



(12) 发明专利申请

(10) 申请公布号 CN 114136918 A

(43) 申请公布日 2022. 03. 04

(21) 申请号 202111431964.8

(22) 申请日 2021.11.29

(71) 申请人 中国科学院合肥物质科学研究院
地址 230031 安徽省合肥市蜀山区蜀山湖
路350号

(72) 发明人 吴跃进 程维民 王琦 张鹏飞
徐琢频 刘斌美 范爽

(74) 专利代理机构 合肥市浩智运专利代理事务
所(普通合伙) 34124

代理人 缪璐欢

(51) Int. Cl.

G01N 21/359 (2014.01)

G01N 21/01 (2006.01)

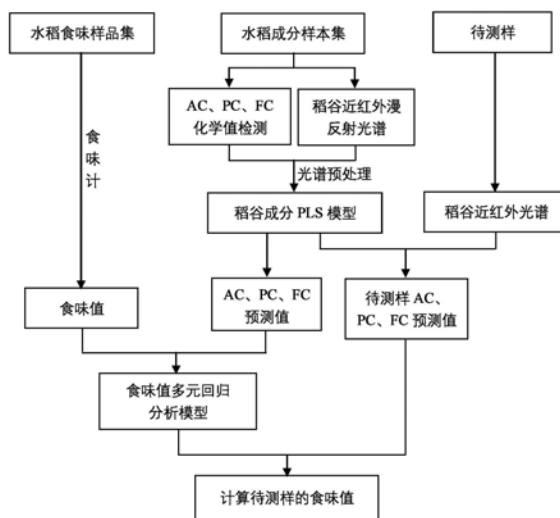
权利要求书2页 说明书6页 附图2页

(54) 发明名称

一种基于近红外的稻米食味品质评价方法

(57) 摘要

本发明公开一种基于近红外的稻米食味品质评价方法,涉及稻米食味品质检测技术领域,本发明包括以下步骤:S1、建立稻谷成分含量的近红外漫反射模型;S2、收集稻米食味品质有差异的样品,近红外成分模型预测食味样品成分含量;S3、检测水稻食味样品食味值;S4、将S2中每个样本成分含量的预测值与S3中所测的食味值关联,建立食味值的多元回归模型;S5、利用步骤S1-S4中构建的模型对待测样本的食味值进行预测。本发明的有益效果在于:本发明可快速、无损地检测稻米的食味值,检测时不需要对样本进行预处理,仅需直接对少量稻谷样本进行光谱采集即可预测出食味值,且预测结果与感官评价结果接近,准确性高。



1. 一种基于近红外的稻米食味品质评价方法,其特征在于:包括以下步骤:

S1、收集成分含量有差异、水分经过平衡的若干份稻谷样品,采集每份样本的近红外漫反射光谱,检测每份样本的成分含量,最后利用PLS算法建立水稻成分含量的近红外漫反射模型;

S2、收集稻米食味品质有差异的样品,构建稻米食味样本集,利用近红外漫反射模型预测该样本集中各样本的成分含量;

S3、检测水稻食味样本集中各个样本的食味值;

S4、将S2中每个样本成分含量的预测值与S3中所测的食味值关联,建立食味值的多元回归模型;

S5、对待分析的水稻样本,通过采集近红外漫反射光谱,并利用步骤S1中所构建的模型预测其各项成分含量,之后根据这些成分含量预测值,利用步骤S4中所构建的回归模型进行预测,获得每份样本的食味值。

2. 根据权利要求1所述的基于近红外的稻米食味品质评价方法,其特征在于:所述步骤S1中的成分包括直链淀粉、蛋白质和脂肪。

3. 根据权利要求1所述的基于近红外的稻米食味品质评价方法,其特征在于:所述步骤S1中近红外漫反射模型的构建包括以下步骤:

(1) 水稻样品干燥水分含量为12%-14%,干燥器中平衡水分2周;

(2) 每个样品选取10g饱满、成熟的稻谷装入直径22mm的玻璃瓶中,放置于布鲁克MPA近红外仪的样品槽中采集近红外漫反射光谱,每个样品重复采集两次光谱,两次重复期间瓶中的稻谷被重新混匀,两次重复的平均光谱作为该样品光谱;光谱扫描范围为4000-12000 cm^{-1} ,间隔为8 cm^{-1} ,扫描次数为32次;

(3) 化学法检测样品的直链淀粉含量、蛋白质含量和脂肪含量;

