

牛奶中蜡样芽孢杆菌高光谱检测模型构建与分析

赵紫竹, 卫勇, 常若葵, 吴海云, 刘华, 单慧勇, 杨仁杰

(天津农学院工程技术学院, 天津 300384)

摘要: 本文以牛奶中蜡样芽孢杆菌污染度的检测为研究对象, 应用高光谱成像技术, 结合图像处理技术、光谱分析技术和化学计量技术, 探索了构建牛奶中蜡样芽孢杆菌污染度预测模型的可行性。应用图像处理技术选取样品分析区域, 采用能量值 (Energy) 纹理特征函数降维处理高光谱数据并得到其特征值, 建立了蜡样芽孢杆菌的 PLS 预测模型, 模型中校正集与预测集的相关系数分别为 0.9231 和 0.9054, RMSEC (校正均方根误差) 和 RESEP (预测均方根误差) 分别为 0.7336 和 0.8139。分析表明, PLS 预测模型仅能对牛奶中蜡样芽孢杆菌进行高低浓度的鉴定。因此, 提出了二维相关技术结合 N-PLS 构建预测模型的方法, N-PLS 预测模型中校正集与预测集的相关系数分别为 0.9999 和 0.9984, RMSEC 和 RESEP 分别为 0.022 和 0.0928。结果表明, N-PLS 预测模型精度较高, 能够对牛奶中蜡样芽孢杆菌实现定量分析。

关键词: 高光谱成像; 图像纹理分析; 蜡样芽孢杆菌; 多维偏最小二乘法; 快速检测

文章编号: 1673-9078(2017)12-249-254

DOI: 10.13982/j.mfst.1673-9078.2017.12.037

Building and Analysis of Hyperspectral Detection Models of *Bacillus Cereus* in Milk

ZHAO Zi-zhu, WEI Yong, CHANG Ruo-kui, WU Hai-yun, LIU Hua, SHAN Hui-yong, YANG Ren-jie

(College of Engineering and Technology, Tianjin Agricultural University, Tianjin 300384, China)

Abstract: In this paper, a new quantitative detection method based on hyperspectral imaging technology was proposed and studied, which was applied to test *Bacillus Cereus* in liquid milk. The feasibility of the prediction models for detection the content of *Bacillus Cereus* in milk was explored by image processing technology, spectral analysis technology and chemical metrology technology, based on the detection of the contamination degree of *Bacillus cereus* in milk. The image processing technology was used to select the sample area, and the energy value (Energy) texture feature was applied to reduce the dimensions of hyperspectral data to obtain the characteristic value based on the texture feature analysis. A PLS model was built to predict the content of *Bacillus Cereus* in milk. The correlation coefficients between the calibration set and the prediction set in the PLS prediction model were 0.92 and 0.91, and RMSEC and RESEP were 0.73 and 0.81, respectively. The results showed that the PLS prediction model could only identified the high and low concentration of *Bacillus Cereus* in the milk. Therefore, the two-dimensional correlation technology combined with N-PLS method was proposed, and the N-PLS prediction model was built. The correlation coefficients between the calibration set and the prediction set in the N-PLS prediction model were 0.99 and 0.99 respectively, and RMSEC and RESEP were 0.02 and 0.09, respectively. The results showed that the N-PLS model had higher accuracy and was able to achieve quantitative analysis of *Bacillus Cereus* in milk.

Key words: hyperspectral imaging; image texture analysis; *Bacillus Cereus*; multi-way partial least square; rapid detection

蜡样芽孢杆菌 (*Bacillus Cereus*) 是一种革兰氏阳性菌, 在自然界中分布广泛, 存在于各类食品中, 其中牛奶和肉制品是主要污染对象^[1,2]。蜡样芽孢杆菌能够产生肠毒素, 人食入受污染的食物后则会引起呕吐, 腹泻和恶心等现象^[3]。根据中华人民共和国卫生部

收稿日期: 2017-06-29

基金项目: 天津市科技计划项目 (13JCYBJC25700); 天津农学院高校教师教育改革创新引导发展项目 (20170201)

