

近红外光谱法 快速测定藜麦籽粒粗蛋白含量

赵丽华¹, 巩元勇¹, 张洁², 林长彬³, 王颖², 李学武¹, 代寻¹, 蒋云^{2,*}

(1. 攀枝花学院生物与化学工程学院, 四川攀枝花 617000;

2. 四川省农业科学院生物技术核技术研究所, 四川成都 610061;

3. 四川省农业科学院农产品加工研究所, 四川成都 610066)

摘要:目的:为了满足高蛋白藜麦的选育、栽培和农业实践所需,实现藜麦籽粒粗蛋白含量快速、无损检测。方法:本研究应用近红外光谱技术对藜麦籽粒粗蛋白含量的快速检测进行系统研究,选用具有代表性的122份藜麦品种为试材,以其中94份为建模集,28份为验证集,扫描得到藜麦建模集的近红外原始光谱,用Unscrambler 10.4软件进行光谱预处理并使用偏最小二乘法(PLS)建立藜麦籽粒粗蛋白含量的定量预测模型。结果:经滤波拟合法(Savitzky-Golay, SG) + 标准正态变量(Standard Normal Variate, SNV)预处理建立的模型预测值决定系数(R^2)为0.9380,被测组分浓度分析误差(RMSE)为0.4823,表现最佳。用此模型对验证集28份样品进行预测,相关分析表明,预测值与国标法实测值决定系数为0.9416;单因素方差分析表明,国标法实测值和模型预测值之间无显著差异($P > 0.05$),建立的模型具有很高的准确性,预测效果良好。结论:近红外光谱法作为一种简单快速无损的检测手段,能够用于藜麦籽粒粗蛋白含量的检测,可以为优质藜麦育种、栽培和农业实践提供技术支持。

关键词:近红外光谱, 藜麦籽粒, 蛋白质含量, 偏最小二乘法

Rapid Determination of Quinoa Seeds Crude Protein Content Using Near Infrared Spectroscopy

ZHAO Li-hua¹, GONG Yuan-yong¹, ZHANG Jie², LIN Chang-bin³,
WANG Ying², LI Xue-wu¹, DAI Xun¹, JIANG Yun^{2,*}

(1. Department of Biological and Chemical Engineering, Panzhihua University, Panzhihua 617000, China;

2. Biotechnology and Nuclear Technology Research Institute, Sichuan

Academy of Agricultural Sciences, Chengdu 610061, China;

3. Institute of Agro-products Processing Science and Technology,

Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Chengdu 610066, China)

Abstract: Objective: In order to meet the requirements of breeding, cultivation and agricultural practice of high protein quinoa, and determine a quickly and nondestructive measurement of quinoa grain crude protein content method. Method: In this study, the rapid detection of the crude protein content in quinoa grains was systematically studied by using near-infrared spectroscopy. 122 representative quinoa varieties were selected as the test materials, among which 94 were used as the modeling set and 28 were used as the verification set. The Unscrambler 10.4 software was used to preprocess the original near-infrared spectra data after scanning, and established the quantitative prediction model of quinoa kernel crude protein content by partial least square method (PLS). Results: Combing the filter fitting method (Savitzky-Golay, SG) and Standard Normal Variate (SNV), obtained the best result, with the model predictive value determination coefficient (R^2) of 0.9380, and the component concentration analysis error (RMSE) of 0.4823. The correlation analysis of the 28 samples in the verification set showed that the determination coefficient between the predicted value and the measured value of the national standard method was 0.9416. One-way anova showed that there was no significant difference between the measured value of GB method and the predicted value

收稿日期: 2019-09-30

作者简介: 赵丽华(1985-), 女, 博士, 讲师, 研究方向: 金沙江干热河谷生态修复、园艺植物栽培、园艺产品贮藏与加工, E-mail: pzhzhaolihua@163.com。

* 通讯作者: 蒋云(1982-), 男, 博士研究生, 副研究员, 研究方向: 作物遗传育种, E-mail: 85197544@qq.com。

基金项目: 干热河谷特色生物资源开发四川省高校重点实验室项目(GR-2017-E-03, GR-2018-C-01); 四川省科技厅应用基础研究项目(19YYJC1703); 2019年中央财政林业科技推广示范项目(2019-017); 攀枝花学院博士科研启动基金(bkqj2017012); 攀枝花市康养产业科研平台建设专项经费(2018CY-S-29)。

of the model ($P > 0.05$), and indicating that the established model had high accuracy and good prediction effect. Conclusion: As a simple, this method can be used as a rapid and non-destructive method for the detection of crude protein content of the quinoa seeds, and can provide technical support for the breeding, cultivation and agricultural practice of high-quality quinoa.

