# 基于自适应寻优遗传算法的牛肉变质区域识别方法

#### 张占昭, 许莫, 周鸿飞

#### (承德石油高等专科学校计算机与信息工程系,河北承德 067000)

摘要:针对传统方法对牛肉变质区域识别的准确率低、用时长的问题,提出基于自适应寻优遗传算法的牛肉变质区域识别方法。 将牛肉检测光谱数据子集作为染色体,引用二进制编码,计算群个体编码及种群初始化;通过适应度函数优化交叉与变异操作,为种 群的不同个体计算单独的交叉概率与变异概,输出最终牛肉变质区域的检测光谱数据。实验数据表明,所提方法仅迭代40次可完成 牛肉变质区域识别,且平均识别准确率为95.8%,识别用时为1.7 s,与两种传统方法相比,识别精度分别提高了28.72%和20.34%, 识别耗时分别缩短了2.09 s 和 4.13 s;由此得出结论,所提方法具有收敛速度快,且适应度均值较高,全局搜索能力强;所提方法在 识别牛肉变质区域方面具有识别率高、用时短的优势,具有较高的可靠性、科学性和可行性。

关键词: 自适应寻优; 遗传算法; 适应度函数; 交叉概率; 变异概率; 牛肉变质; 识别

文章篇号:1673-9078(2019)05-304-309

DOI: 10.13982/j.mfst.1673-9078.2019.5.042

# **Recognition of Beef Deterioration Areas Based on Adaptive Optimal**

# **Genetic Algorithms**

#### ZHANG Zhan-zhao, XU Mo, ZHOU Hong-fei

(Department of Computer and Information Engineering, Chengde Petroleum College, Chengde 067000, China)

**Abstract:** To solve the problem of low accuracy and long time of traditional methods for beef deterioration area identification, a method based on adaptive optimization genetic algorithm was investigated. The subset of beef detection spectrum data was used as chromosome, and binary coding was used to calculate individual coding and population initialization. The fitness function was used to optimize crossover and mutation operation, and the individual crossover probability and mutation probability were calculated for different individuals of the population. The final detection spectrum data of beef deterioration area was output. The resultas showed that 40 iterations could conduct beef deterioration area recognition the proposed method. The average recognition accuracy was 95.8%, and the recognition time was 1.7 s. Compared to two traditional methods, the recognition accuracy in this work was improved by 28.72% and 20.34%, respectively, and the recognition time was shortened by 2.09 s and 4.13 s, respectively. The proposed method had the advantages of high recognition rate, short time, high reliability, scientificity and feasibility in identifying beef spoilage areas.

Key words: adaptive optimization; genetic algorithm; fitness function; crossover probability; mutation probability; beef deterioration; recognition

牛肉是为人们补充所需能量的重要食物来源,牛肉质量的好坏直接影响了人类的健康状况,所以对牛肉变质区域进行识别,就显得尤为重要,针对这一问题,传统识别牛肉变质区域一般采用肉眼或者气味的形式,大部分依据经验来进行测评,人们的经验值也有很大的区别,导致对牛肉变质区域进行识别的准确率较低。科技的进步,红外光谱技术得以迅速发展,由于红外光谱技术具有快速、无损的检测优势,可放心应用在食品检测领域<sup>[1]</sup>,尤其对肉质检测领域,并且具有较高的检测精准度,美中不足的是,采用红外收稿日期:2019-01-17 基金项目:河北省高等学校自然科学青年基金项目(QN2016262) 作者简介:张占昭(1978-),男,讲师,研究方向:计算机应用、物联网