作者简介: 赵紫竹 (1993-), 女, 硕士, 研究方向: 农产品品质检测

通讯作者: 卫勇 (1973-), 男, 博士, 副教授, 研究方向: 农产品品质检测

1996 年实行的蜡样芽孢杆菌食物中毒诊断标准及处理原则可知当食物中蜡样芽孢杆菌菌含量大于 10^5 个/g 时, 人食后可导致食物中毒。目前国内外对于食品中致病微生物的检测主要采用分子生物学方法^[4], 例如, Kumar^[5]和 Martínez^[6]采用 PCR 技术检测食品中的蜡样芽孢杆菌等三种重要的食源性病原体, 贾雅菁^[7]采用实时荧光环介导等温扩增技术检测牛奶中蜡样芽孢杆菌。但是传统的食品检测方法需要对样品预处理, 操作过程复杂, 并且一种接触式有损检测技术, 已经很难满足食品安全快速检测这一需求^[8]。

现代光学技术在快速无损检测方面显现出巨大的潜力,可以满足食品生产、流通到消费领域中快速、无损检测以确保食品质量与安全的需求^[9]。万佳蓉^[2]和 Zhao^[10]采用红外光谱技术探究了蜡样芽孢杆菌特殊结构在红外光谱下的特征光谱,表明了可以利用红外光谱分辨细胞的物质结构。然而,在红外光谱检测法中,传统的光学技术将待测样品中化合物颗粒的散射光视为干扰光谱数据,应删除或进行光谱数据校正,因此忽略了一部分有用信息^[11]。

高光谱成像技术称为化学和光谱成像技术,可以同时采集样品的光谱信息和空间信息,是一项包含传统的成像技术和光谱技术的新兴技术^[12]。由于高光谱成像技术具有快速、无损且检测结果准确率高等特点,高光谱成像技术在食品检测领域已经有了大量的研究,邹小波等^[13]将高光谱成像技术与模式识别方法相结合,检测镇江香醋固态发酵中的产酸芽孢杆菌。Siripatrawan 等^[14]采用可见光-近红外高光谱技术检测大肠杆菌污染新鲜菠菜的情况。王伟等^[15]采用高光谱成像技术对猪肉中有害细菌的总数进行预测。

但是目前尚未有文献报道采用高光谱成像技术预测牛奶中蜡样芽孢杆菌的含量,本文探究应用高光谱技术快速检测牛奶中蜡样芽孢杆菌的可行性,采用高光谱成像技术与图像纹理特征分析方法相结合,采用 PLS 法、二维相关技术结合 N-PLS 法,对牛奶中

的蜡样芽孢杆菌含量建立预测模型。

1 材料与方法

1.1 牛奶样品配制

1.1.1 蜡样芽孢杆菌的培养

实验所用蜡样芽孢杆菌由北京北纳创联生物技术研究院提供,胰化蛋白胨、酵母提取物、氯化钠和蒸馏水由天津农学院植物保护实验室提供,均是分析纯。实验中用水为二次蒸馏水,用于测量的牛奶为脱脂牛奶(伊利牌)。LB 培养基配置材料为 NaCl 10 g,胰蛋白胨 10 g,酵母菌 5 g,1 L 蒸馏水。

蜡样芽孢杆菌培养过程为:

(1) 活化菌体,蜡样芽孢杆菌解冻之后,在 LB 培养基上对蜡样芽孢杆菌进行平板划线,将培养皿放入培养箱内 24 h, 30 °C。再将培养皿放入 2~5 °C 的冰箱内备用。

(2) 接菌,将上述留存备用菌体取出后用于接菌。将接菌针上蜡样芽孢杆菌融在 LB 液体培养基试管中(液体为 5 mL),将装有蜡样芽孢杆菌的试管放入摇床中 18 h,参数设定为温度 30 °C,转速 200 r/min。接下来,从蜡样芽孢杆菌菌液中取出 100 μL 加入装有 100 mL LB 液体培养基的三角瓶中,放入摇床中 40 h,参数设置为:温度 30 °C,转速 200 r/min。

