

文章编号:1009-038X(2004)02-0104-07

分形理论及其在食品科学领域中的应用

倪静安

(江南大学 化学与材料工程学院,江苏 无锡 214036)

摘 要: 将研究非线性系统中产生的不规则、不光滑几何形体的分形理论应用于食品科学领域已经取得了很大成功. 分形理论很好地解释了 DNA、蛋白质和酶等生物大分子、食品质量控制、食品加工过程、酶催化动力学等方面的许多非线性问题. 分形理论为人们研究食品科学领域中的非线性问题提供了全新的思路和有效的方法.

关键词: 非线性; 分形; 食品科学

中图分类号: TS 201

文献标识码: A

Fractal Theory and It's Application to Food Science

NI Jing-an

(School of Chemical and Material Engineering, Southern Yangtze University, Wuxi 214036, China)

Abstract: Fractal theory that studies irregular, non-smooth geometrical figures produced in nonlinear system has been applied to food science. Fractal theory makes good explanation for many nonlinear problems in the fields of large biological molecules, such as DNA, protein and enzyme, qualitative control of food, food processing, enzyme catalytic dynamics. It provides an entirely new thought and effective method for studying nonlinear problems in the field of food science.

Key words: nonlinear; fractal; food science

一门研究非线性系统基本特征和运动规律的综合性基础学科——非线性科学在上世纪下半叶就已形成,并被誉为 20 世纪继相对论和量子力学之后自然科学的“第三次大革命”,正在改变人们对整个世界的看法,从根本上影响着现代科学的逻辑体系. 从静态转向动态,从单值转向多值,从线性转向非线性,已成为当代科学研究的主流.

分形(Fractal)理论与混沌理论(Chaos)、孤立波理论(Soliton)一起同享盛誉,是非线性科学中的一个十分活跃的理论. 分形理论研究非线性系统中

产生的不光滑和不可维的几何形体. 1967 年 Mandelbrot 在《Science》杂志上发表了“*How Long is the Coast of Britain, Statistical Self Similarity and Fractional Dimension*”一文,对海岸线的本质作出了标新立异的分析,震惊了学术界,分形概念由此萌芽. 1975 年他发表专著“*Fractals: Form, Chance and Dimension*”,系统阐述了分形理论的思想、内容、意义和方法,提出了分形的三要素:构形、机遇和维数,标志着分形理论的正式诞生. 1982 年 Mandelbrot 再次发表专著“*The Fractal Geometry of*

收稿日期:2003-05-21; 修回日期:2003-09-02.

作者简介:倪静安(1946-),男,江苏无锡人,教授.
万方数据

Nature”,形成了以分数维、自相似性及无限可分特点、以迭代算法描述的分形几何。此后,分形理论迅速成为非线性科学领域研究的热点。

与非线性动力学系统密切相关的分形理论,作为一种几何工具在处理非线性问题时十分有效,它从一个完全崭新的角度为人们提供了探索事物局部与整体之间联系的方法,从而揭示了现象背后的局部与整体的本质特性和运动规律,其应用性极强。除了被广泛地应用于物理学、化学、交通、通信、材料、机械、地震、地学、农学、医学、生物学、生命科学等自然科学领域外,在经济学、城市发展、人口学、财务管理、教育、音乐、艺术以及思维等社会科学和人文科学领域中也得到了很好的应用^[1]。近 10 多年中,分形理论在食品科学中的应用迅速增加^[2,3]。对食品科学和技术(FSTA)数据库进行的搜索发现,1990~2000 年 10 年内发表的有关分形的论文总数是 1969~1989 年 20 年内的 35 倍,这表明,分形理论正在影响着人们对食品领域中非线性问题的处理,它不仅能够对该领域诸多复杂的非线性问题给予较好的描述,也为解决和解释这些问题提供了全新的思路和有效的方法。