光谱技术检测得到的牛肉光谱数据量巨大,如何从海 量数据中判断牛肉变质区域成为亟需解决的问题<sup>[2]</sup>。 为了解决这一问题,遗传算法逐渐走进人们的视野, 遗传算法综合了生物进化论、遗传学等多种学科的核 心思想,是一种优秀的搜索算法,大大提高了对海量 数据的搜索效率,在各个领域中都具有较好的应用性, 通过对该遗传算法的不断研究,传统遗传算法的弊端 也逐渐显现,传统方法容易陷入局部最优解,这主要 是因为该算法往往采用不变的参数设置,不符合寻取 最优解的标准<sup>[3]</sup>。所以采用遗传算法虽然能够完成变 质区域识别工作,但是传统遗传算法容易陷入局部最 优解,导致得到的牛肉变质区域识别结果精确度较低, 这对该方法的弊端,本文提取基于自适应寻优遗传算 法的牛肉变质区域识别方法。

本文方法在传统遗传算法的基础上采用自适应寻 优遗传算法识别牛肉变质区域,弥补了不能寻取最优 解的弊端,不同个体计算交叉概率与变异概率,避免 种群交叉概率、变异概率过大或者过小导致收敛难度 大,这种做法有效提高全局搜索能力,缩短识别牛肉 变质区域用时。

1 材料和方法

#### 1.1 材料

选取北京市某超市的牛胴体后腿肉9kg,快速运回实验室,用无菌刀等分切开,随机分配为3组,每组重量均为3kg。牛肉无需进行清洗,直接存放在3个容量为1000mL的水杯汇总,方便后续实验观察。

#### 1.2 材料处理

每天早上9点和晚上9点对采样牛肉的光谱信息 进行采集,实验时间设置为5d。在每次数据采集之前, 需要对在光谱仪中添加液氮,将光谱仪的进气口与水 杯相连接,光谱仪的出气口与气泵相连接<sup>(4)</sup>。实验开 始之后,利用气泵使光谱仪处于真空状态,关闭出气 口。2 min 之后再打开出气口,便可收集得到牛肉气 体挥发物。

利用 OPUS 7.0 软件对牛肉光谱数据进行采集, 并对基线处理,完成光谱数据的平滑处理。

1.3 识别方法

1.3.1 种群个体编码及种群初始化

二进制编码是自适应寻优遗传算法中种群个体采用的编码方式<sup>[5]</sup>,一个染色体即为一个牛肉检测光谱数据子集,用  $x=\{x_1,x_2,\cdots,x_n\}$ 描述种群中的染色体。使用当前属性时, $x_i=1$ ;不使用当前属性时, $x_i=0$ 。 1.3.2 适应度函数计算

适应度函数使用封装器模式的评价函数,评价函数的因子是牛肉检测光谱数据子集,因为评价函数同牛肉检测光谱数据存在直接关系<sup>[6]</sup>。此外,为准确识别牛肉变质区域,光谱数据的维数尽量最小,所以评价函数包含牛肉检测光谱数据子集的维数<sup>[7]</sup>,此时适应度函数的表达式用公式(1)描述:

$$H(x) = E(x)/(1+G_s) \tag{1}$$

其中: x 染色体的牛肉检测光谱数据用 E(x)表示,染色体中取值是1的x<sub>i</sub>数量用 G<sub>s</sub>表示,即牛肉检测光谱数据子集维数。 1.3.3 遗传操作 牛肉检测光谱数据种群的选择、交叉以及变异是 遗传操作的关键步骤<sup>[8]</sup>,以上述适应度函数计算为基 础,优化交叉与变异操作,详细过程如下:

(1)选择:确定最终的交叉群体是选择的主要任 务,此处一方面使用轮盘赌选择策略,另一方面通过 排序的方式完成适应度分配。个体的选择概率同真实 的个体适应度不存在等值对应关系,个体适应度在种 群中的顺序排列情况决定不同个体的选择概率<sup>[9]</sup>。选 择压力极小出现搜索带快速变窄,导致收敛提前,通 过适应度的选择优化排序方式可解决该问题。

公式(2) 描述了选择概率的获取方法:

(2)