表 1 牛奶中蜡样芽孢杆菌浓度表

Table 1 *Bacillus Cereus* concentrations in milk

Dilution factor/10 ⁿ	Milk containing bacteria/mL	Bacterial level
7	4×10 ¹ CFU	1
6	4×10 ² CFU	2
5	4×10 ³ CFU	3
4	4×10 ⁴ CFU	4
3	4×10 ⁵ CFU	5
2	4×10 ⁶ CFU	6
1	4×10 ⁷ CFU	7

1.2 仪器设备

高光谱成像系统主要包括高光谱成像仪、光源、电移动平台、计算机等,在检测过程中,CCD 探测器将物体反射或透射的光转换为电信号,进而转化为数字信号以供计算机接收^[17]。

实验采用山西农业大学工学院 Gaia Sorter 高光谱仪,近红外光谱相机为 Image-λ-N17E-XE,光谱范围是 895.91~1701 nm,分辨率为 4 nm,共有 256 个波段,图像分辨率为 320 像素×400 像素,相机曝光时间为 17 ms,电移动平台扫描距离为 21 cm,电移动平台移

动速度为 0.6 cm/s,近红外光谱相机与样品距离为 33 cm,牛奶样品高度:约 5 mm(18 mL 样品于培养皿中)。数据采集过程如图 1 所示。



图 1 数据采集过程

Fig.1 Data acquisition process

1.3 高光谱图像校正

在高光谱图像数据采集过程中,由于光源在不同波段下的光强不同以及相机中暗电流的作用对图像带来较大的噪音干扰,这些噪音信息会影响高光谱图像数据的质量,因此在高光谱图像数据采集之前必须对系统进行黑白校正,以消除噪音信息的干扰^[18]。首先,将相机镜头盖上,得到全黑参考高光谱图像,再将白板放置在电移动平台,采集到全白参考高光谱图像,根据公式(1)进行黑白校正。

$$I_c = \frac{I_{raw} - I_{dark}}{I_{white} - I_{dark}} \quad (1)$$

式中, I_c -校正后高光谱图像; I_{raw} -原始高光谱图像; I_{dark} -全黑参考高光谱图像; I_{white} -全白参考高光谱图像。

1.4 样品特征值提取

Tuceryan and Jain^[19]定义图像纹理是一个反应像素灰度值随空间变化的函数。应用图像纹理识别图像区域特征是机器视觉中很重要的一个方法。图2为牛奶样品在波长为1112.81 nm下的光谱图像,由于牛奶样品放置在培养皿中,为了避免比色皿边缘对数据分析的影响,选取培养皿中心部分为分析区域。为了能够直观的描述纹理特征,需要从GLCM中提取能够反映灰度共生矩阵的参数,常用的纹理特征函数有角二阶矩、熵、对比度等,本文中,采用能量(Energy),也称二角矩(ASM),这一纹理特征函数分析高光谱切片图像数据,实现高光谱数据的降维处理并提取特征值^[20]。Energy纹理特征函数公式(2)为:

$$ASM = \sum_{i=1}^L \sum_{j=1}^L p(i, j)^2 \quad (2)$$

能量值是GLCM所有元素数值的平方和,主要是反映图像的纹理粗细程度及灰度在图像中分布的均匀程度,当能量值越大时,图像纹理越粗糙,能量值最大为1。当GLCM中所有元素值相等时,能量值最小^[21,22]。

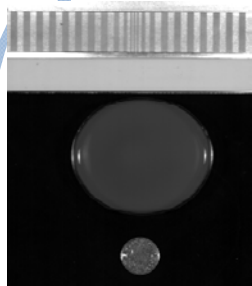


图2 含有蜡样芽孢杆菌牛奶样品高光谱图像

Fig.2 Hyperspectral images of milk samples containing *Bacillus Cereus*

由于研究对象是含有蜡样芽孢杆菌的牛奶,属于悬浮状混浊液体。牛奶样本的反射光经过镜头和分光系统后投射到面阵式传感器上。由于传感器的分辨率为微米级,所以悬浮在混浊液体中的颗粒物质会在光谱数据中形成差异(吸光度不同)。如果将这些数据灰度化生成灰度图像,其表现就是具有一定的纹理特征。

