析模型的RMSEP最小值为0.59，RPD最大值为2.83，最佳波长范围是6094.5～9404.1cm^{-1}和4243～4852.5cm^{-1}；对于水分而言，RMSEP最小值、RPD最大值和最佳波长范围分别为1.15、3.85和7498.6～9404.1cm^{-1}。这些说明，近红外光谱分析技术可以很好的用于乳化香肠中脂肪和水分的快速检测，而用于蛋白质含量的检测尽管是可行的，但分析精度还有待提高。

3 结 论

本研究使用近红外光谱分析技术对乳化香肠的3种主要组分进行检测，研究了MSC、SNV、一阶导数＋SG、二阶导数＋SG、一阶导数＋SG＋SNV和一阶导数＋SG＋MSC六种光谱校正方法或组合，以及卷积平滑处理过程中不同窗口宽度对全光谱(4000～12000cm^{-1})PLS回归模型的影响。结果显示，对于脂肪和水分，光谱预处理仅需采用MSC或SNV；而对于蛋白质，光谱预处理则宜采用求导法以提高分辨率和灵敏度，但在光谱转换(求导)前需对光谱进行抗噪处理。

在确定了光谱校正方法后，借助OPUS光谱分析软件的波长范围自动优选(自动列举出全部的有意义的波长范围并进行PLS回归分析，根据RMSECV筛选波长范围)功能，针对不同组分筛选了最佳波长范围，建立了PLS定量分析模型并进行了外部验证。结果显示，对于脂肪而言，选取介于7498.6～9404.1cm^{-1}和4243～5454.2cm^{-1}的波长建立的定量分析模型质量最好，而蛋白质的最佳建模波长范围为6094.5～9404.1cm^{-1}和4243～4852.5cm^{-1}，水分的最佳波长范围是7498.6～9404.1cm^{-1}。

最后对建立的PLS定量分析模型进行外部验证。结果显示，脂肪和水分的近红外定量分析模型的RPD均大于3，说明所建立的定量分析模型具有良好的分析精度和稳定性，可用于乳化香肠中脂肪和水分的检测；而蛋白质定量分析模型的RPD介于2.5～3之间，则说明利用近红外可以对蛋白质进行定量分析，但该模型的分析精度还有待于提高。

参考文献：

[1] 严衍录, 赵龙莲, 韩东海, 等. 近红外光谱分析基础与应用[M]. 北京: 中国轻工业出版社, 2005.

[2] 陆婉珍. 现代近红外光谱分析技术[M]. 2版. 北京: 中国石化出版社, 2006.

[3] 李民赞. 光谱分析技术及其应用[M]. 北京: 科学出版社, 2006.

[4] 孙晓明, 卢凌, 张佳程, 等. 牛肉化学成分的近红外光谱检测方法的研究[J]. 光谱学与光谱分析, 2011, 31(2): 379-383.

[5] KESTENS V, CHAROUD-GOT J, BAU A, et al. Online measurement of water content in candidate reference materials by acousto-optical tuneable filter near-infrared spectrometry (AOTF-NIR) using pork meat calibrants controlled[J]. Food Chemistry, 2008, 106: 1359-1365.

[6] RIPOLL G, ALBERTÍ P, PANEA B, et al. Near-infrared reflectance spectroscopy for predicting chemical, instrumental and sensory quality of beef[J]. Meat Science, 2008, 80: 697-702.

[7] BARLOCCO N, VADELL A, BALLESTEROS F, et al. Predicting intramuscular fat, moisture and Warner–Bratzler shear force in pork muscle using near infrared reflectance spectroscopy[J]. Animal Science, 2006, 82: 111-116.

[8] MCDEVITT R M, GAVIN A J, ANDRÉS S, et al. The ability of visible and near infrared reflectance spectroscopy (NIRS) to predict the chemical composition of ground chicken carcasses and to discriminate between carcasses from different genotypes[J]. Journal of Near Infrared Spectroscopy, 2005, 13: 109-117.

[9] BERZAGHI P, DALLA ZOTTE A, JANSSON L M, et al. Near-infrared reflectance spectroscopy as a method to predict chemical composition of breast meat and discriminate between different *n*-3 feeding sources[J]. Poultry Science, 2005, 84: 128-136.

[10] 成芳, 樊玉霞, 廖宜涛. 应用近红外漫反射光谱对猪肉肉糜进行定性定量检测研究[J]. 光谱学与光谱分析, 2012, 32(2): 354-359.

[11] VILJOEN M, HOFFMAN L C, BRAND T S. Prediction of the chemical composition of mutton with near infrared reflectance spectroscopy[J]. Small Ruminant Research, 2007, 69: 88-94.

[12] 刘魁武, 成芳, 林宏建, 等. 可见/近红外光谱检测冷鲜猪肉中的脂肪、蛋白质和水分含量[J]. 光谱学与光谱分析, 2009, 29(1): 102-105.

[13] PRIETO N, ANDRÉS S, GIRÁLDEZ F J, et al. Potential use of near infrared reflectance spectroscopy (NIRS) for the estimation of chemical composition of oxen meat samples[J]. Meat Science, 2006, 74: 487-496.

[14] 刘晓晔, 汤晓艳, 孙宝忠, 等. 普通公牛肉和淘汰母牛肉的近红外光谱鉴别方法[J]. 食品科学, 2012, 33(24): 244-248.

[15] ORTIZ-SOMOVILLA V, ESPAÑA-ESPAÑA F, GAITÁN-JURADO A J, et al. Proximate analysis of homogenized and minced mass of pork sausages by NIRS[J]. Food Chemistry, 2007, 101: 1031-1040.

[16] GAITÁN-JURADO A J, ORTIZ-SOMOVILLA V, ESPAÑA-ESPAÑA F, et al. Quantitative analysis of pork dry-cured sausages to quality control by NIR spectroscopy[J]. Meat Science, 2008, 78: 391-399.

[17] 赵丽丽, 马长伟, 张录达, 等. 近红外光谱定量检测腌腊肉制品品质的研究[J]. 光谱学与光谱分析, 2007, 27(1): 46-49.

[18] 王玉田, 马兆瑞. 肉品加工技术[M]. 北京: 中国农业出版社, 2008: 45.

[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.

[20] 刘魁武, 成芳, 林宏建, 等. 可见/近红外光谱检测冷鲜猪肉中的脂肪、蛋白质和水分含量[J]. 光谱学与光谱分析, 2009, 29(1): 102-105.

[21] 咏梅, 张铁强, 张军, 等. 平滑、导数、基线校正对近红外光谱PLS定量分析的影响研究[J]. 光谱学与光谱分析, 2004, 24(12): 1546-1548.

[22] 黄光群, 韩鲁佳, 杨增玲. 近红外漫反射光谱法快速测定畜禽粪便堆肥多组分含量[J]. 光谱学与光谱分析, 2007, 27(11): 2203-2207.

[23] 李鹏飞. 梨内部品质可见/近红外光谱无损检测研究[D]. 北京: 中国农业大学, 2009.