Key words: near infrared spectroscopy (NIRS); quinoa seeds; protein content; partial least square

中图分类号: TS213

文献标识码: A

文章编号: 1002-0306(2020)15-0233-05

doi: 10.13386/j.issn1002-0306.2020.15.036

引文格式: 赵丽华, 巩元勇, 张洁, 等. 近红外光谱法快速测定藜麦籽粒粗蛋白含量[J]. 食品工业科技, 2020, 41(15): 233-236, 243.

藜麦 (*Chenopodium quinoa* willd.) 又称藜米、南美藜、昆诺阿藜等, 为苋科 (Amaranthaceae) 藜亚科 (Chenopodiaceae) 藜属 (*Chenopodium*) 一年生双子叶植物, 是一种原产南美洲的杂粮假谷类作物, 近年来发展非常迅速^[1-6]。联合国粮农组织将藜麦视为可满足人体基本营养需求的单体粮食作物, 并将 2013 年设为国际藜麦年。美国航天局则将藜麦列为外太空空间的理想“太空粮食”^[7]。藜麦的营养物质含量丰富, 成分均衡, 其蛋白质含量为 12%~23% 左右, 富含人体必需的八种氨基酸且与世界卫生组织发布的人体必需氨基酸摄入量高度吻合, 同时藜麦蛋白质的净消化率、净利用率显著高于其他谷物, 是人类优秀的蛋白质来源^[8-12]。藜麦籽粒蛋白质含量是评价藜麦品质的主要指标之一, 在食品加工、商品定级、品种选育等方面具有重要的参考价值, 因此实现藜麦蛋白质含量快速检测具有重要意义。目前测量谷物蛋白质含量的方法主要有凯氏定氮法, 双缩脲法, 紫外吸收法等, 这些方法步骤繁多, 对操作人员要求较高, 不利于对大量样品进行快速检测。

近红外技术的研究与应用已成为近年来国内外发展最快的光谱分析技术, 具有简单、快速、无损、环保、分析成本低、重现性好、便于实现在线检测的特点, 已经成为现代无损检测的代表和主要发展方向^[13]。从 20 世纪 60 年代以来, 近红外技术开始用于谷物品质测定, 目前已用于各种谷物籽粒分析包括小麦、玉米、大豆、燕麦、花生等多个作物, 主要测试指标包括水分、蛋白质、脂肪、纤维、容重等^[14]。王姣姣等^[15]以 190 份豌豆为原料, 建立了豌豆蛋白质、淀粉、脂肪和总多酚的快速检测模型。王丽君等^[16]利用傅里叶变换近红外光谱技术扫描绿豆籽粒和粉末样品, 预测了绿豆籽粒及粉末中蛋白、淀粉和直链淀粉 3 种组分的含量, 并将其运用到绿豆品质评价工作中。但关于藜麦粗蛋白含量的近红外分析研究报道较少, 曹晓宁等^[17-19]建立了基于近红外光谱技术的藜麦脂肪、纤维和淀粉的预测模型; 石振兴等^[20-21]对藜麦粉的粗蛋白、粗脂肪和淀粉含量进行了近红外研究, 构建了近红外预测模型, 但二者均未对藜麦籽粒粗蛋白含量进行近红外建模研究。2014 年, Escuredo 等^[22]则通过近红外光谱分析技术得到了藜麦中 12 种氨基酸快速测定的近红外模型, 预测效果较好。

本研究利用近红外光谱分析技术对藜麦籽粒粗蛋白含量进行快速检测研究, 试图建立稳定性好、精确度高的藜麦籽粒粗蛋白含量近红外分析模型, 为高蛋白藜麦品种选育和栽培措施研究提供技术支持。

