

食品预测微生物软件的分析与比较

A description and comparison on software for food predictive microbiology

刘 静¹ 杜广全¹ 管 晓²

LIU Jing¹ DU Guang-quan¹ GUAN Xiao²

(1. 上海海事大学信息工程学院, 上海 201306; 2. 上海理工大学医疗器械与食品学院, 上海 200093)

(1. College of Information Engineering, Shanghai Maritime University, Shanghai 201306, China; 2. School of Medical Instrument and Food Engineering, University of Shanghai for Science and Technology, Shanghai 200093, China)

摘要:近年来,微生物预测和风险评估软件取得了一定的发展。微生物预测是利用所建模型来预测和描述处在特定食品环境下微生物的生长和死亡。文章概述了 16 款微生物预测软件,并且依据不同的标准对其做了比较分析,如建模方法,功能模块,研究过程中的环境变量(温度、酸碱度、水活性),不同的基质类型和不同的微生物种类等。对食品微生物研究领域有一定的研究和参考价值,并且可以满足不同用户对不同微生物研究的需要。

关键词:微生物预测;风险评估;预测软件

Abstract: In recent years, predictive microbiology and risk assessment software have obtained certain development. Predictive microbiology develops the models that describe and predict the growth or decline of microbes under specified environmental conditions. In this paper, an overall description and comparison of the 16 software tools are presented based on some different criteria, such as the modeling approach, functional modules, the environmental factors (temperature, pH, aw), the different type of media and the different type of the provided microorganisms. For the fields of current food research and microbiological research, the study provide new idea and reference value for food predictive research field, which meets the need of different users for different microbial research.

Keywords: predictive microbiology; risk assessment; software

食品预测微生物学是一门在微生物学、数学、统计学和应用计算机科学基础上建立起来的新学科^[1-2]。它的发展方向是研究和设计一系列能描述和预测微生物在特定条件下生长和衰亡的模型。它依据各种食品微生物在不同加工、储藏和流通条件下的特征信息库,通过计算机的配套软件,在不进行微生物检测分析的前提下,判断食品内主要病原菌

或腐败微生物死亡、残存和增殖的动态变化,从而对食品安全做出快速评估的预测方法。

预测微生物学研究始于 20 世纪 80 年代,国外学者提出了能够描述食品微生物随时间变化的生长曲线,代表性模型包括 Baranyi、Gompertz、Logistic、Schnute 等一级模型^[3-5];由于微生物在食品中的生长与所处的环境条件有极大的关系,所以引入环境因子(温度、水分活度、pH 值等)提出了二级模型,表述微生物生长参数(微生物生长速率、生长延滞期和细菌最大浓度)如何随各环境因子的变化而变化^[6];三级模型是一种软件化模型,它在一级和二级模型的基础上,提供了用户友好界面的微生物预测功能。

目前,愈来愈多的国外研究针对某种特定的食品,通过电脑和相应软件,建立了大量的食源性微生物的动力生长模型。微生物预测软件开发的目的是对食品货架期进行有效的预测,并对致病菌进行风险评估^[7-8]。当今的食品风险管理要求食品经营者必须适应新的方法来保证食品的质量与安全。研究^[9-10]表明,食品风险管理要依靠具体的统计数据和科学的数学方法才能更准确地预测微生物的行为过程。近年来,在微生物学领域和用户友好信息科技的发展驱动下,预测微生物工具的数量有了显著增长。目前,每两年举办的著名食品预测模型国际会议(international conference on predictive modelling in food)专门推出了食品微生物预测软件的专题,为预测软件开发者和应用者提供了一个更集中、更开放的交流平台^[11]。

中国学者在预测微生物学领域的研究开展得较晚,更多的工作体现在应用国外已有的微生物预测模型去预测不同微生物生长或失活状态,或者仅依赖于开放的数据库和评估软件进行预测,很少涉及到专门针对微生物生长参数(微生物生长速率、生长延滞期和细菌最大浓度)预测或建立新的预测模型方面的工作,也未见中国专有食品微生物预测软件的推出^[12-13]。