其中:个体排序编号用 i 表示,排序第1个体的选择概率 用 e 表示。生成新的个体,令个体依据特定概率与步长变化是 选择与交叉的目标,同时确保算法实现全局搜索。

(2)交叉与变异:单点变异、单点交叉是基于自适应寻优遗传算法采用的变异、交叉方式<sup>[10]</sup>。算法的收敛性能直接决定是否有效识别牛肉变质区域,选取合理的交叉概率和变异概率可提高算法的收敛性能<sup>[11]</sup>。交叉概率与变异概率取值过大或者过小都会影响算法的收敛性能,降低识别牛肉变质区域的精确度,以交叉概率为例:种群中新个体生成迅速,说明交叉概率大,这种情况严重损坏高适应度的个体,算法收敛难度大<sup>[12]</sup>;反之,种群中新个体生成的速度慢,导致算法无法正常运行,说明此时交叉概率过低<sup>[13]</sup>。

## 1.3.4 算法终止条件

 $K_i = e(1-e)^{i-1}$ 

通常将最大迭代次数作为遗传算法终止标准,自 适应寻优遗传算法提前终止的前提是:相邻种群的适 应度均值出现五次不间断低于特定阈值的情况<sup>[14]</sup>,否 则直至符合收敛标准才终止算法。

根据上述流程输出最终数据选取结果,即为牛肉 变质区域的检测光谱数据,通过该数据结果识别牛肉 变质区域。

#### 1.3.5 数据统计分析

自适应寻优遗传算法通过为不同个体计算交叉概率与变异概率的方式,避免上述状况,自适应选取的 交叉概率与变异概率表达式分别用公式(3)、(4)描述:

$$K_{e} = \begin{cases} \lambda_{1} \frac{\arcsin\left(\frac{h_{ave}}{h_{max}}\right)}{\pi/2} & \arcsin\left(\frac{h_{ave}}{h_{max}}\right) < \pi/6 \\ \lambda_{1} \left(1 - \frac{\arcsin\left(\frac{h_{ave}}{h_{max}}\right)}{\pi/2}\right) & \arcsin\left(\frac{h_{ave}}{h_{max}}\right) \geq \pi/6 \end{cases}$$
(3)



公式中,交叉概率与变异概率分别用  $K_e$ 、 $K_n$ 表示; 各代种群的适应度最大值、各代种群的适应度均值分 别用  $h_{\text{max}}$ 、 $h_{ave}$ 表示;  $\lambda_1$ 、 $\lambda_2$ 为自适应参数。此处基于 非线性自适应选取  $K_e$ 、 $K_n$ 可以较优的判断种群适应度 的集中或者分散程度,非线性自适应可通过判别

arcsin $\left(\frac{h_{ave}}{h_{max}}\right)$ 实现,  $h_{ave}$  越大、 arcsin $\left(\frac{h_{ave}}{h_{max}}\right)$ 变大的速度不断加快。

其中, 
$$\operatorname{arcsin}\left(\frac{h_{ave}}{h_{max}}\right) < \pi/6$$
 代表种群适应度最大值与

增值相差较远,远远低于 $\frac{\pi}{6}$ ,这种情况下的种群具有适应度值呈不集中分布状态、差异度高、多样性优的特点,此时得到的新个体质量高,这是因为基于种群的特点  $K_e$ 值自适应增加,可有效交换染色体基因<sup>[15]</sup>;此外, $K_n$ 值自适应降低,降低损坏高质量个体的几率、提高收敛速度。

与上述原理一致, $\operatorname{arcsin}\left(\frac{h_{ave}}{h_{max}}\right) \geq \pi/6$ 时,根据此时情况, $K_e$ 值、 $K_n$ 值可自适应调整,达到减少交叉操作、

number of iterations

避免陷入局部极值、搜索全局最优解的目的。

## 2 结果与讨论

#### 2.1 实验参数设置

为验证本文提出的基于自适应寻优遗传算法的牛肉变质区域识别方法的有效性与优势,展开测试。实验硬件条件如下:采用 Windows XP 32 位 SP3 系统,Intel i3-2120 3.30 GHz 的处理器,内存是 4 GB;使用MATLAB R2010a 编程,并采用国产多功能食品安全检测仪作为牛肉变质识别辅助机器(如图 1 所示),算法的参数定义用表 1 描述。