1 材料与方法

1.1 材料与仪器

藜麦种子 (122 份) 2018 年 10 月收获并自然风干的净籽粒, 来自于攀枝花市格萨拉乡、阿坝州马尔康市、西藏自治区日喀则市; 浓硫酸、氢氧化钠、硼酸、盐酸、硫酸亚铁铵 分析纯, 成都市科龙化工试剂厂; 溴甲酚绿、甲基红 分析纯, 美国 Sigma 公司; 凯氏定氮高效催化剂片 无纯度分级, 赛诺利康生物技术 (北京) 有限公司。

Kjeltec 8400 全自动凯氏定氮仪 丹麦福斯 (FOSS) 分析仪器公司; DT208 消化炉 丹麦福斯 (FOSS) 分析仪器公司; ME104E 电子天平 梅特勒-托利多仪器 (上海) 有限公司; DA7200 二极管阵列近红外光谱仪 瑞典波通 (Pertent) 公司。

1.2 实验方法

1.2.1 预处理方法 将 122 份样本根据浓度范围和分布均匀的原则, 将其中的 94 份作为建模集, 其余 28 份样本作为验证集。每个建模集样本分为一式两份, 一份磨碎后过 100 目筛, 用于粗蛋白含量化学值的测定; 另一份完整籽粒用于近红外光谱采集。每个验证集样本也分为一式两份, 一份磨碎后过 100 目筛, 用于粗蛋白含量化学值的测定; 另一份完整籽粒用模型预测蛋白含量进行外部验证。

1.2.2 国标法测定藜麦籽粒粗蛋白含量 依据国标 GB/T 5511-2008《谷物和豆类氮含量测定和粗蛋白含量计算凯氏法》进行藜麦籽粒粗蛋白含量的测定, 蛋白转换系数 6.25。每个藜麦样品做 3 次重复。

1.2.3 红外光谱采集 将藜麦籽粒样品均匀装入 $\varphi 75$ mm 的样品盘中, 再用直尺刮平藜麦表面和盘口齐平。使用近红外分析仪以 5 nm 的分辨率扫描 60 次, 样品及环境温度均为 26 °C, 光谱扫描范围为 950~1650 nm, 得扫描光谱图。每个样品重复扫描 2 次, 每次扫描均重新装样, 获得平均光谱曲线。

1.3 数据处理

参考杨勇等^[23]的方法, 用 Unscrambler10.4 软件对得到的藜麦籽粒光谱进行预处理并使用偏最小二乘法 (PLS) 建立模型。模型的预测效果根据校正决定系数 (R^2)、校正均方根误差 (RMSEC)、交叉验证决定系数 (R^2) 和预测均方根误差 (RMSEP) 进行综合评测, 以得到最优的近红外模型组合。

2 结果与分析

2.1 藜麦籽粒粗蛋白测试结果统计

由建模集和预测集藜麦样品籽粒粗蛋白的分布情况 (表 1) 可知, 122 份样品中, 建模集的 94 个样品

表1 建模集和验证集籽粒粗蛋白含量

Table 1 Kernel crude protein content of quinoa samples used for calibration and validation

分组	样品数	粗蛋白含量变异范围(%)	粗蛋白含量均值(%)	标准差
建模集	94	11.3~22.7	14.9	2.2
验证集	28	10.2~20.9	15.3	2.0

中,粗蛋白含量变异范围为 11.3%~22.7%,平均含量为 14.9%,验证集的 28 个样品中,粗蛋白含量变异范围为 10.2%~20.9%,平均含量为 15.3%。与前人研究结果相比,分布范围更广^[21,24],分布较为均匀,具有较好的代表性。

2.2 藜麦籽粒的近红外光谱

每份藜麦粉末扫描 3 次,采用 Unscrambler 10.4 软件的主成份分析(PCA, principal component analysis)法和光谱图去除了化学异常值样本 1 份和光谱异常值样本 4 份。如图 1 所示,参试样品在波长 950~1650 nm 范围内均有明显的吸收峰,其中不同样本在 950~1130 nm 区间的近红外光谱较分散,而在 1130~1650 nm 区间则十分接近。有文献报道^[25-27],950~1250 nm 处于 C-H 等键的多级倍频区,光谱图较散;而 1250~1650 nm 区间,则是 C-H 键、O-H 键和 C-O 键的一级倍频和组合频区,信号强,能反映出样品的性质和关联;和蛋白质相关的 N-H 键吸收峰位于 1034 和 1500 nm。所有样品的图谱变化趋势基本相似,不同藜麦中的营养成分含量的高低差异,使得每份样品在同一吸收峰的吸光度略有不同,可以通过建立数学模型来反映近红外光谱和成分含量之间的关系。