图像纹理特征值的提取流程图如图3所示,首先选取样品高光谱数据中一个波段的光谱切片,将其转换成灰度图像,然后,根据培养皿在图像中的轮廓特征选取培养皿中心位置为数据分析对象,输出中心位置坐标参数。根据中心位置的坐标参数,依次选取256个光谱切片的分析数据(60×60),并转换成灰度图像;然后应用纹理特征分析函数能量(Energy)分析每个光谱切片的像素级纹理特征。选取11×11的窗口按照0°方向逐点扫描生成49×49灰度共生矩阵。随机挑选矩阵中一部分用于建立预测模型,矩阵另一部分为测试集,特征分析结果经过灰度化处理后,灰度值求和取平均值而得到特征值。

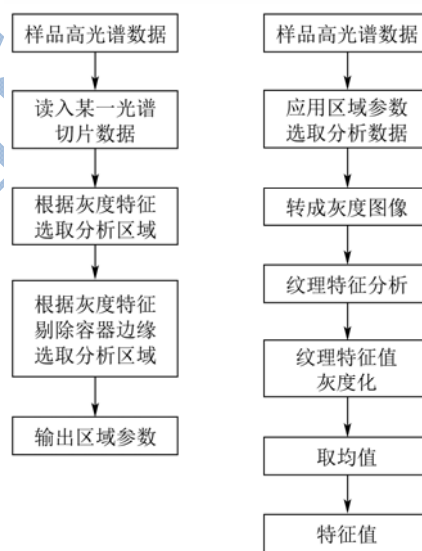


图3 高光谱数据纹理特征降维流程

Fig.3 Dimensionality reduction process of Hyperspectral data

2 结果与讨论

2.1 牛奶中蜡样芽孢杆菌浓度偏最小二乘预测模型

将由纹理特征分析得到的校正集与测试集数据用于建立PLS模型,对校正集的8个样品进行预测,将校正集中牛奶中蜡样芽孢杆菌含量的实际值与预测值进行一元线性回归,结果如图4,回归方程为 $y=0.91x+0.29$,其相关系数 R^2 为0.92, RMSEC 为0.73。

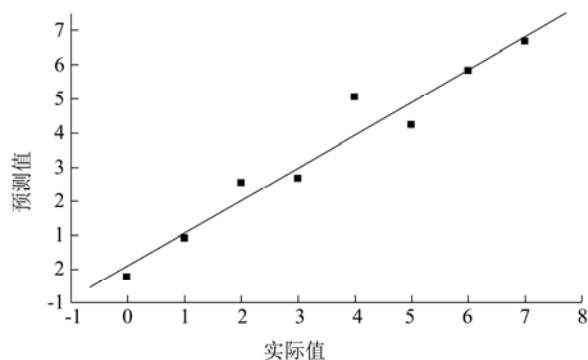


图4 PLS 模型对校正集预测结果

Fig.4 Prediction results of PLS model for calibration set

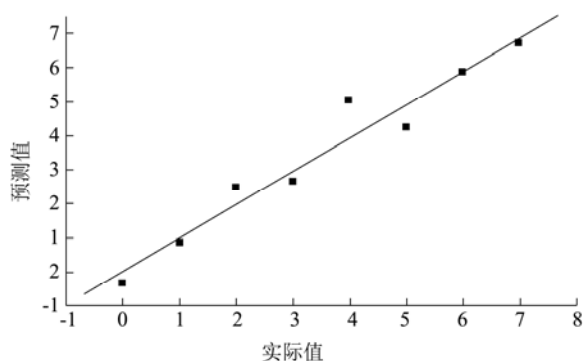


图5 PLS 模型对预测集预测结果

Fig.5 Prediction results of PLS model for prediction set

为了对所建立的牛奶蜡样芽孢杆菌含量预测模型进行评价, 检验模型是否具有通用性, 将未参与校正集建模的 8 个测试集样品带入校正模型验证计算, 样品预测结果见表 2, 并对预测集中牛奶蜡样芽孢杆菌含量的预测值与实际值进行一元线性回归, 结果如图 5, 回归方程为 $y=0.91x+0.28$, 相关系数 R^2 为 0.90, RMSEP 为 0.81。