图 1 多功能食品安全检测仪 Fig.1 Multi-function food safety detector

实验采用处理得到的牛肉检测光谱数据,从中选取实验所需的数据样本,展开牛肉变质区域识别测试。 实验数据样本包含100个牛肉检测光谱数据子集,均 存在变质区域,将100个数据子集均分成5组,在此 基础上展开变质区域识别测试。

为突出本文方法在识别牛肉变质区域方面的寻优

				-	-		
	参数	名称	种群规模	染色体基因数量	最大进化代数	交叉率参数	变异率参数
	参数	符号	pop_size	chromo_size	generation_size	$P_{c1}, P_{c2}$	$P_{m1}, P_{m2}$
	取	值	25	42	55	1.0, 0.7	0.11, 0.0011
2.2 %/ 即始道应度均值 / %/ 》 %/ 即始道应度均值 / %/ 》 5 % % % % % % % % % % % % % % % % % % %	寻优性 96.5 - 96.4 - 96.2 - 96.1 - 96.0 - 95.9 0 图 2 本文 ig.2 The ch	E能分析	↓ 16 24 迭代次数 / ℓ 立度均值随迭代 ness mean of th	1 32 40 次 次数的变化情况 ais method with the	%       96.5         %       96.4         96.3       -         2       96.3         2       96.4         9       96.2         9       96.1         9       96.1         9       96.0         9       96.1         9       96.0         9       96.1         9       96.0         9       9         9       <	24 36 送代次数 的牛肉变质区域识别 代次数的变化情 f fitness mean of bee d based on GA algor	48 60 /次 川方法的适应度均值随道 況 ef deterioration region ithm with iteration tim
Fig.2 The change of hunces mean of this method with the							

Table 1 Algorithmic parameter definition

表1 算法参数定义

306

#### Modern Food Science and Technology

优势,采用基于 GA 算法的牛肉变质区域识别方法进行对比测试。采用两种方法识别 5 组数据集中的牛肉变质数据,记录过程中两种方法的适应度均值随迭代次数的变化情况,用图 2、图 3 描述。

分析图 2 能够看出,本文方法的种群适应度均值 初始值较大约为 96.35%,随着迭代次数的增加种群的 适应度均值呈不断上升的趋势,实验结束时的适应度 均值达到 96.44%,此时迭代次数为 40,本文方法的 种群适应度均值稳定性较强,未出现显著波动状况。

分析图 3 可知,基于 GA 算法的牛肉变质区域识 别方法初始适应度均值与本文方法一致,但随着迭代 次数的增加,种群适应度均值出现低谷状态,迭代次 数为 36 时,种群的适应度均值仅为 91.12%,之后种 群的适应度均值逐渐恢复到初始值状态,在迭代次数 为 60 时结束实验。总体看来,基于 GA 算法的牛肉变 质区域识别方法的适应度均值波动状况显著。

对比两种方法的迭代次数可知,本文方法收敛的 速度较快,仅在迭代次数为40次时完成牛肉变质区域 识别,而且适应度均值不断增加,说明本文方法的全 局搜索能力较优。

2.3 维度变化分析

光谱数据的维数尽量最小,可提高牛肉变质区域 识别率。本次测试分析牛肉变质区域识别方法的维度 变化情况。其中变质牛肉如图4所示。



图 4 部分变质的牛肉 Fig.4 Partially spoiled beef

为保证实验的可靠性,引用基于 GA 算法的牛肉 变质区域识别方法、基于 IG-BSA 算法的牛肉变质区 域识别方法同时展开对比测试。图 5 为三种方法识别 牛肉变质区域过程中牛肉检测光谱数据的维数变化情 况。