2.3 光谱模型的建立

比较了 9 种光谱预处理方法(表 2),结果表明 SG(Savitzky-Golay, 滤波拟合法)+SNV(Standard Normal Variate, 标准正态变量)的校正和交叉验证决定系数最高,校正和预测均方根误差最低,说明该方法所建的模型为最佳。

粗蛋白含量模型交叉检验得到预测值和实际值的散点图,校正集决定系数(R^2)为 0.9380,被测组分浓度分析误差(RMSEP)为 0.4823,说明预测值和真实值差距较小,模型效果较好(图 2)。石振兴等^[20]

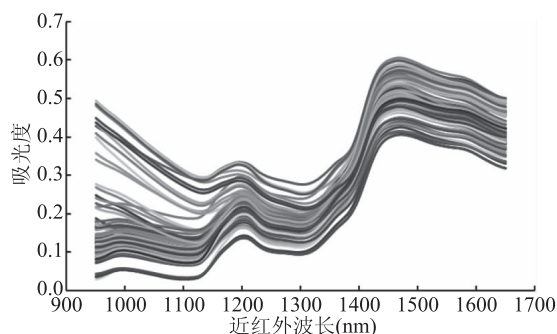


图1 去除异常光谱值后的藜麦籽粒原始光谱图

利用藜麦粉末建立了藜麦蛋白含量的近红外检测模型,其决定系数和分析误差分别为 0.9191 和 0.598,略差于本研究结果,且本研究以籽粒为检测对象,比前者的粉末更加便利。

2.4 外部检验

为了进一步验证藜麦近红外模型的准确性,用 28 份样品进行外部检验。在 DA7200 近红外光谱仪上扫描并通过模型计算被测样品的籽粒粗蛋白含量预测值,然后用 DPS7.05 软件对预测值和国标法测定值进行比较,结果如图 3 所示。28 份藜麦样品的籽粒粗蛋白含量国标法测定值和模型预测值之间具有极显著的相关性($R^2 = 0.9416$)。经单因素方差分析表明,国标法测定值和模型预测值之间无显著差异($P = 0.7095$),说明模型可靠性较好。

3 结论

在 950~1650 nm 波长的近红外范围中,采用 SG+SNV 进行光谱预处理后,利用 PLS 建立藜麦籽粒近红外光谱粗蛋白测定模型,模型决定系数值为 0.9380,均方误差为 0.4823。经验证,该模型可靠性较好,能够较准确的预测藜麦籽粒的粗蛋白含量,为优质藜麦品种的选育提供技术支撑。

表2 各种光谱预处理方法所得模型的评价参数

Table 2 Evaluation parameters of models obtained by various spectral pretreatment methods

预处理方法	主成分数 (n)	校正决定系数 (R^2)	校正均方根误差 (RMSEC)	交叉检验决定系数 (R^2)	校正均方根误差 (RMSEP)
无预处理 No spectral preprocessing	10	0.8655	0.8027	0.8013	0.9786
一阶导数 First derivative	7	0.8652	0.8035	0.7996	0.9654
二阶导数 Second derivative	8	0.9315	0.5728	0.8373	0.8895
标准正态变量 Standard normal variate(SNV)	7	0.8526	0.8400	0.7876	1.0050
多元散射校正 Multiplicative scattering correction(MSC)	8	0.8716	0.7481	0.8346	0.9098
滤波拟合 Savitzky golay(SG)	8	0.8351	0.8887	0.7523	1.0984
一阶导数+标准正态变量 First derivative+SNV	12	0.9308	0.5758	0.8383	0.8881
二阶导数+标准正态变量 Second derivative+SNV	7	0.9119	0.6495	0.7971	0.9767
滤波拟合+标准正态变量 SG+SNV	10	0.9380	0.4823	0.8891	0.7196