1 分形和分维

1990 年,Falconer 提出了一个为大多数人接受的关于分形的完整定义^[4]:称集 F 是分形,即认为它具有如下的性质:(1) F 具有精细的结构,即有任意小比例的细节;(2) F 是如此的不规则,以至它的整体和局部都不能用传统的几何语言描述;(3) F 通常具有某种自相似的形式,可能是近似的或是统计的;(4) F 的某种分形维数大于其拓扑维数;(5) 在大多数令人感兴趣的情况下,F 以非常简单的方法定义,可能由迭代产生。

分形是指一类破碎而复杂、但具有自相似性(Self-similarity)和自仿射性(Self-affinity)的几何现象,即其组成部分以某种方式与整体相似。当然,这种自相似性并不是完全等同,而仅仅是相似,是指局部与整体在形态、功能和信息等方面具有统计意义上的相似性。在描述局部和整体之间的关系时,除了自相似性以外,还有层次性、逆归性以及仿射变换不变性。分形理论认为,分形体内任何一个相对独立的部分,即分形元(Fractal unit)或生成元(Generator),在一定程度上都是整体的再现与缩影^[5]。

点、线、面、体在传统欧氏几何中的维数分别为 0、1、2、3,它们全部是整数维。这种维数是拓扑意义

上的维数。在这里,任何一个几何体,用高一维的尺度来度量得到零,用低一维的尺度来度量则得到无穷大,只有用维数合适的尺度来度量,才能得到一个有限的数^[6]。例如,讨论一个二维的平面图形,其长度为无穷大,体积为零,只有面积才是一个确定的数。但在分形几何中,分形结构的维数多半不是整数,而是分数,故称之为分维(Fractional dimension),亦称分维数。分维数是描述无规则的、复杂的分形体自相似性和自仿射性的一个定量参数。

例如,用长度为 r 的线段集合近似海岸线那样的复杂曲线,把得到的线段总数记为 $N(r)$,如果该曲线有关系 $N(r) \sim r^{-D}$, D 即为该曲线的维数。分维 D 值可以表征一类广泛存在的、无序、复杂、奇异的几何体,该几何体被称为分形。维数为 1 时,表示对象为一光滑的线;维数为 2 时,表示对象为一平面。如果维数为介于 1~2 之间的分数时,则表示对象为一非光滑的曲线,其分数值越大,表明该曲线的复杂度越大,越趋于填满一定范围内的平面(见图 1)。因此分维数反映了事物的复杂程度。显然,对于某一不规则的表面来说,所测得的表面积将随探针分子的减小而增大(见图 2)。分形几何认为维数的变化是连续的。

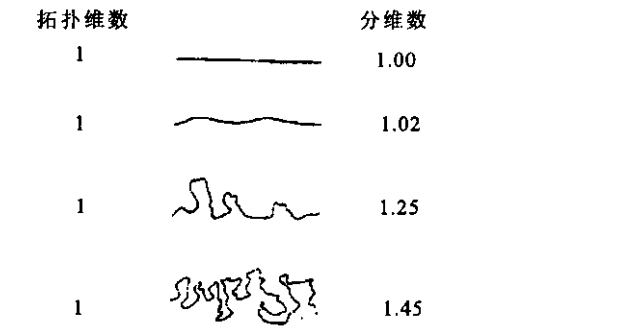


图 1 不同曲线的分维数

Fig. 1 Fractal dimensions of various curves



图 2 表面积随探针分子大小而增大

Fig. 2 The surface area increases along with the decrease of probe top

至今数学家们已经发展出了 10 多种不同的维数,拓扑维数、Hausdorff 维数、自相似维数、盒子维数、信息维数、相关维数、Bouligand 维数、填充维数、容量维数、Lyapunov 维数、复维数、模糊维数等^[7]. 分形结构是自然界中广泛存在的一类复杂现象. 多姿的云彩不是球体,起伏不平的山脉也不是圆锥,弯曲的海岸线并非折线,自然界中许多物体的形状是不规则、不光滑的,在研究这些复杂性问题时,以处理规则光滑的几何形状见长的欧氏几何就完全束手无策了. 而在生物界中,从植物的根系、树干、枝叶、花果,到动物的神经系统、呼吸系统、血管系统等等,也都是具有统计意义上的自相似性和自仿射性的分形结构. 分形理论成为认识 and 解决这类非线性问题的有力工具.