上述结果表明, 利用 PLS 模型对牛奶中蜡样芽孢杆菌含量等级建立的定量分析模型仅能对蜡样芽孢杆菌含量分为高低浓度预测, 以含量等级 4 为界限。为了提高模型精度, 继续对纹理特征分析值进行二维相关计算, 然后建立 N-PLS 模型预测牛奶中的蜡样芽孢杆菌含量。

2.2 牛奶中蜡样芽孢杆菌浓度多维偏最小二乘预测模型

乘预测模型

首先将纯牛奶样品分别与其余含有蜡样芽孢杆菌的牛奶样品进行二维相关计算, 将所有牛奶样品二维相关计算后得到的三维矩阵作为输入变量, 建立 N-PLS 模型对牛奶中蜡样芽孢杆菌含量级别预测, 图 6 为牛奶中蜡样芽孢杆菌浓度级别为 3 (a) 和 7 (b)

的二维相关同步谱。从图中可以看出在 1040 nm 左右, 纹理分析特征值具有较强的自相关性。

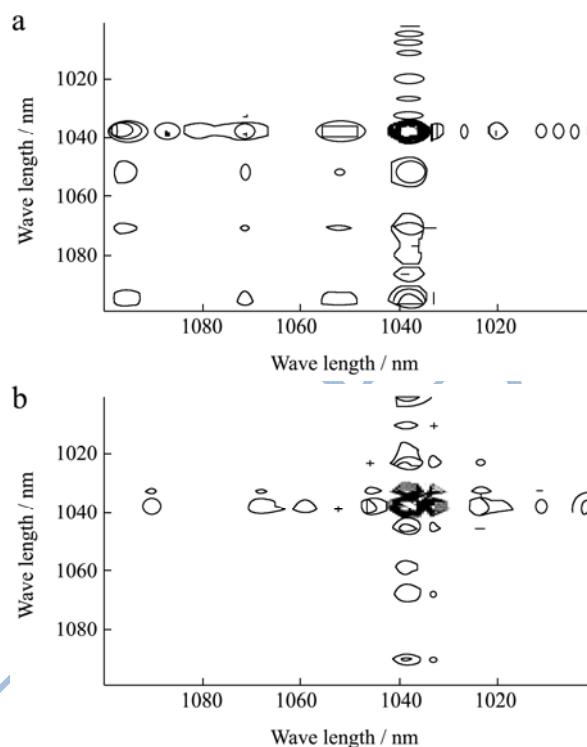


图6 二维相关同步谱图

Fig.6 Two-dimensional correlation synchronization spectrum

但由于两个二维相关同步谱图间差别细微, 无法直接预测出牛奶中蜡样芽孢杆菌的含量级别, 因此, 进一步将二维相关计算与 N-PLS 方法相结合建立牛奶中蜡样芽孢杆菌级别的预测模型。

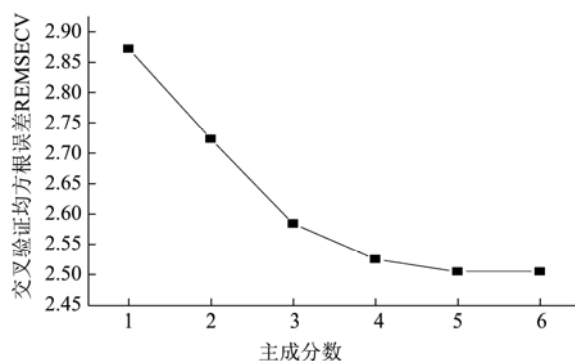


图7 主成分数对 RMSECV 的影响

Fig.7 The effects of principal components on RMSECV

经二维相关计算后共有 14 个牛奶样品参与模型建立及测试, 按照 1:1 的比例分为校正集和测试集, 既校正集由 7 个牛奶样品组成, 测试集由 7 个牛奶样品组成。首先对校正集采用交叉验证法, 计算在不同主成分数下的 RMSECV (如图 7)。由图 7 可知, 当主成分数为 5 时 RMSECV 趋于平缓, 因此选择 5 个主成分建立 N-PLS 模型。