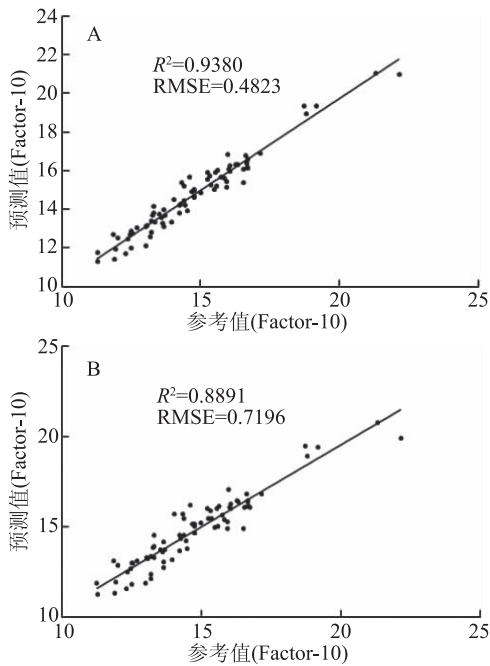


图2 藜麦籽粒蛋白含量校正模型(A)和交叉验证模型(B)
Fig.2 A: Corrected model for quinoa grain protein content;
B: The cross-validated model for quinoa grain protein content

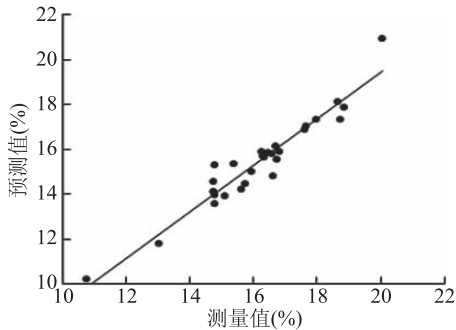


图3 藜麦籽粒粗蛋白模型的外部检验结果
Fig.3 External verification results of quinoa
kernel crude protein content using PLS model

参考文献

[1] Jarvis D E, Ho Y S, Lightfoot D J, et al. The genome of *Chenopodium quinoa* [J]. Nature, 2017, 542(7641): 307-312.
[2] Filho A M M, Pirozi M R, Borges J T D S, et al. Quinoa: Nutritional, functional, and antinutritional aspects [J]. Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 2017, 57(8): 1618-1630.
[3] Giusti L. Elgenero *Chenopodium* en Argentina 1: Numeros de cromosomas [J]. Darwiniana, 1970, 16: 98-105.
[4] FAO. Quinoa: An ancient crop to contribute to world food security [C]. Food and Agriculture Organization, Rome, Italy, 2011.
[5] Bhargava A, Shukla S, Ohri D. Genetic variability and interrelationship among various morphological and quality traits in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) [J]. Field Crop Research, 2007, 101(1): 104-116.
[6] Vega G A, Miranda M, Vergara X, et al. Nutrition facts and functional potential of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.), an

ancient Andean grain: A review [J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2010, 90(15): 2541-2547.