2 生物大分子的分形特征

2.1 DNA 的分形特征

在分子层次上,对生物大分子结构的分形研究有了较快的发展^[8]. 生物体在代与代之间,子体对母体有继承能力,生物代代之间主体的特征具有分形的特征——相似性. 遗传学中的自相似来源于遗传基因. 作为遗传信息载体的 DNA,每一段都载有全部的遗传信息,从而能够有效完整地保留母体的所有遗传信息. 在遗传 DNA 中,组元的自相似性是功能上的相似而不是形体上的相似. 因此,与通常的分形不同,这种自相似具有分形的主要特征,是广义上的分形,是局部的功能与整体的功能具有全同性.

2.2 蛋白质的分形特征

蛋白质分子具有一级结构、二级结构、三级结构和四级结构,由一条或多条肽链所组成. 肽链既不是直线,也不是任意的线团,而是在三维空间上有特定的走向和排布,因此,蛋白质也具有分形特征. 将分形理论应用于蛋白质的研究中,人们做了大量卓有成效的工作.

首先应用分形理论研究蛋白质的是美国的 Stapleton,他求出了 70 多种蛋白质的分维. 黄京飞等^[9]发现蛋白质链在三维空间中不仅有二维的平面型构象和三维的线团型构象,而且还有一种在天然蛋白质中占据更大比例的二维和三维混合并存的中间构象. 而蛋白质链的分维数的高低与其肽链的伸展程度密切相关,肽链越伸展,其分维数越低. 蛋白质二级结构中的 β —折叠最为伸展,随着 β —折叠的增加,蛋白质肽链的分维数便减小. 而在三级结构中,随着蛋白质肽链盘绕、卷曲和回折程

度的增加,其分维数便增大. 蛋白质的分维数,大约在 1.30~1.68 之间,大部分在 1.50~1.60 (见表 1).

表 1 一些蛋白质和多肽三维结构的分维(D_f)
Tab. 1 Fractal dimensions of three-dimensional structures of some protein and polypeptide

种 类	D_f	种 类	D_f
猪松弛肽 A	1.3402	人血红蛋白脱氧 α —链	1.6005
猪松弛肽 B	1.3165	人血红蛋白脱氧 β —链	1.5933
猪胰高血糖素	1.2880	海生蠕虫血红蛋白	1.5669
猪胰岛素 A	1.3070	抹香鲸肌红蛋白	1.6081
猪胰岛素 B	1.3066	海豹肌红蛋白	1.6094
X-金环蛇毒	1.4722	氧化态细胞色素 C_{351}	1.5239
黄素氧还蛋白	1.6081	氧化态细胞色素 b_5	1.5281
马血红蛋白脱氧 α —链	1.6071	氧化态细胞色素 c	1.5429
马血红蛋白脱氧 β —链	1.5975	还原态细胞色素 c	1.5407
人胎儿血红蛋白脱氧 γ —链	1.5926	氧化态细胞色素 c_2	1.5491
八目鳗血红蛋白 V	1.5815	氧化态细胞色素 C_{350}	1.5842

2.3 酶表面的分形特征

酶是特殊的蛋白质. 酶的表面是不规则的、粗糙的,有各种“孔隙”和“褶皱”,具有分形的性质,可以用分形理论来描述. Farin 等研究发现,酶活性中心的分维数比酶整体的分维数大. Lewis, Rees 测定了溶菌酶、核糖核酸酶 A 和过氧化歧化酶的分维数. Pfeifer 等人测定了一些酶和蛋白质的表面分维数. Farin 等人也测定了溶菌酶、胰蛋白酶的表面分维数 D_f 分别为 2.53 和 2.62,并测出胰蛋白酶的活性中心的分维数为 2.80,整体分维数为 2.62^[10]. 因此可知,胰蛋白酶的活性中心比其整体表面要显得更为复杂和“粗糙不平”. 李后强等^[11]在研究酶催化的复杂反应的势能——坐标曲线时,发现该曲线存在自仿射性或自相似性. 一些酶的分维数见表 2^[9].