基金项目:上海市自然科学基金项目(编号:14ZR1419200)

作者简介:刘静(1979—),女,上海海事大学副教授,博士。

E-mail: jingliu@shmtu.edu.cn

收稿日期:2015-06-02

文章将概述目前国际上流行的 16 种食品微生物预测软件,介绍和分析各种微生物预测软件的主要模块,目标用户和建模方法等信息,帮助用户选择最适合的微生物预测软件,大大缩短用户测试和深入了解各种微生物预测软件所花费的时间,大大提高食品微生物的预测效率。

1 软件概述

当前国际流行的 16 种食品微生物预测软件:Baseline、Combase、SymPrevious、Dairy Products Safety Predictor、FDA-Irisk、FILTREX、FISHMAP、Food Spoilage and Safety Predictor (FSSP)、GInaFiT、GroPIN、Listeria Meat Model、MicroHibro、Microbial Responses Viewer (MRV)、NIZO Premia、PMM-Lab 和 Predictionof Microbial Safety in Meat Products。

1.1 软件基本信息

如表 1 所示,大多数软件的创建时间不是很长,只有 NIZO Premia 是于 1995 年创建;预测模型的建模方法分为确定性和不确定性两种,大多数软件采用的确定性模型是基于一级模型(Baranyi、Gompertz、Logistic、Schnute 等)和二级模型(响应面方程、Arrhenius 关系式、Square-root 方程)的基础而提出的^[11]。近年来预测微生物学的研究由确定性模型向新型随机性模型趋势发展,其中 6 种软件(Dairy Product Safety Predictor、FDA-Irisk、FILTREX、GroPin、MicroHibro、SymPrevious)采用随机概率模型去描述微生物生长行为,旨在通过模型参数的变异性去体现不同微生物种类的生理差异,体现不同基质和环境因素的影响,以取得更接近于实际情况的预测效果。

表 1 软件的基本信息
Table 1 The basic information of the software

软件	创建年份	建模方法	简单描述
Baseline	2012	确定性	模拟了 5 种不同病原菌在一些食品介质中的生长失活过程,所使用的预测模型来源于文献,还包含用于抽样测试的模块
ComBase	2004	确定性	提供了一个高达 50 000 条记录的数据库,描述了微生物在不同培养基和食品介质中的生长失活情况,同时也提供了用于成长失活的拟合和仿真模块,考虑了 15 种微生物
Dairy Products Safety Predictor	2012	不确定性	所用模型为一种具体的微生物在一种具体的乳制品的成长失活过程而建立,用户可以建立自己的私人账户,可以上传自己的模型和测试新的参数
FDA-iRISK	2012	不确定性	可以通过执行基于不同病原菌和食品基质的风险评估模型来优先考虑食品风险,并且提供了风险评估模型的模板
FILTREX	2013	不确定性	精确地评估了一级生长失活模型的参数,并且对测试试验的最佳序列设计提供支持
FISHMAP	2011	确定性	模拟了关于鱼类基质的 8 种腐败菌种的生长过程,用到的参数因子包括温度、空气成分和二氧化碳浓度等
FSSP	1999	确定性	预测了 3 种病原菌,3 种腐败菌和肉制品海产品相关的一般微生物,动态环境条件下的生长模拟过程,用到了 12 种环境参数,支持 18 种语言
GInaFiT	2003	确定性	可以根据试验数据拟合 10 种失活模型,可以筛选出最优模型
GroPIN	2013	确定性, 不确	模拟了 66 种微生物的行为过程,包括不同食品基质的病原菌和腐败菌。提供了预测模型所需的数据库,可以构建新模型,考虑到不确定因素提出了蒙特卡洛模拟
Listeria Meat Model	2012	确定性	是一款商业软件,它模拟了不同肉制品中病原菌的生长
MicroHibro	2011	不确定性	根据试验数据来评估和确认一级模型的参数,风险评估模型的实现伴随着模型灵敏度的分析,并且基于一些基础过程的结合与预测模型的数据库
MRV	2008	确定性	是个基于 ComBase 数据库的预测生长失活过程的接口,提供了可视化的微生物单位生长速率
NIZO Premia	1995	确定性	是一款商业软件,用来预测软件内置或用户提供特性的病原菌和腐败菌的行为过程,这也预测主要是基于乳制品,如果是用户提供特性的其他基质也可能实现
PMM-Lab	2012	确定性	是一款不断进化的开源软件,模拟了基于不同食品基质的病原菌和腐败菌的行为过程,需要用户来提供预测所需的相关信息,提供了一个模型数据库来帮助管理实验数据
Prediction of Microbial Safety in Meat Products	2006	确定性	预测和模拟了 4 种基于肉制品的病原菌的行为过程,其功能的实现基于文献,内部预测模型和试验数据
SymPrevious	2003	确定性, 不确	SymPrevious 是一款商业软件,它模拟了在动态和静态环境条件下 6 种病原菌和 13 种腐败菌的生长失活过程