[7] 蒋云, 杰布, 唐力为, 等. 四川藜麦种植前景分析 [J]. 四川农业科技, 2019(2): 47-49.
[8] Stephanie J, Emanuele Z, Cronin M F, et al. Impact of protease and amylase treatment on proteins and the product quality of a quinoa-based milk substitute [J]. Food & Function, 2018, 9: 3500-3508.
[9] Vilcacundo R, Barrio D, Carpio C, et al. Digestibility of Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) protein concentrate and its potential to inhibit lipid peroxidation in the zebrafish larvae model [J]. Plant Foods for Human Nutrition, 2017, 72(3): 294-300.
[10] Repo C R, Espinoza C, Jacobsen S E. Nutritional value and use of the Andean crops quinoa (*Chenopodium quinoa*) and kañiwa (*Chenopodium pallidicaule*) [J]. Food Reviews International, 2003, 19(12): 179-189.
[11] Bhargava A, Shukla S, Ohri D. Chenopodium quinoa—An Indian perspective [J]. Industrial Crops & Products, 2006, 23(1): 73-87.
[12] Abugoch L E, James L E. Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.): Composition, chemistry, nutritional, and functional properties [J]. Advances in Food and Nutrition Research, 2009, 58: 1-31.
[13] 商志伟, 赵云, 沈奇, 等. 紫苏种子品质的近红外光谱分析 [J]. 光谱学与光谱分析, 2017, 37(12): 3719-3724.
[14] 席志勇, 王凤花. 谷物品质无损检测方法的研究进展 [J]. 食品工业科技, 2012, 33(15): 394-396.
[15] 王姣姣, 刘浩, 任贵兴. 豌豆品质性状近红外模型建立及区域差异分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2014, 15(4): 779-787, 801.
[16] 王丽君, 刘三才, 么杨, 等. 绿豆主要营养品质近红外预测模型的构建与验证 [J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(5): 833-838.
[17] 曹晓宁, 田翔, 赵小娟, 等. 基于近红外光谱法快速检测藜麦淀粉含量 [J]. 江苏农业科学, 2017, 45(4): 155-157.
[18] 曹晓宁, 田翔, 赵小娟, 等. 基于近红外光谱法的藜麦脂肪含量快速检测 [J]. 湖北农业科学, 2016, 55(18): 4796-4798.
[19] 曹晓宁. 基于近红外光谱法快速检测藜麦纤维含量 [J]. 安徽农业科学, 2016, 44(15): 17-19.
[20] 石振兴. 藜麦粉末中主要营养成分近红外预测模型的建立及验证 [J]. 粮食与油脂, 2017, 30(12): 55-57.
[21] 石振兴, 杨修仕, 么杨, 等. 60份国内外藜麦材料子粒的品质性状分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2017, 18(1): 88-93.
[22] Escuredo O, Martín M I G, Moncada G W, et al. Amino acid profile of the quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) using near infrared spectroscopy and chemometric techniques [J]. Journal of Cereal Science, 2014, 60(1): 67-74.
[23] 杨勇, 任健, 郑喜群, 等. 近红外光谱法的甜菜糖度快速测定 [J]. 光谱学与光谱分析, 2014, 34(10): 2728-2731.
[24] Vidueiros S M, Curti R N, Dyner L M, et al. Diversity and interrelationships in nutritional traits in cultivated quinoa (下转第 243 页)