3 分形理论在食品质量控制中的应用

在食品科学领域,无论是粒子的运动、溶质的

凝聚、晶体的生长、胶囊的形成,到食品原材料的分选、食品质量的监控、食品加工过程中的过滤等单元操作,分形理论的应用都获得了成功。

表 2 一些酶三维结构的分维 (D_f)

Tab. 2 Fractal dimensions of three-dimensional structures of some enzyme

种 类	D_f	种 类	D_f
牛胰核糖核酸酶—A	1. 5863	鸡白蛋白溶菌酶	1. 5688
牛胰核糖核酸酶—S	1. 4693	狗鱼乳酸脱氢酶	1. 6834
木瓜蛋白酶	1. 6533	牛胰蛋白酶抑制剂	1. 4946
葡萄球菌核酸酶	1. 6000	牛 β -胰蛋白酶	1. 6691

3.1 食品物料的分形特征

Yano 等^[12,13]描述了食品物料的分形结构,包括物料的表面构造、食品颗粒的直径与表面区域之间的关系,由大小不同的分子所确定的表面区域微孔的分布状况.应用分形理论可以计算得到食品物料的分维数,从而确定食品物料的表面粗糙度(表面的不规则程度)和物料的结构(物料中微粒和孔隙的大小、形状、几何特征以及大小分布)的分形特征,进而对食品物料的一些性质进行预测,包括食品物料的吸附能力、溶解性、蓬松性、化学反应性和乳化性等性质.例如,人们可以确定奶酪类食品结构的分形特征,也能确定速溶咖啡颗粒的分形特征与其可溶性之间的关系.这种分析方法为在食品开发和加工过程中对食品成分进行最优化选择提供了工具.

Dziuba(1998),Suzuki(1998)等报道了他们研究确定食品分维数的方法^[14].Shafiur^[15]提出了估算地产淀粉和改性淀粉分维数的 4 种方法,发现不同的方法给出的分维数有所不同,他认为这些分维数也许具有不同的物理意义.Nagal^[16]分析了土豆淀粉的微观结构,得出其分维数在 2.1~2.4 之间.

3.2 食品品质的控制与分维

食品如农产品的品质与其表面状况呈显著相关,农产品的表面受到损伤的程度将影响其分维数.因此,应用分形理论对农产品表面的几何形态特征进行描述,获得其表面的分维值,可以作为判断农产品品质级别的一个重要依据.可以用数字仪把摄像机摄下的农产品,例如水果表面的图像进行数字化处理后得到 MXN 维点阵,将这些有限离散的点进行二维快速傅氏变换,得到功率谱密度函

数.功率谱密度函数 $\rho(\omega)$ 与频率 ω 有如下的函数关系: $\rho(\omega) \propto \omega^{-\beta}$,把频率信号换成水果表面测量点的间距 r 信号,有 $\rho(r) \propto r^{-\beta}$.幂指数 β 与分维数 D_f 的关系为: $\beta = 7 - 2 D_f$.利用此式,就可以计算出水果,例如香蕉^[17]表面的分维数.水果表面的分维数随其表面损伤程度的增加而增加.