1.2 软件模块的分析比较

1.2.1 数据库 表 2 展示了 16 种微生物预测软件分别实现的功能模块^[11]。由表 2 可知,大约 40%的微生物预测软件都包含数据库模块,数据库中的微生物数据来源于科学文献和内部试验数据,用于描述基于不同基质的各种微生物的生长失活行为等。在一些微生物预测软件中,预测者会直接提取数据库中的数据来进行微生物生长的模拟仿真试验(例如 ComBase、MicroHibro)。以表 3 为例,试验数据为李斯特菌在不同温度、酸碱度和不同基质下的生长信息,分别取自 Combase 和 SymPreviusb 数据库。ComBase 提供了 15 种微生物且高达 50 000 多条记录的数据库,这些记录描述了微生物在不同培养基和食品介质中的生长失活情况,同时该数据库也在不断增加经过验证的试验数据。预测模型中数据库的数据来源于科学文献,一些微生物预测软件促使了此类数据库的实现(例如 GinaFit,GroPIN)。与此同时,还有一些其他的微生物预测软件提出了新的基于试验数据的预测模型(例如 Baseline,Listeria Meat Model、Prediction of Microbial Safety in Meat Products)。

食品微生物预测软件的基础是数据库和数学模型。数据库中存放着大量的建模所需的原始数据,数据库与数学模型之间的联系使得食品微生物预测软件可以对基于一定标准格式的海量数据做出快速比较^[14]。为了方便用户进行数据的快速查找,数据库中所收录的数据集都具有标准格式,

微生物预测数据库的建立为微生物测量误差提供了解决方案,同时也方便了不同学术机构间的数据交换。

当前,ComBase 是最大也是应用最为广泛的微生物预测数据库,其中收录的微生物数据超过 50 000 条。如图 1 所示,在 ComBase 中,用户可以通过提供各种物理化学条件(例如温度、水活性和酸碱度等)、微生物种类、基质种类、食品介质来查询具体微生物在不同环境条件下的行为信息,图 1 中的浓度变化曲线显示了李斯特菌在一定环境条件下的生长情况,这些数据信息通常用于学术和科学研究领域。为了更好的利用 ComBase 所提供的微生物信息,2008 年,在 ComBase 的基础上开发了 MRV 来预测微生物生长失活过程。

1.2.2 生长/非生长预测 一些微生物预测软件为一些在特殊的环境下病原菌生长的可能性评估提供了预测平台,这些预测可能通过菌种的生长率,生长和失活的比率,或者是生长/非生长的界面来表示^[15-16],这类预测软件包括 FSSP、GroPin、MRV、MicroHibro、PMM-Lab、Prediction of Microbial Safety in Meat Products 和 SymPrevius。生长率的预测可能基于肉汤模型或者食物模型,这些模型中包含许多不同种类的基质和微生物^[17]。例如 MRV,它的响应被定义为“生长”是指细菌浓度有显著增长(>1.0 lg CFU/g),或者定义为微生物的生长速率,这种生长速率通过基于生长/非生长的二维等高线图来描述。