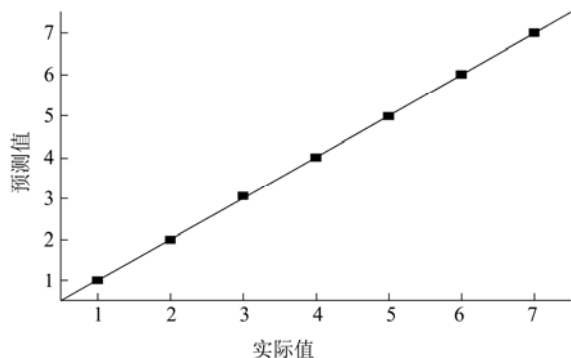


图8 N-PLS 模型对校正集预测结果

Fig.8 Prediction results of N-PLS model for calibration set

利用纹理特征值建立 N-PLS 模型, 对校正集的 7 个牛奶样品中蜡样芽孢杆菌含量进行预测, 并将牛奶中蜡样芽孢杆菌含量的实际值与预测值进行一元线性回归, 结果如图 8, 相关系数 R^2 为 0.99。RMSEC 为 0.02。

对所建立的牛奶脂肪蜡样芽孢杆菌含量预测模型进行评价, 检验模型是否具有通用性, 将未参与建模的 7 个测试集牛奶样品带入 N-PLS 预测模型进行验证计算, 预测结果见表 2, 对牛奶中蜡样芽孢杆菌的预测值与实际值进行一元线性回归, 结果如图 9, 相关系数 R^2 为 0.99, RMSEP 为 0.09。结果表明, 上述所建立的校正集模型精度较高, 能够对牛奶中蜡样芽

孢杆菌含量的级别做出准确的判断。

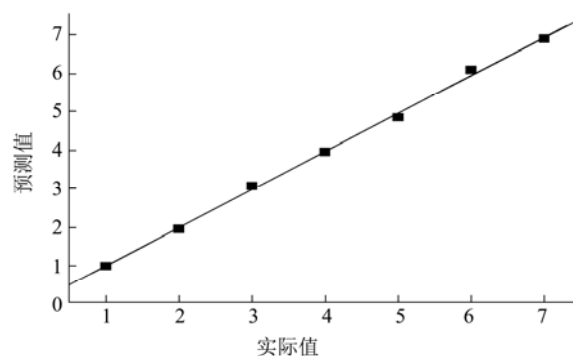


图9 N-PLS 模型对预测集预测结果

Fig.9 Prediction results of N-PLS model for prediction set

2.3 模型评价

表 2 为 PLS 模型与 N-PLS 模型对预测集中 7 个牛奶样品中蜡样芽孢含量的预测结果。在 PLS 模型当中, 绝对误差最大为 1.35, 绝对误差最小为 0.24, 平均绝对误差为 0.6。在 N-PLS 模型当中, 绝对误差最大为 0.17, 绝对误差最小为 0.03, 平均绝对误差为 0.1。通过表 2 能直观的看到, N-PLS 模型的预测能力远远优于 PLS 模型, PLS 能够对牛奶中蜡样芽孢杆菌以等级 4 为界限分为高低浓度, 而 N-PLS 预测模型能够较为精确的对牛奶中蜡样芽孢杆菌含量等级进行预测。