宋韬^[18]应用计算机视觉技术进行作物籽粒形态识别的研究.他对霉变玉米表面建立了一个随机分形模型,取幂指数 $\beta = 1 + \alpha$,则 $\alpha = 3 - D_f$.实际上,由于离散傅立叶变换的有限截断误差,使得好玉米的实际计算值有很多小于 2,而表面维数至少为 2,故分维数 $D_f = \max\{2, 3 - \alpha\}$.120 个样本试验分析表明,Hausdroff 维数与表面霉变情况显著相关,分类精度为 93.3%.所得分维数可以用作人们在对食品品质进行监控时判别玉米表面霉变程度的一个参数.

4 分形理论在食品加工过程中的应用

分形理论可以很好地处理和解释在食品加工过程中出现的诸多非线性问题.

4.1 食品在加工中的分形特征

玉米应力裂纹是玉米籽粒的一种内部缺陷,它是玉米在干燥加工中品质的一个重要指标.玉米应力裂纹使玉米的破碎强度降低,导致玉米在运输、储藏过程中破碎的可能性大为增加.从微观的尺度看,由于玉米籽粒内部各种无序因素(如淀粉粒的大小、蛋白质间质的厚薄、淀粉的结构等)的影响,玉米应力裂纹实际上是很不规则的、曲折的,其断裂表面凹凸粗糙不平,断裂面的裂纹线也是曲折多变的.朱文学等^[19]将分形理论应用于玉米应力裂纹的形态分析.研究结果表明,玉米应力裂纹在一定的尺度范围内具有近似的自相似性即分形特性.玉米应力裂纹线越曲折,其分维数越高.裂纹的形态(单裂、双裂和龟裂)越为复杂,其分维数也越高.他们还对玉米应力裂纹的生成过程进行了模拟,从而加深了对应力裂纹扩展过程的理解及其产生机理的认识.

4.2 食品颗粒的凝聚与结晶

溶液中物质的凝聚与结晶现象具有分形特征.在凝聚过程中,分维数是物质微粒凝聚生长图形瞬时形状的一个特征量,在一定程度上反映了图形的生长过程.现在已经有凝聚生长的各种动力学模型,在一定条件下与实际情况吻合较好,如电解沉

积等. 大体可分为 3 类模型: 有限扩散凝聚模型(DLA 模型)、弹射凝聚模型(BA 模型)、反应控制凝聚模型(RLA 模型). 每种模型又都可以分为单体的凝聚和集团的凝聚(见图 3).

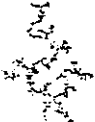
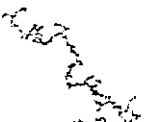
	反应控制	弹射	有限扩散
单体凝聚	EDEN  $D = 3.00$	VOLD  $D = 3.00$	WITTEN-SANDER  $D = 2.50$
集团凝聚	RLCA  $D = 2.09$	SUTHERLAND  $D = 1.95$	DLCA  $D = 1.80$

图 3 凝聚分形生长的基本模型

Fig. 3 Elementary models of growing aggregative fractal

1981 年美国 Witten 等提出了 DLA 模型^[20]. 取一个二维正方形欧氏空间, 并分割成方形点阵, 在点阵中央放置一个静止的种子微粒. 在距它较远处随机地产生一个微粒, 令其在格点上作类似于布朗运动的随机行走, 如它与种粒相碰, 二者就结合形成凝聚集团; 如它行走走到点阵边界就被吸收并消失, 随后再随机地产生第二个微粒. 如此重复不断地进行下去, 结果就形成了不断增长的凝聚集团. 其密度相关函数 $C(r)$ 与密度 r 的关系为: $C(r) = Kr^{D_f-d}$, 其中 K 是常数, D_f 为凝聚集团的分维, d 为凝聚集团所在的空间的欧氏维. 进行计算机模拟结果发现 DLA 集团的分维只依赖于 d : $D_f = (d^2 + 1) / (d + 1)$. 按照 DLA 模型计算这一凝聚集团的分维 $D_f = 1.71$. DLA 模型可以用于预测某些实际随机凝聚的生长速率与时间的关系以及其机制和运输性质.