(4) 建立稻谷的成分含量近红外模型。

4. 根据权利要求3所述的基于近红外的稻米食味品质评价方法,其特征在于:所述步骤(3)中直链淀粉含量检测依据NY/T 2639-2014中流动注射仪法,蛋白质含量检测依据GB/T 5511-2008中凯式定氮法,脂肪含量检测依据GB 5009.6-2016中索式抽提法。

5. 根据权利要求3所述的基于近红外的稻米食味品质评价方法,其特征在于:所述步骤(4)中直链淀粉含量模型的预处理方法为多元散射校正、光谱区间为8794.31-4798.3 cm^{-1} ,因子数为13;蛋白质校正集模型选取的预处理方法为一阶导数+MSC,光谱区间为8655.4-7498.3 cm^{-1} ,6341.1-5762.6 cm^{-1} ,5184-4026.8 cm^{-1} ,因子数为11;脂肪校正集模型选取的预处理方法为消除常数偏移量,光谱区间为8859.8-7432.1 cm^{-1} ,因子数为4。

6. 根据权利要求1所述的基于近红外的稻米食味品质评价方法,其特征在于:所述步骤S2中,利用近红外漫反射模型预测稻谷食味样本集中各样本时,稻谷的前处理和光谱采集方法和步骤S1相同。

7. 根据权利要求1所述的基于近红外的稻米食味品质评价方法,其特征在于:所述步骤S3中将水稻食味样本集中中的样品脱壳碾磨成精米、煮熟、冷却后使用佐竹STA-1A米饭食味计检测样品米饭的食味值。

8. 根据权利要求1所述的基于近红外的稻米食味品质评价方法,其特征在于:所述步骤S4中,以直链淀粉含量AC、蛋白质含量PC、脂肪含量FC为自变量,食味值TV为因变量,建立多

元回归方程。

9. 根据权利要求8所述的基于近红外的稻米食味品质评价方法,其特征在于:所述多元回归方程的计算式为 $TV=119.938-0.774\times AC-11.533\times PC+15.432\times FC$ 。

10. 根据权利要求1所述的基于近红外的稻米食味品质评价方法,其特征在于:对待分析的水稻样本进行传统的感官评价,将感官评价得到的感官评分与预测获得的食味值进行比对。

一种基于近红外的稻米食味品质评价方法

技术领域

[0001] 本发明涉及稻米食味品质检测技术领域,具体涉及一种基于近红外的稻米食味品质评价方法

背景技术

[0002] 水稻是目前世界上最重要的粮食作物,是全球一半以上人口的主食,随着市场上稻米新品种的不断涌现,消费者对稻米口感的要求不断提高,而且不同地区的消费者对稻米口感的感知存在显著的差异,这使得稻米的口感评价尤其困难且没有统一的标准。

[0003] 常见的评价稻米食味品质的理化指标为直链淀粉、蛋白质、脂肪以及和淀粉相关的指标(胶稠度、糊化温度、碱消值等),虽然通过这些理化指标对食味品质的初步评估的结果趋势一致,但准确度需要提高。传统的稻米蒸煮食味品质的评价方法是感官评价,感官评价是品尝人员直接通过眼、鼻、口对米饭外观气味、结构、适口性等特性进行的综合评价。这种方法主观性强、价格昂贵、样品用量多、检测速度慢、会损毁样品。

[0004] 因此,研究人员试图通过仪器对食味品质的评价更加的具有准确性和科学性。目前常见的食味评价仪器有粘度速测仪、质构仪、食味计等,粘度速测仪、质构仪都是建立在与口感密切相关的理化指标的基础上对食味进行评价。食味计是使用内部的近红外仪结合感官评价,通过分析建立数学模型,借助计算机软件及相关应用软件,计算出稻米的食味值。这些仪器检测的食味值虽然准确性高,但是都将稻谷加工处理后作为研究对象,这使得检测速度慢、前处理过程繁琐、样本用量大、会损毁稻谷的缺点不能完全解决。同时,稻谷加工后无法继续种植,这使得育种人员无法在低世代进行品质筛选,导致育种时间变长、育种效率降低。

[0005] 近红外光谱技术(NIRS)是一种快速、无损的检测方法,主要利用不同的含氢基团在波数 $13333-4000\text{cm}^{-1}$ (波长 $750-2500\text{nm}$)区间的倍频和合频吸收的差异进行分析,近红外已被广泛应用于水稻品质的分析。目前,与食味品质相关的理化指标均有近红外模型成功建立,而且样品用量从大量到少量甚至单粒都有涉及。因此,可结合近红外技术对少量稻谷的成分含量进行无损预测,并与食味值关联建立模型,实现对稻米食味品质的快速检测。