表 2 PLS、N-PLS 模型预测结果

Table 2 The prediction results of PLS, N-PLS models

Sample	Bacterial level	PLS model predictions	N-PLS model predictions
1	0	-0.24 (0)	-
2	1	1.28 (1)	0.97 (1)
3	2	2.36 (2)	1.93 (2)
4	3	2.38 (2)	3.05 (3)
5	4	4.78 (5)	3.935 (4)
6	5	5.97 (6)	4.83 (5)
7	6	5.73 (6)	6.08 (6)
8	7	5.65 (6)	6.89 (7)

3 结论

本文在高光谱反射成像系统下, 采集不同蜡样芽孢杆菌含量牛奶样品的高光谱反射数据, 根据高光谱图像选取适当的分析区域, 并提取分析区域内的纹理特征函数, 进行二维相关计算。建立了 PLS 模型与 N-PLS 模型进行比较, 其中 PLS 模型校正集 R^2 为 0.92, RMSEC 为 0.73, 预测集 R^2 为 0.90, RMSEP 为 0.81。N-PLS 模型校正集 R^2 为 0.99。RMSEC 为 0.02, 预测集 R^2 为 0.99, RMSEP 为 0.09。结果表明, 高光谱成像技术可以用于对牛奶中蜡样芽孢杆菌含量级别的检

测, 选取适当的方法可以提高模型的预测精度, 二维相关计算与 N-PLS 方法相结合比传统的 PLS 方法预测精度高, 可以对牛奶中蜡样芽孢杆菌含量进行定量分析。

参考文献

[1] 张志鸿,许恒毅,魏华.基于 PCR 方法检测蜡样芽孢杆菌的研究进展[J].食品工业科技,2013,34(22):335-338
ZHANG Zhi-hong, XU Heng-yi, WEI Hua. Research progress in detection of *Bacillus cereus* based on PCR method [J]. Science and Technology of Food Industry, 2013,