作为 DLA 模型的改进形式, KCA 模型^[21]提出了一个计算分维的公式: $D_f = \ln(2d+1) / \ln 3$, 该式在维数不很高的情况下计算结果很好. 在食品加工过程中经常会遇到晶体的形成和析出, 分形理论可以很好解释溶液中粒子聚集成晶体的过程, 并计算其分维 D_f . 小分子的结晶过程与凝聚过程相类似, 其晶体在生长过程中的分维情况与 DLA 模型的模拟结果十分吻合. 但大分子的结晶则受到了大分子结构特征的制约, 可以借用推广的 HTM (Honda-Toyoki-Matsushite) 公式来计算其 D_f : $D_f = [d^2 \sqrt{\eta} \ln(1/\eta)] \div [d + \eta(dw-1)]$. 式中 η

为大晶体的生长概率指数, dw 为粒子(分子、链节)运动轨迹的分维, $1 \leq dw \leq 2$. 如果粒子作布朗运动, 则 $dw=2$.

4.3 食品的压滤操作

在食品加工的压滤操作过程中, 压滤后获得的滤饼尽管是由不同几何形状、不同大小的固体颗粒聚集而成的, 但它具有分形客体不规则的典型特征, 也可以用分形理论来描写. 在不同条件下形成的不同物料的滤饼结构尽管不同, 但是滤饼空隙的大小具有随机自相似性, 是一种分形结构, 满足分形标度律. 徐新阳等^[22]根据分布函数的方法求得了滤饼空隙大小分布的分维数 D_f : $D_f = 1 + \{\ln [A(<d)/A_0] \div \ln d\}$. 式中 A_0 为与滤饼结构有关的常数, $A(<d)$ 为空隙直径小于 d 的空隙占总空隙面积的百分比, D_f 可以表征空隙大小分布的不均匀性, 其值越小, 分维数越小, 分布越均匀. A_0 越大, 小空隙的相对含量越多.

4.4 食品的流变特性

食品流变学是研究食品物料流动和变形的学科. 分形理论在食品流变学中也已经得到应用^[23]. 人们研究食品物料结构与其流变特性之间的关系, 并期望能够通过对其物料结构的分析推测其在流动过程中表现出的流变特性. 玉米粉、小麦粉、稻谷粉等食品物料, 在经挤压、膨化加工形成具有多孔结构的食品的过程中, 在相当大的应变范围中出现“锯齿”状振动的不规则应力应变关系, 应用分形理论使定量描述这种不规则应力应变关系曲线成为可能. 挤压食品含水量越小, 其分维数就越大. 这意味着食品物料的分维数可能用作其力学性能的一个特征参数.

食品物料表面的不规则程度、孔隙结构大小以及分布规律等影响食品物料流变特性的几何特征也可以应用分形理论来加以定量描述. 速溶咖啡颗粒具有一种开放性的结构, 从而能够快速溶于液体中, 这种具有开放结构的多孔颗粒的分维数与咖啡粉体的流变学性质有关. Peleg^[24]等研究了速溶咖啡颗粒的分维数, 定量得出其分维数为 1.05~1.20. 他亦指出, 咖啡颗粒的分维数与咖啡颗粒的强度有关.

5 分形理论在酶催化动力学中的应用

酶是一种特殊的生物催化剂. 酶在食品和生化领域广泛存在并起着十分重要的作用. 分形理论在化学催化领域中取得的巨大成功促使人们进一步

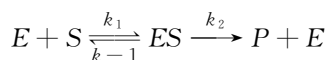
把它推广到酶学研究中去^[25~27]. 酶的催化具有精巧的选择性和极高的催化效率,这与酶表面的特殊结构即分维数密切相关. 酶表面结构的分维数与其催化性和催化选择性等宏观性质密切相关.