[0006] 公开号为CN111007040A的专利公开大米食味品质近红外光谱快速评价方法,但其仍然需要对样品进行挑选、脱壳、砻谷、碾米后,制成精米,将精米近红外光谱与食味值关联后建模,然后进行检测。其操作过程慢、前处理过程繁琐、样品用量较大、需要损毁样品。因为食味品质是对米饭进行评价,外部的谷壳会降低近红外检测的灵敏度及准确度,所以现有的近红外食味品质仪器评价都是通过米饭、精米或者糙米对稻米的食味品质进行评价。

发明内容

[0007] 本发明所要解决的技术问题在于现有技术中稻米食味检测存在操作过程慢,前处理过程繁琐、样品用量较大、需要损毁样品的问题,提供基于近红外的快速评价稻米食味品质的方法,替代现有的以糙米、精米或者米饭为对象的食味品质检测方法,实现更加快速无

损的稻米食味品质检测。

[0008] 本发明通过以下技术手段实现解决上述技术问题：

[0009] 一种基于近红外的稻米食味品质评价方法，包括以下步骤：

[0010] S1、收集成分含量有差异、水分经过平衡的若干份稻谷样本，采集每份样本的近红外漫反射光谱，检测每份样本的成分含量，最后利用PLS算法建立水稻化学成分含量的近红外漫反射模型；

[0011] S2、收集稻米食味品质有差异的样品，构建稻米食味样本集，利用近红外漫反射模型预测该样本集中各样本的成分含量；

[0012] S3、检测水稻食味样本集中各样本的食味值；

[0013] S4、将S2中每个样本成分含量的预测值与S3中所测的食味值关联，建立食味值的多元回归模型；

[0014] S5、对待分析的水稻样本，通过采集近红外漫反射光谱，并利用步骤S1中所构建的模型预测其各项化学成分含量，之后根据这些成分含量预测值，利用步骤S4中所构建的回归模型进行预测，获得每份样本的食味值。

[0015] 有益效果：本发明中使用稻谷基于近红外光谱技术直接测定大米主要成分含量，再使用大米主要成分与食味品质之间的回归分析模型评价大米的食味。此方法前处理简单，样品无损、用量少，可在低世代实现稻米食味品质筛选。

[0016] 本发明以稻谷为检测对象，通过适用范围广的水稻近红外漫反射模型预测水稻主要化学成分（直链淀粉、蛋白质和脂肪），由于水稻化学成分于米饭食味品质的相关性高，通过水稻的主要成分直链淀粉、蛋白质、脂肪和食味计检测的评价稻米食味品质的食味值之间的相关性建立食味值回归分析模型以预测稻米的食味品质。为提高模型的准确性，收集众多化学值有差异、来源不同的水稻材料，建立范围广、准确性高、与食味品质相关性强的水稻成分近红外模型。

[0017] 本发明可快速、无损地检测稻米的食味值，检测时不需要对样本进行前处理，仅需直接对少量稻谷样本进行光谱采集即可预测出食味值，且预测结果与感官评价结果接近，准确性高。

[0018] 优选地，所述步骤S1中的成分包括直链淀粉、蛋白质和脂肪。

[0019] 优选地，所述步骤S1中近红外漫反射模型的构建包括以下步骤：

[0020] (1) 水稻样品干燥水分含量为12%-14%，干燥器中平衡水分2周；

[0021] (2) 每个样品选取10g饱满、成熟的稻谷装入直径22mm的玻璃瓶中，放置于布鲁克MPA近红外仪的样品槽中采集近红外漫反射光谱，每个样品重复采集两次光谱，两次重复期间瓶中的稻谷被重新混匀，两次重复的平均光谱作为该样品光谱；光谱扫描范围为4000-12000 cm^{-1} ，间隔为8 cm^{-1} ，扫描次数为32次；

[0022] (3) 化学法检测样品的直链淀粉含量、蛋白质含量和脂肪含量；

[0023] (4) 建立稻谷的成分含量近红外模型。

[0024] 优选地，所述步骤(3)中直链淀粉含量检测依据NY/T 2639-2014中流动注射仪法，蛋白质含量检测依据GB/T 5511-2008中凯式定氮法，脂肪含量检测依据GB 5009.6-2016中索式抽提法。