分析图 5 能够清晰看出三种方法识别牛肉变质区 域过程中数据子集的维数变化情况,其中,基于 IG-BSA 算法的牛肉变质区域识别方法维数最高,即 优化维数的性能最差,最大维数为 45,最小维数为 36, 维数波动状况显著;随着实验的进行,基于 GA 算法 的牛肉变质区域识别方法维数在实验前期呈下降趋 势,实验中期维数逐渐升高,实验结束时的维数为 32; 本文方法的数据子集维数初始值为 18,整个实验过程 中维数持续下降,实验结束时的维数仅为 9,本文方 法的数据子集维数远远低于另外两种方法。



Fig.5 Dimensions of data subsets for different methods

综上可知,本文方法的数据子集初始维数最小, 且不断收敛至最小值,本文方法维数约简性能优于另 外两种方法,可有效提高牛肉变质区域的识别率。

2.4 识别性能分析

采用三种方法在5组实验数据集上分别测试8次, 记录三种方法的识别率、识别用时,如表2、表3、表 4所示。

г. і. і.	2 D	
表2	本文方法的识别性能	数据保留两位小数

	· · · · · ·	
实验次数	识别率/%	识别用时/s
1	92.15	1.63
2	93.26	2.14
3	95.65	1.55
4	96.16	1.46
5	96.53	1.57
6	97.34	1.62
7	97.63	2.24
8	98.34	1.83
均值	95.88	1.76

对比表 2、表 3、表 4 中的数据能够看出,本文方 法平均识别率高达 95.88%,高出基于 GA 算法的牛肉 变质区域识别方法 28.72%,高出基于 IG-BSA 算法的 牛肉变质区域识别方法 20.34%,说明本文方法具有识 别率高的优势;详细分析本文方法在 8 次测试中的识 别率可知,随着实验次数的增加,识别率越来越高, 这是因为本文方法识别牛肉变质区域过程中,数据子 集维数逐渐降低、种群适应度均值持续增加,为提高

#### 识别率提供有利条件。

表 3 基于 GA 算法的牛肉变质区域识别方法的识别性能

Table 3 Recognition performance of beef spoilage area

recognition method based on GA algorithm				
实验次数	识别率/%	识别用时/s		
1	62.53	5.65		
2	58.64	4.53		
3	65.95	4.32		
4	69.51	3.87		
5	72.34	3.28		
6	71.25	3.43		
7	69.81	2.97		
8	67.22	2.76		
均值	67.16	3.85		

|--|

cognition method based on 10-DSA algorithm
--

实验次数	识别率/%	识别用时/s
1	71.66	6.23
2	75.67	6.11
3	74.63	5.82
4	68.66	5.99
5	80.27	5.76
6	75.92	5.42
7	81.36	5.66
8	76.18	6.05
均值	75.54	5.89

本文方法仅使用1.7 s 就能完成100个数据集中牛肉变质区域识别工作,相比基于GA 算法的牛肉变质 区域识别方法节约2.09 s,相比基于IG-BSA 算法的牛 肉变质区域识别方法节约4.13 s,本文方法识别牛肉 变质区域用时较短是因为:本文方法在传统的遗传算 法基础上增加了自适应调整,自适应调整后的算法仅 通过40次迭代就能终止算法,完成牛肉变质区域识 别,并且具有较优的全局搜索能力,得到的识别结果 不仅准确率高、而且用时较短。

#### 3 结论

文章采用基于自适应寻优遗传算法识别牛肉变质 区域,本质是对牛肉的光谱数据进行识别,本文方法 存在两点优势:

3.1 在传统遗传算法基础上增加自适应函数。为准确 识别牛肉变质区域,光谱数据的维数尽量最小,适应 度函数使用的评价函数包含牛肉检测光谱数据子集的 维数,利用适应度函数确保光谱数据子集维数取值合 理,提高牛肉变质区域识别率。