5.1 酶的催化动力学

分形与非线性动力学系统存在着密切关系. 酶的催化机制及其催化反应动力学与化学催化剂具有相似之处. 分形理论无疑也能为酶学研究提供一种全新的方法和工具. 运用分形理论可以进行酶分子链、酶表面、酶模型的设计、酶变构效应和酶反应动力学等问题的研究. 可以求出反映酶分子结构特点的维谱数 ds . 根据 ESR(electron spin relation)方法,可以测定酶蛋白的维谱数 ds , ds 与蛋白质中所含的氢键数相关, ds 越大,氢键数越少. 酶活性部位所含的氢键越少,其构象结构就越具有柔性. 这种柔性的构象结构可能更有利于酶和底物之间的有效覆盖——诱导契合,更有利于形成酶和底物复合物. 李后强^[28]在酶催化动力学研究中引入分形对 Michaelis-Menten 方程进行修正和解释.

孙迎庆等^[29]应用分形理论对酶催化反应进行了研究,成功推导了酶催化的基元反应的力学方程.

对于酶催化反应:



其反应速率 $V = k_2[ES]$. 式中的 E 表示酶; S 表示底物. 在经典理论中, k_2 对时间的进程无依赖性. 一般酶催化过程大多发生在气—固和液—固的接口上,这是一种非均相的催化过程,因此反应的

进行受到酶与底物之间接口的性质的影响,这种接口不是简单的一维或二维的空间,而是具有分形的特征,是一种分形的空间. 任何催化反应的转化数具有时间依赖性^[30], $k_2^e = k_2 t^{-h}$, $0 \leq h \leq 1$ ($t \geq 1$). k_2^e 和 k_2 分别是有效转化数和经典理论的转化数, h 是与分形有关的因子,理论上 $h > 0$, 所以 k_2^e 是时间依赖性的. 根据分形理论,推出催化反应中被激活的反应物分子数 N 与酶分子的维谱数 ds 的关系是 $N \propto t^{ds/2}$, ($t \rightarrow \infty$). 酶的实际反应速率 V^e 为 $V^e = k_2^e[ES] = k_2 t^{(ds/2)-1}[ES]$

孙迎庆等还重新推导了 Michaelis-Menten 方程的分形形式,得到的酶稳态动力学方程的分形形式为

$V^e = k_2^e[ES] = \{V_m[S] t^{(ds/2)-1}\} / \{[S] + K_m\}$; 并通过计算机模拟计算求出了该式中的 ds 值,进而可以确定反应的维数 D 值. 这是酶实际催化反应维数,从而对一些偏离经典理论曲线的现象作出了解释. D 值越大时,对于一定量的转化所需要的酶量就越小,酶对底物的活性就越高.

5.2 确定非生化反应的类型

分形理论在生物科学中的应用正在影响对生物科学领域中非线性问题的处理. 生化反应系统是一个非线性过程,运用分形理论这一非线性科学的理论和方法处理生化反应系统,正在逐渐成为解决这类问题的有力工具. 生化反应动力学的时间信号通过构造吸引子计算维数,按照维数判断非线性生化反应的类型. $D=1$ 为化学振荡, $D=2$ 为准周期化学振荡,混沌吸引子的维数为大于 2 的分数.

参考文献:

- [1] 夏晓智. 分形在生命中的作用[J]. 大自然探索, 1996, 15(4): 57—61.
- [2] Zhang Senwen, Zhang Qiang. Application of fractal theory to agricultural and food systems: a review[J]. Transactions of the CSAE, 2002, 18(5): 13—18.
- [3] 马海乐. 分形理论在食品科学与工程中的应用[J]. 中国粮油学报, 1998, 13(1): 8—11.
- [4] Falconer K. 分形几何——数学基础及其应用[M]. 曾文曲, 刘世耀译. 沈阳: 东北大学出版社, 1991. 11—12.
- [5] 李后强, 程光钺. 分形与分维[M]. 成都: 四川教育出版社, 1990. 1—10.
- [6] 于禄, 郝伯林. 相变和临界现象[M]. 北京: 科学出版社, 1992. 164—165.
- [7] 王东生, 曹磊. 混沌、分形及其应用[M]. 合肥: 中国科学技术大学出版社, 1995. 139—144.
- [8] Stapleton H. Proteins as Fractals in “Protein Structure” [M]. New York: Springer-Verlag, 1987. 1—20.
- [9] 黄京飞, 刘次全. 蛋白质结构的分形及其与进化关系的研究[J]. 动物学研究, 1997, 18(2): 229—234.
- [10] 李后强, 汪富泉. 分形理论及其在分子科学中的应用[M]. 北京: 科学出版社, 1993. 207—208.
- [11] 赵华明, 李后强. 化学中的分形[J]. 化学研究与应用, 1992, 4(1): 3—5.
- [12] Yano T. Fractal nature of food material [J]. Bioscience Biotechnology and Biochemistry, 1996, 60(5): 739—744.

[13] Suzuki T, Yano T. Fractal structure analysis of some food materials [J]. **Agricultural and Biological Chemistry**, 1990, 54 (12): 3131—3135.

[14] Dziuba J. Fractal analysis of caseinate structure[J]. **International Daily Journal**, 1999, 9(3—6): 287—292.

[15] Shafiur R M. Physical meaning and interpretation of fractal dimensions of fine particles measured by different methods [J]. **Journal of Food Engineering**, 1998, 32(4): 447—456.

[16] Nagal T, Yano T. Fractal structure of deformed potato starch and its sorption characteristics[J]. **J Food Sci**, 1990, 55 (5): 1334—1337.

[17] Liaok . Hausdorff dimension analysis and chgital imaging hased quality inspection[J]. **American Soc of Agri Eng**, 1990, 33(1): 298—303.

[18] 宋韬. 应用计算机视觉进行作物籽粒形态识别的研究[D]. 北京: 北京农业工程大学, 1995. 44—56.

[19] 朱文学, 连政国. 玉米应力裂纹的生成和扩展过程模拟[J]. **农业工程学报**, 2000, 16(1): 113—116.

[20] Wittern T A, Sander L M. Diffusion—limited aggregation, a kinetic critial phenomenon[J]. **Phys Rev Lett**, 1981, 47: 1400—1408.

[21] Termonia Y, Meakin P. Formation of fractal gracks in a kinetic fractal model[J]. **Nature**, 1986, 320(3): 429—435.

[22] 辛厚文. 分形理论及其应用[M]. 合肥: 中国科学技术大学出版社, 1993. 98—105.

[23] 柴春祥, 邱白晶, 赵杰文. 分形在食品流变学研究中的应用展望[J]. **食品科学**, 1998, 19(9): 14—17.

[24] Plege M, Normand M D. Characterization of the ruggedness of instant coffee particle shape by nature fractals[J]. **J Food Sci**, 1985, 50: 829—831.

[25] Fair D, Avnir D. The reaction dimension in catalysis on dispersed metals[J]. **J Am Chem Soc**, 1988, 110: 2039—2045.

[26] Kopelman P. Fractal reaction kinetic[J]. **Science**, 1988, 241: 1620—1626.

[27] Seri—Levy A, Avnir D. Kinetics of diffusion—limited adsorption on fractal surfaces[J]. **J Phys Chem**, 1993, 97: 10380—10384.

[28] 李后强, 汪富泉. 分形理论及其在分子科学中的应用[M]. 北京: 科学出版社, 1993. 263—268.

[29] 孙迎庆, 茹炳根, 阎伯旭. 酶的分形反应动力学[J]. **北京大学学报(自然科学版)**, 1996, 32(6): 756—759.

[30] Kopelman P. Fractal reaction kinetic [J]. **Science**, 1988, 241: 1620—1626.

(责任编辑: 杨 勇)