[0025] 优选地，所述步骤(4)中直链淀粉含量模型的预处理方法为多元散射校正、光谱区

间为 $8794.31-4798.3\text{cm}^{-1}$,因子数为13;蛋白质校正集模型选取的预处理方法为一阶导数+MSC,光谱区间为 $8655.4-7498.3\text{cm}^{-1}$, $6341.1-5762.6\text{cm}^{-1}$, $5184-4026.8\text{cm}^{-1}$,因子数为11;脂肪校正集模型选取的预处理方法为消除常数偏移量,光谱区间为 $8859.8-7432.1\text{cm}^{-1}$,因子数为4。

[0026] 优选地,所述步骤S2中,利用近红外漫反射模型预测稻谷食味样本集中各样本时,稻谷的前处理和光谱采集方法和步骤S1相同。

[0027] 优选地,所述步骤S3中将水稻食味样本集中的样品脱壳碾磨成精米、煮熟、冷却后使用佐竹STA-1A米饭食味计检测样品的食味值。

[0028] 优选地,所述步骤S4中,以直链淀粉含量AC、蛋白质含量PC、脂肪含量FC为自变量,食味值TV为因变量,建立多元回归方程。

[0029] 优选地,所述多元回归方程的计算式为 $TV = 119.938 - 0.774 \times AC - 11.533 \times PC + 15.432 \times FC$ 。

[0030] 优选地,为了检验食味值模型的准确性,对待分析的水稻样本进行传统的感官评价,将感官评价得到的感官评分与预测获得的食味值进行比对。

[0031] 本发明的优点在于:本发明中使用稻谷基于近红外光谱技术直接测定大米主要成分含量,再使用大米主要成分与食味品质之间的回归分析模型评价大米的食味。此方法前处理简单,样品无损、用量少,可在低世代实现稻米食味品质筛选。

[0032] 本发明以稻谷为检测对象,通过适用范围广的水稻近红外漫反射模型预测水稻主要化学成分(直链淀粉、蛋白质和脂肪),由于水稻化学成分于米饭食味品质的相关性强,通过水稻的主要成分直链淀粉、蛋白质、脂肪和食味计检测的评价稻米食味品质的食味值之间的相关性建立食味值回归分析模型以预测稻米的食味品质。为提高模型的准确性,收集众多化学值有差异、来源不同的水稻材料,建立范围广、准确性高、与食味品质相关性强的水稻成分近红外模型。

[0033] 本发明可快速、无损地检测稻米的食味值,检测时不需要对样本进行前处理,仅需直接对少量稻谷样本进行光谱采集即可预测出食味值,且预测结果与感官评价结果接近,准确性高。

附图说明

[0034] 图1为本发明实施例1中稻米食味品质的评价方法流程图;

[0035] 图2为本发明实施例1中的稻谷代表性近红外光谱;

[0036] 图3为本发明实施例1中稻谷成分近红外漫反射模型交叉检验结果(A:直链淀粉含量,B:蛋白质含量,C:脂肪含量);

[0037] 图4为本发明实施例1中稻谷成分近红外漫反射模型验证结果(A:直链淀粉含量,B:蛋白质含量,C:脂肪含量);

[0038] 图5为本发明实施例1中的食味值回归模型。

具体实施方式

[0039] 为使本发明实施例的目的、技术方案和优点更加清楚,下面将结合本发明实施例,对本发明实施例中的技术方案进行清楚、完整地描述,显然,所描述的实施例是本发明一部

分实施例,而不是全部的实施例。基于本发明中的实施例,本领域普通技术人员在没有做出创造性劳动前提下所获得的所有其他实施例,都属于本发明保护的范围。

[0040] 下述实施例中所用的试验材料和试剂等,如无特殊说明,均可从商业途径获得。

[0041] 实施例中未注明具体技术或条件者,均可以按照本领域内的文献所描述的技术或条件或者按照产品说明书进行。

[0042] 基于近红外的稻米食味品质评价方法,具体包括以下步骤:

[0043] S1、建立稻谷成分含量的近红外漫反射模型。本实施例中,为了验证所构建的稻谷成分含量近红外漫反射模型的有效性,将所使用的样本划分成校正集和验证集,其中校正集用于构建模型,验证集用于验证和评价所构建模型的预测效果。具体步骤为:

[0044] (1) 收集502份2017-2020年收集的直链淀粉、蛋白质和脂肪含量有差异的水稻样品,其中直链淀粉材料388份(籼稻221份,粳稻167份),蛋白质材料178份(籼稻73份,粳稻105份),脂肪含量158份(籼稻68份,粳稻90份)。水稻样品自然晒干至水分含量约为12-14%,放入干燥器中平衡水分2周。

[0045] (2) 选取饱满的籽粒10g稻谷放入直径22mm的小玻璃瓶,放置在MPA型变换光谱仪的检测窗口进行漫反射光谱采集。漫反射光谱波数范围 $4000-12000\text{cm}^{-1}$,间隔为 8cm^{-1} ,扫描次数为32次。每个样品重复采集2次光谱,两次重复期间瓶中的稻谷被重新混匀,将两次重复的平均光谱作为该样品光谱。近红外光谱如图1所示。

[0046] (3) 检测样品的直链淀粉含量、蛋白质含量、脂肪含量:直链淀粉含量检测采用NY/T 2639-2014中碘显色反应,蛋白质含量检测采用GB/T 5511-2008中凯式定氮法,脂肪含量检测采用GB 5009.6-2016中索式抽提法。

[0047] (4) 使用KS算法将样品按2:1分为校正集、检验集。

[0048] 其中,校正集的直链淀粉含量、蛋白质含量、脂肪含量的分布范围分别为1.2%-24.6%、6.5-10.8%、2.2-4.2%,标准差分别为5.4%、0.7%、0.4%;检验集的直链淀粉含量、蛋白质含量、脂肪含量的分布范围分别为1.2%-23.6%、6.5%-9.7%、2.3%-4.2%,标准差分别为5.3%、0.7%、0.4%。

[0049] (5) 将校正集样品光谱和化学值关联,选取合适的预处理方法和光谱区间,留一交叉验证法建立近红外PLS模型。

[0050] 其中,建立的直链淀粉含量模型的预处理方法为多元散射校正,光谱区间为 $8794.31-4798.3\text{cm}^{-1}$,因子数为13;蛋白质校正集模型选取的预处理方法为一阶导数+MSC,光谱区间为 $8655.4-7498.3\text{cm}^{-1}$, $6341.1-5762.6\text{cm}^{-1}$, $5184-4026.8\text{cm}^{-1}$,因子数为11;脂肪校正集模型选取的预处理方法为消除常数偏移量,光谱区间为 $8859.8-7432.1\text{cm}^{-1}$,因子数为4。模型的交叉检验结果如图3所示。

[0051] (6) 检验集验证模型效果,模型的验证结果如图4所示。由图4可知,所建模型对验证集样本的预测效果良好,验证集样本的直链淀粉、蛋白和脂肪含量的预测值和真值之间的决定系数、预测均方根误差与校正集接近。说明该模型可以有效适用于待测水稻成分含量的预测。

[0052] S2、收集100份粳稻食味样品,近红外成分模型预测食味样品直链淀粉含量、蛋白质含量、脂肪含量。其中,直链淀粉含量的均值、标准差、范围分别为10.8%、3.3%、2.6-20.5%,蛋白质含量的均值、标准差、范围分别为8.4%、0.8%、6.9-10.2%,脂肪含量的均

值、标准差、范围分别为3.2%、0.3%、2.4-3.9%。

[0053] S3、食味样品的稻谷脱壳、碾磨成精米后,使用STA-1A型食味计(佐竹,日本)检测粳稻食味样品食味值。具体步骤为:

[0054] 称取30g精米按照佐竹食味计制备米饼的标准清洗、浸泡、蒸熟米饭、保温、冷却和压米饼,每个样品制备2个米饼利用食味计进行食味值检测,将2个米饼的食味值的均值作为最终结果。

[0055] 其中,食味值的均值、标准差、范围分别为64.1、9.9、30.5-80.4。

[0056] S4、食味值回归分析模型的建立。

[0057] (1) 食味值模型的构建。将S2的成分与S3的食味值关联,以直链淀粉含量、蛋白质含量、脂肪含量为自变量,食味值为因变量,建立多元回归方程。计算式为: $TV=119.938-0.774 \times AC-11.533 \times PC+15.432 \times FC$, R^2 为0.8206,其中AC表示直链淀粉含量,PC表示蛋白质含量,FC表示脂肪含量,TV为食味值,食味值回归分析结果如图5所示。

[0058] (2) 食味值模型的验证。从“安徽省优质稻品种食味品质鉴评会”的参选材料中选取21个份食味品质有差异的水稻品种作为食味值模型的验证样品,用于评价本发明方法对稻谷食味品质的预测效果。在采用本发明方法获得验证样品的食味预测值后,将其与对应的感官评分相对比,评价所测结果和感官评价结果的一致性。具体步骤为:

[0059] a、选取21份食味值有差异的食味值验证样品,按照S2中方法预测样品的直链淀粉含量、蛋白质含量、脂肪含量,按照S3中方法检测食味值;按照S4中的食味值模型预测食味值验证样品的食味值;

[0060] b、对食味值模型验证样品进行感官评价,具体步骤为:选取20个参照粳稻,参照大米蒸煮食用品质感官评价方法(GB/T15682-2008)进行稻米食味的感官评价。以“五优稻4号(黑龙江,五常)”为对照,对每份大米样品蒸煮出的米饭的食味进行评分。根据气味、外观、适口性三个指标的表现与对照样品逐项比较评定。米饭在每项指标中的表现被分为“差、较差、相同、略好、好”5个等级,分别记作-2、-1、0、1、2分。每份样品的食味感官评价总分按照如下公式计算:

[0061] $E=E_{ck}+25 \times (0.15S+0.15A+0.7T)$

[0062] 其中,E为每份样品食味总分; E_{ck} 为对照的食味总分,本研究中根据对照在食味计中的得分,将该值设为75;S为气味得分;A为外观得分;T为适口性得分。

[0063] c、验证模型对蒸煮与食味品质的评价效果,具体结果如表1所示。由表1可知,模型的预测值与感官评价获得的食味值的一致性高,表明本发明所使用的食味品质检测方法具有良好的准确性。

[0064] 表1验证模型对蒸煮与食味品质的评价效果

水稻品种	感官评分	化学成分			食味值	预测食味值	
		直链淀粉含量/%	蛋白质含量/%	脂肪含量/%			
[0065]	南粳 5055	52.9	8.9	9.2	2.6	44.5	47.4
	依粳 8 号	61.3	14.9	8.5	2.9	51	55.2
	南粳晶谷	67.2	13	8.2	3	54.3	61.9
	绿粳 58	60.8	17.7	7.6	3.2	58.2	68
	III 优 304	64.6	15.2	7.6	2.9	60	64.9
	当禾 715	69.3	14.2	8	3.2	62.2	65.8
	金香玉一号	64.6	10.2	7.8	2.9	65.1	67.2
	皖垦津清	64.9	11.7	8	3	65.6	64.9
	绿香粳 28	70.4	13.1	7.9	3	65.7	64.8
	徽香软一号	77.2	7.9	8	3.4	66	73.4
	科辐粳 9 号	72.1	19	7.3	3.2	68.5	70.3
	南陵粳 7204	74	14.5	7.2	2.7	68.6	67.1
	当育粳 1608	66.5	13.3	8.3	3.3	68.8	64.7
	[0066]	中禾优 1 号	73.9	14.1	7.7	3	69.7
皖垦粳 2 号		72.1	10.8	7.7	2.9	70.3	67
长农粳 1 号		87.9	10.8	7.9	3.8	71	78
安桃香粳		70	11.5	7.3	2.6	71.1	66.5
青香软粳		77.9	12.4	7.3	3.2	72	75.5
中科香粳 1 号		78.1	16.7	6.8	3.2	75.6	77.3
五优稻 4 号		75	6.8	7.6	3	77	73.1
宁香粳 9 号		89.4	9.6	7.6	3.8	80.4	83.3

[0067] S5、对待分析的水稻样本,通过采集近红外漫反射光谱,并利用S1中所构建的模型预测其各项成分含量,之后根据这些成分含量预测值,利用S4中所构建的回归模型进行预测,获得每份样本的食味值。

[0068] 以上实施例仅用以说明本发明的技术方案,而非对其限制;尽管参照前述实施例对本发明进行了详细的说明,本领域的普通技术人员应当理解:其依然可以对前述各实施例所记载的技术方案进行修改,或者对其中部分技术特征进行等同替换;而这些修改或者替换,并不使相应技术方案的本质脱离本发明各实施例技术方案的精神和范围。