3.2 自适应寻优遗传算法通过为不同个体计算交叉 概率与变异概率的方式,可有效避免交叉概率、变异 概率过大或者过小导致的收敛难度大、收敛速度过慢 的状况,提高本文方法全局搜索能力的同时,缩短识 别牛肉变质区域用时。

经验证,本文方法是一种高效率、性能优的牛肉 变质区域识别方法,为提高快速辨别牛肉质量提供一 种新的识别手段。

### 参考文献

[1] 张丽华,相启森,李顺峰,等.基于支持向量机的近红外光谱 技术鉴别掺假牛肉[J].西北农林科技大学学报:自然科学 版,2016,44(12):201-205

ZHANG Li-hua, XIANG Qi-sen, LI Shun-feng, et al. Identification of adulteration of minced beef with near infrared spectroscopy based on support vector machine [J]. Journal of Northwest A&F University (Natural Science Edition), 2016, 44(12): 201-205

[2] 叶松,张丙科,杨辉华,等.利用挥发物红外光谱鉴别牛肉变质状态[J].光谱学与光谱分析,2017,37(9):2751-2755

YE Song, ZHANG Bing-ke, YANG Hui-hua, et al. Identification of beef spoilage processes using the infrared spectrum of volatiles [J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2017, 37(9): 2751-2755

[3] 许茂增,余国印.基于云自适应遗传算法的 K-means 聚类分析[J].数学的实践与认识,2015,45(17):48-55

XU Mao-zeng, YU Guo-yin. K-means clustering analysis based on cloud adaptive genetic algorithm [J]. Mathematics in Practice and Theory, 2015, 45(17): 48-55

[4] 王笑丹,武瑞玾,徐丽萍,等.基于颜色传感器和遗传算法的
 牛肉系水力快速检测[J].农业工程学报,2018,34(11):293 299

WANG Xiao-dan, WU Rui-jia, XU Li-ping, et al. Rapid detection of water-holding capacity in beef using color senor and genetic algorithm [J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2018, 34(11): 293-299

- [5] 田欣,刘广瑞,周文博,等.基于改进自适应遗传算法的机器 人路径规划研究[J].机床与液压,2016,44(17):24-28
  TIAN Xin, LIU Guang-rui, ZHOU Wen-bo, et al. Research of robot path planning based on improved adaptive genetic algorithm [J]. Machine Tool & Hydraulics, 2016, 44(17): 24-28
- [6] 周秀丽,刘全,查恩辉.电子鼻在掺假牛肉馅识别中的应用 [J].食品工业科技,2017,38(4):73-76

ZHOU Xiu-li, LIU Quan, CHA En-hui, et al. The application of electronic nose in adulterated minced beef identification [J]. Science and Technology of Food Industry, 2017, 38(4): 73-76

- [7] 姜沛宏,张玉华,陈东杰,等.基于多源感知信息融合的牛肉 新鲜度分级检测[J].食品科学,2016,37(6):161-165
  JIANG Pei-hong, ZHANG Yu-hua, CHEN Dong-jie, et al. Measurement of beef freshness grading based on multi-sensor information fusion technology [J]. Food Science, 2016, 37(6): 161-165
- [8] 刘渊,杨永辉,张春瑞,等.一种基于遗传算法的 Fuzzing 测试 用例生成新方法[J].电子学报,2017,45(3):552-556
   LIU Yuan, YANG Yong-hui, ZHANG Chun-rui, et al. A novel method for fuzzing test cases generating based on genetic algorithm [J]. Acta Electronica Sinica, 2017, 45(3): 552-556
- [9] 陈骋,韩玲,余群力,等.冻融对牦牛肉色、微观结构和蛋白质 降解的影响[J].农业机械学报,2015,46(10):290-297
   CHEN Cheng, HAN Ling, YU Qun-li, et al. Impact of freeze-thaw cycles on color, microstructure and protein degradation of yak meat [J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2015, 46(10): 290-297
- [10] Rahman M H, Hossain M M, Rahman S M, et al. Evaluation of physicochemical deterioration and lipid oxidation of beef muscle affected by freeze-thaw cycles [J]. Korean Journal for Food Science of Animal Resources, 2015, 35(6): 772
- [11] 顾梦霞,张道德,张慧萍.DNA 图谱中的破损区域识别方法 研究与仿真[J].计算机仿真,2016,33(4):360-363