- 98-101.
- [4] 张雪梅, 杨丰庆, 夏之宁. 食品中核苷类成分的药理作用研究进展[J]. 食品科学, 2012, 33(9): 277-282.
- [5] 颜星星, 张浩, 张方坤, 等. 高效液相色谱法测定不同产地猴头菇 5 种核苷类成分含量[J]. 中国中医药科技, 2018, 25(4): 520-522.
- [6] Mills K, Yoshida S, Stein L, et al. Long-term administration of nicotinamide mononucleotide mitigates age-associated physiological decline in mice[J]. Cell Metabolism, 2016, 24(6): 795-806.
- [7] 李建平, 张铎, 曾文波, 等. 不同来源蛹虫草核苷类成分分析[J]. 中国食用菌, 2018, 37(5): 49-56.
- [8] 唐庆九, 王淑蕾, 王晨光, 等. 香菇子实体中单核苷类成分研究[J]. 食品与生物技术学报, 2017, 36(3): 283-286.
- [9] 郑义, 赵节昌, 李勇, 等. 东方栓孔菌子实体营养成分与生物活性物质分析[J]. 食品科学, 2016, 37(10): 139-143.
- [10] 汪宇, 杨光照, 康万军, 等. 高效液相色谱法测定天然冬虫夏草和蛹虫草及其人工培养物中 3 个核苷类化合物含量[J]. 中国医院药学杂志, 2015, 35(9): 805-808.
- [11] 吕爱娟, 张志澄, 张科卫, 等. RP-HPLC 法同时测定半夏中 5 种核苷含量的研究[J]. 药物分析杂志, 2007(7): 1051-1054.
- [12] 梁洪卉, 程舟, 杨晓伶, 等. HPLC 定量分析冬虫夏草的主要核苷类有效成分[J]. 中药材, 2008, 31(1): 58-60.
- [13] 李静, 朱静毅. 核苷类化合物含量测定方法的研究进展[J]. 天津药学, 2013, 25(6): 53-55.
- [14] 杨霞, 冯峰, 刘荔贞, 等. 高效毛细管区带电泳法同时检测 3 个产地沙棘果粉中的活性物质[J]. 食品科学, 2017, 38(14): 144-150.
- [15] Bol'shakova D S, Amelin V G. Determination of pesticides in environmental materials and food products by capillary electrophoresis [J]. Journal of Analytical Chemistry, 2016, 71(10): 965-1013.
- [16] Chun H S, Min N L, Ching C L, et al. Comparative characterization of physicochemical properties and bioactivities of polysaccharides from selected medicinal mushrooms [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2016, 100(10): 4385-4393.
- [17] Luciano V, Samantha G, Victor R, et al. Development of a fast method for simultaneous determination of hippuric acid, mandelic acid, and creatinine in urine by capillary zone electrophoresis using polymer multilayer-coated capillary [J]. Analytical and Bioanalytical Chemistry, 2017, 409(7): 1943-1950.
- [18] 李进, 冯成强, 倪雪梅, 等. 毛细管电泳法测定青海不同产地冬虫夏草核苷类的含量[J]. 中国药理学杂志, 2008, 43(14): 1105-1107.
- [19] 马晓颖, 杨镇, 宋艳雨, 等. 高效毛细管电泳-二极管阵列检测法测定微生物代谢产物中的植物激素含量[J]. 江苏农业科学, 2017, 45(8): 169-172.
- [20] 任为, 姜雯. 毛细管电泳法测定灵芝中核苷类成分的含量[J]. 中外医学研究, 2009, 7(7): 25-27.
- [21] 戴敬, 鲁静, 林瑞超, 等. 高效毛细管电泳法测定四维灵芝液中核苷类成分的含量[J]. 中国中药杂志, 2002, 27(9): 665-668.
- [22] 陈林情, 杨昆, 苏安梅, 等. 毛细管电泳法检测饮料中的色素[J]. 分析科学学报, 2018, 34(1): 123-126.
- [23] 徐东升, 高言明, 杨春, 等. 高效毛细管电泳内标法测定山银花中绿原酸含量[J]. 江西中医药, 2014, 45(10): 64-65.
- [24] 杨丰庆, 张雪梅, 葛莉亚, 等. 毛细管电泳-质谱联用法测定灵芝药材中核苷类成分[J]. 中国药科大学学报, 2011, 42(4): 337-341.
- [25] 张奉苏, 陈菲, 傅兴圣, 等. 高效毛细管电泳法同时测定牛樟芝中 5 种核苷类成分的含量[J]. 中国药理学杂志, 2013, 48(12): 1018-1021.
- [26] 李敏, 武晓林, 张影, 等. 高效毛细管电泳法同时测定桦褐孔菌中 7 种核苷类成分的含量[J]. 中国药理学杂志, 2017, 52(2): 152-156.
- [27] 杨更亮, 李海鹰, 刘海燕, 等. 毛细管区带电泳法测定冬虫夏草中的腺苷、腺嘌呤和尿嘧啶[J]. 分析化学, 2002, 30(9): 1081-1084.
- [28] 汪家春, 徐军, 李兆兰, 等. 虫草素抗肿瘤作用的国内外研究进展[J]. 中华航海医学与高气压医学杂志, 2015, 22(4): 335-338.
- [29] 陈艳艳, 郑荣远. 腺苷及腺苷受体在炎症反应中的作用[J]. 温州医学院学报, 2007, 37(6): 600-602.
- [30] 焦瑞身, 乔宾福. 微生物工程[M]. 北京: 化学工业出版社, 2003.
- [31] 张勇, 卓宝松, 刘宝岩, 等. HPLC 法同时测定人工蛹虫草不同部位中 5 种核苷类成分的含量[J]. 中国药房, 2017, 28(9): 1254-1257.
- [32] 张玉奎. 现代生物样品分离分析方法[M]. 北京: 科学出版社, 2003.
- (上接第 236 页)
- (*Chenopodium quinoa* Willd.) from Northwest Argentina [J]. Journal of Cereal Science, 2015, 62: 87-93.
- [25] 黄维, 田丰玲, 刘振尧, 等. 基于不同 PLS 算法的方竹笋中蛋白质分析的近红外光谱特征波段选择[J]. 食品科学, 2013, 34(22): 133-137.
- [26] Fan W, Shan Y, Li G, et al. Application of competitive adaptive reweighted sampling method to determine effective wavelengths for prediction of total acid of vinegar [J]. Food Analytical Methods, 2012, 5(3): 585-590.
- [27] Arazuri S, Arana J I, Arias N, et al. Rheological parameters determination using near infrared technology in whole wheat grain [J]. Journal of Food Engineering, 2012, 111(1): 115-121.