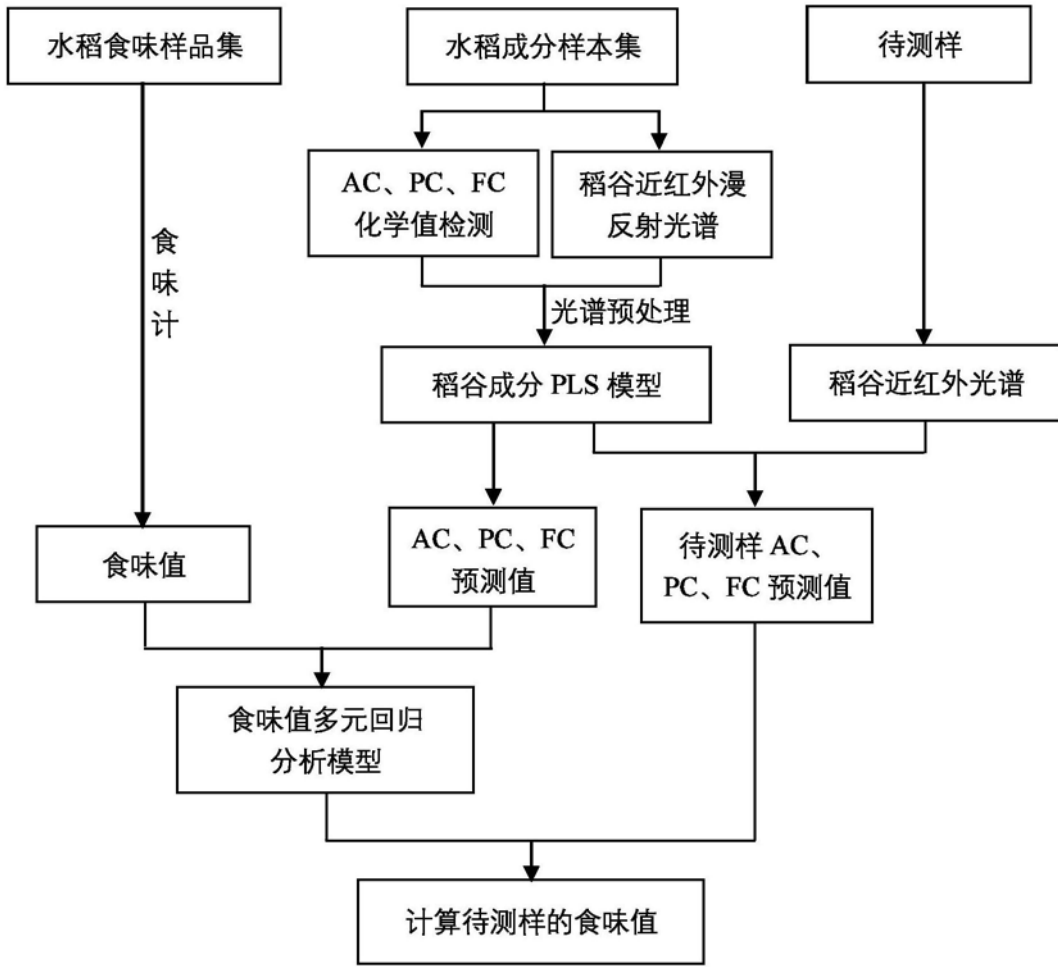


图1

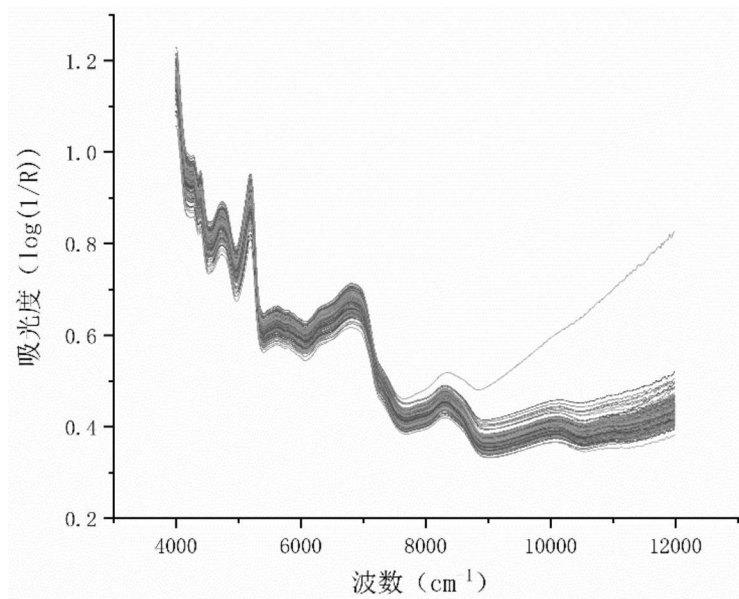


图2

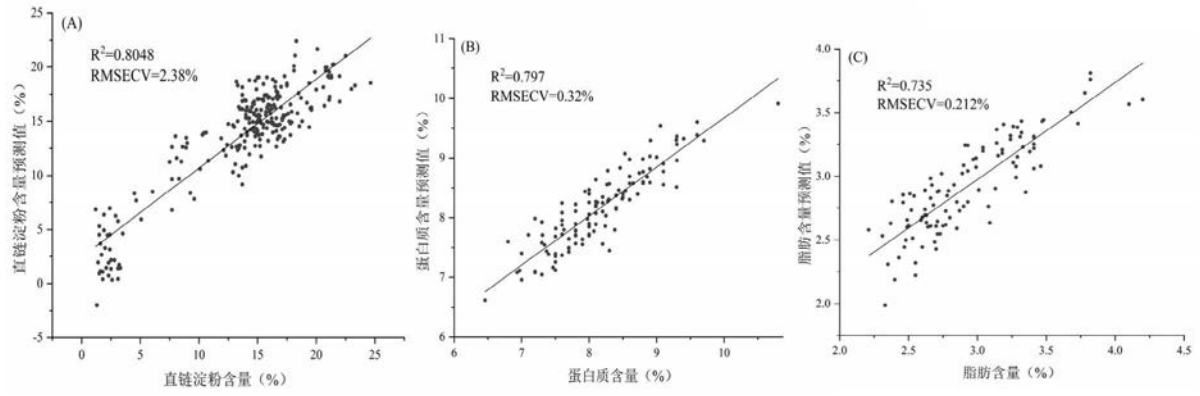