#### (上接第58页)

[20] 张红敏,陈世伟,张立实,等.大豆异黄酮对肥胖大鼠低度炎症水平的影响[J].中南大学学报(医学版),2006,3:336-339 ZHANG Hong-min, CHEN Shi-wei, ZHANG Li-shi, et al.

#### (上接第 219 页)

- [21] Zhou B, Li Y, Deng H, et al. Antibacterial multilayer films fabricated by layer-by-layer immobilizing lysozyme and gold nanoparticles on nanofibers [J]. Colloids & Surfaces B Biointerfaces, 2014, 116(5): 432-438
- [22] Feng K, Wen P, Yang H, et al. Enhancement of the antimicrobial activity of cinnamon essential oil-loaded electrospun nanofilm by the incorporation of lysozyme [J]. RSC Advances, 2017, 7(3): 1572-1580
- [23] 孙复钱,胡银,王小玉,等.聚乙烯醇/海藻酸钠复合纳米纤维 膜的制备和交联改性[J].材料导报,2016,30(4):37-40

GU Meng-xia, ZHANG Dao-de, ZHANG Hui-ping. Simulation of identification method for damage area in DNA map [J]. Computer Simulation, 2016, 33(4): 360-363

- [12] Utama D T, Lee S G, Baek K H, et al. High pressure processing for dark-firm-dry beef: Effect on physical properties and oxidative deterioration during refrigerated storage [J]. Asian-Australasian Journal of Animal Sciences, 2017, 30(3): 424-431
- [13] 朱荣光,段宏伟,王龙,等.不同分集方法对牛肉嫩度高光谱 检测模型的比较[J].食品与发酵工业,2016,42(4):189-192
  ZHU Rong-guang, DUAN Hong-wei, WANG Long, et al. Comparative research on hyperspectral detection model of beef tenderness with different sample set partitioning methods [J]. Food and Fermentation Industries, 2016, 42(4): 189-192
- [14] 陈士进,丁冬,李泊,等.基于机器视觉的牛肉结缔组织特征 和嫩度关系研究[J].南京农业大学学报,2016,39(5):865-871
   CHEN Shi-jin, DING Dong, LI Bo, et al. Research on relationship between beef connective tissue features and tenderness by computer vision technology [J]. Journal of Nanjing Agricultural University, 2016, 39(5): 865-871
- [15] 刘浩然,赵翠香,李轩,等.一种基于改进遗传算法的神经网络优化算法研究[J].仪器仪表学报,2016,37(7):1573-1580
  LIU Hao-ran, ZHAO Cui-xiang, LI Xuan, et al. Study on a neural network optimization algorithm based on improved genetic algorithm [J]. Chinese Journal of Scientific Instrument, 2016, 37(7): 1573-1580

Effects of soy isoflavone on low-grade inflammation in obese rat [J]. Journal of Central South University (Medical Sciences), 2006, 3: 336-339

SUN Fu-qian, HU Yin, WANG Xiao-yu, et al. Preparation and cross-linking modification of polyvinyl alcohol/sodium alginate composite nanofiber membranes [J]. Materials Review, 2016, 30(4): 37-40

[24] 张园园.静电纺丝制备壳聚糖/聚乙烯醇超细纤维及性能研 究[D].天津:天津大学,2005

ZHANG Yuan-yuan. Preparation of chitosan/pva superfine fiber and its properties by electrostatic spinning [D]. Tianjin: Tianjin University, 2005