- 34(22): 335-338
- [2] 万佳蓉,马美湖,周传云,等.蜡样芽孢杆菌的二阶导数红外光谱研究[J].光谱学与光谱分析,2007,27(5):904-906
WAN Jia-rong, MA Mei-hu, ZHOU Chuan-yun, et al. Second derivative fir spectroscopic study of *Bacillus cereus* [J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2007, 27(5): 904-906
- [3] Lee J H, Shin H, Son B, et al. Characterization and complete genome sequence of a virulent bacteriophage B4 infecting food-borne pathogenic *Bacillus cereus* [J]. Archives of Virology, 2013, 158(10): 2101-2108
- [4] 刘雨潇,刘士敏,王民,等.分子生物学方法在食品微生物检测中的应用[J].生物技术通讯,2009,20(3):451-454
LIU Yu-xiao, LIU Shi-min, WANG Min, et al. Application of molecular biology methods in food microbiological detection [J]. Letters in Biotechnology, 2009, 20(3): 451-454
- [5] Kumar T D K, Murali H S, Batra H V. Simultaneous detection of pathogenic *B. cereus*, *S. aureus* and *L. monocytogenes* by multiplex PCR [J]. Indian Journal of Microbiology, 2009, 49(3): 283-9
- [6] Martínez-Blanch J F, Sánchez G, Garay E, et al. Detection and quantification of viable *Bacillus cereus*, in food by RT-qPCR [J]. European Food Research and Technology, 2011, 232(6): 951-955
- [7] 贾雅菁.实时荧光环介导等温扩增技术检测牛奶中蜡样芽孢杆菌的研究[D].保定:河北农业大学,2015
JIA Ya-jing. Using real-time fluorescence loop-mediated isothermal amplification to detect *Bacillus cereus* in milk [D]. Baoding: Hebei Agricultural University, 2015
- [8] 郭沫然.光谱技术在食品安全检测中的应用研究[D].长春:长春理工大学,2014
GUO Mo-ran. Application of spectrum technology in food safety detecton [D]. Changchun: Changchun University of Science and Technology, 2014
- [9] 孙大文,吴迪,何鸿举,等.现代光学成像技术在食品品质快速检测中的应用[J].华南理工大学学报(自然科学版), 2012, 40(10):59-68
SUN Da-wen, WU Di, HE Hong-ju, et al. Applications of modern optical imaging technologies for rapid quality inspection of food products [J]. Journal of South China University of Technology (Natural Science Editon), 2012, 40(10): 59-68
- [10] Zhao Z, Chang R, Wei Y, et al. Study on identification of bacillus cereus in milk based on two-dimensional correlation infrared spectroscopy [M]. Computer and Computing Technologies in Agriculture IX. Springer International Publishing, 2015
- [11] Qin J, Lu R. Hyperspectral diffuse reflectance for determination of the optical properties of milk and fruit and vegetable juice [J]. Proceedings of SPIE-The International Society for Optical Engineering, 2005, 5996: 232-241
- [12] Gowen A A, Burger J, O'Callaghan D, et al. Potential applications of hyperspectral imaging for quality control in dairy foods [J]. Bornimer Agrartechnische Berichte Heft 69, 2009
- [13] 邹小波,申婷婷,石吉勇,等.基于高光谱图像技术的固态发酵中芽孢杆菌的快速识别[J].现代食品科技,2016,4:235-240
ZOU Xiao-bo, SHEN Ting-ting, SHI Ji-yong, et al. Quick identification of bacillus in the solid-state fermentation based on hyperspectral imaging technology [J]. Modern Food Science and Technology, 2016, 4: 235-240
- [14] Siripatrawan U, Makino Y, Kawagoe Y, et al. Rapid detection of *Escherichia coli* contamination in packaged fresh spinach using hyperspectral imaging [J]. Talanta, 2011, 85(1): 276-281
- [15] 王伟,彭彦昆,张晓莉.基于高光谱成像的生鲜猪肉细菌总数预测建模方法研究[J].光谱学与光谱分析,2010,30(2): 411-415
WANG Wei, PENG Yan-kun, ZHANG Xiao-li. Study on modeling method of total viable count of fresh pork meat based on hyperspectral imaging system [J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2010, 30(2): 411-415
- [16] 张哲,杨峰,李新圃,等.基于 Photoshop 和计数软件精准计数平板上菌落的新方法[J].微生物学通报,2016,43(7): 1646-1648
ZHANG Zhe, YANG Feng, LI Xin-pu, et al. A new counting method for colonies on plating medium based on Photoshop and counting software [J]. Microbiol. China, 2016, 43(7): 1646-1648
- [17] 张令标,何建国,王松磊,等.高光谱成像技术在肉品无损检测中的应用及进展[J].河南工业大学学报自然科学版,2014, 35(1):100-105
ZHANG Ling-biao, HE Jian-guo, WANG Song-lei, et al. Progress on the application of hyperspectral imaging technology in non-destructive detection of meat [J]. Journal of Henan University of Technology (Natural Science Edition), 2014, 35(1): 100-105
- [18] Qin J, Thomasf B, Marka R, et al. Detection of citrus canker using hyperspectral reflectance imaging with spectral information divergence [J]. Journal of Food Engineering,

- 2009, 93(2): 183-191
- [19] Tuceryan M, Jain A K. Texture analysis [M]. Handbook of pattern recognition & computer vision. World Scientific Publishing Co. Inc. 1993
- [20] Haralick R M. Texture features for image classification [J]. Systems Man & Cybernetics IEEE Transactions on, 1973, smc-3(6): 610-621
- [21] 陈美龙,戴声奎.基于 GLCM 算法的图像纹理特征分析[J].通信技术,2012,45(2):108-111
- CHEN Mei-long, DAI Sheng-kui. Analysis of image texture based on Gray-level Co-occurrence Matrix [J]. Communications Technology, 2012, 45(2): 108-111
- [22] 高程程,惠晓威.基于灰度共生矩阵的纹理特征提取[J].计算机系统应用,2010,19(6):195-198
- GAO Cheng-cheng, HUI Xiao-wei. GLCM-based texture feature extration [J].Computer System Application, 2010, 19(6): 195-198

现代食品科技