图3

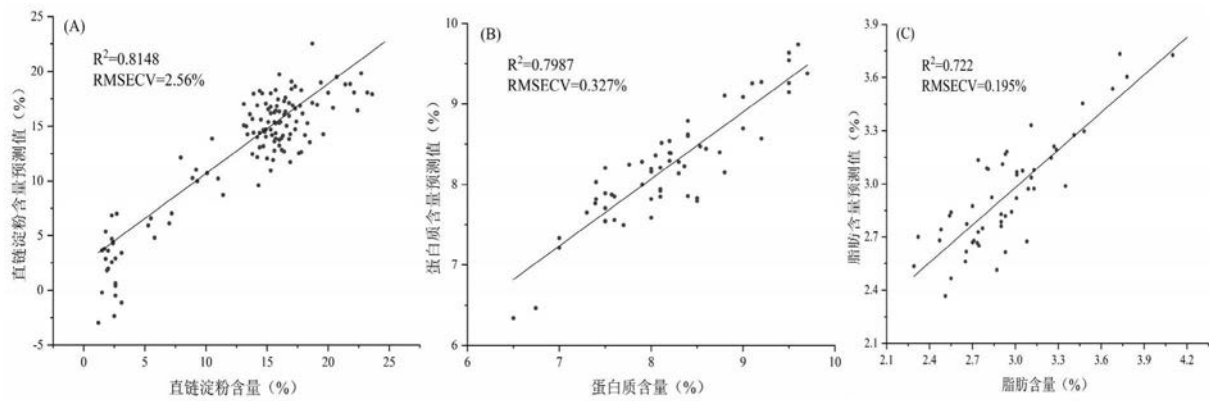


图4

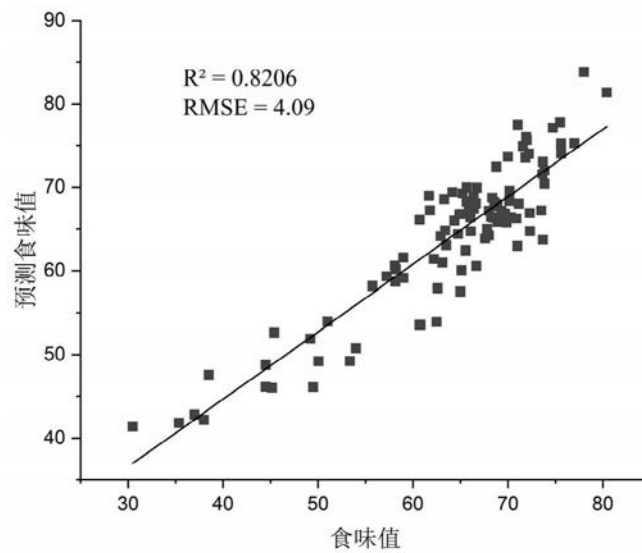


图5