表 2 不同软件所提供的模块

Table 2 Modules provided by each software tool

软件	数据库	生长非生长模型	生长拟合工具	失活拟合工具	生长预测	失活预测	风险评估模块	其他模块
Baseline	—	—	—	—	√	√	—	抽样计划模块
ComBase	√	—	√	√	√	√	—	—
Dairy Products Safety Predictor	—	—	—	—	—	—	√	—
FDA-iRISK	√	—	—	—	—	—	√	—
FILTREX	—	—	√	√	—	—	—	最优序列设计,比较选择模型
FISHMAP	—	—	√	—	√	—	—	—
FSSP	—	√	—	—	√	—	—	鱼类组织胺的预测,关于储存温度对保质期影响的腐败速率模型
GInaFiT	—	—	—	√	—	—	—	—
GroPIN	—	√	—	—	√	√	—	微生物预测模型的数据库
Listeria Meat Model	—	—	—	—	√	—	—	灵敏度分析模块
MicroHibro	√	√	—	—	√	√	√	灵敏度分析模块
MRV	√	—	—	—	—	—	—	—
NIZO Premia	—	—	√	√	√	√	—	菌膜形成模块
PMM-Lab	√	√	√	√	√	√	—	可能形成新特性
Prediction of Microbial Safety in Meat Products	—	√	—	—	√	√	—	—
SymPrevius	√	√	√	√	√	√	—	灵敏度分析模块,F 值计算工具

† √ 表示软件含有该模块;—表示软件不含有该模块。

表 3 取自 ComBase 和 SymPrevious 李斯特菌试验数据

Table 3 Experimental data of Listeria from ComBase and SymPrevious

数据编号	温度/℃	酸碱度	有机酸浓度/%	乳酸浓度/%	水活性(<i>a_w</i>)	数据来源	基质
3	0~12	7.0	0	0	0.996	SymPrevious	Milk
24	4~40	6.0~7.0	0	0	0.996	SymPrevious	Milk
13	4~35	7.0	0	0	0.996	SymPrevious	Milk
14	4~35	7.0	0	0	0.996	SymPrevious	Milk
18	4~35	5.4~7.0	0	0	0.996	SymPrevious	Milk
12	4~10	6.1	0	0	0.957~0.996	SymPrevious	other
15	4	6.8	0	0	0.980	ComBase	Beef
13	6	6.8	0	0	0.980	ComBase	Beef
13	8	6.8	0	0	0.980	ComBase	Beef
13	10	6.8	0	0	0.980	ComBase	Beef
8	12	6.8	0	0	0.980	ComBase	Beef
9	55	4.0	0	0	0.997	ComBase	Beef
9	55	6.0	0	0	0.983	ComBase	Beef
15	4	6.0	0	0	0.997	ComBase	Pork
15	4	5.9	0	0	0.974	ComBase	Pork
35	9	6.1	0	0	0.977	ComBase	Pork
35	9	6.0	0	0	0.976	ComBase	Pork
35	9	5.9	0	0	0.978	ComBase	Pork
35	9	5.9	0	0	0.979	ComBase	Pork
11	9	5.5	0	0	0.972	ComBase	Pork
15	9	5.5	0	0	0.962	ComBase	Pork
7	9	5.7	0	0	0.961	ComBase	Pork
9	25	5.5	0	0	0.950	ComBase	Cheese
4	30	5.5	0	0	0.950	ComBase	Cheese
5	13	5.5	0	0	0.950	ComBase	Cheese
4	37	5.5	0	0	0.950	ComBase	Cheese
7	4	5.6	0	0	0.948	ComBase	Cheese
6	12	5.6	0	0	0.948	ComBase	Cheese
12	1	6.2	0	0	0.990	ComBase	Poultry
13	7	6.0	0	0	0.990	ComBase	Poultry
14	7	6.0	0	0	0.990	ComBase	Poultry
15	7	6.0	0	0	0.990	ComBase	Poultry

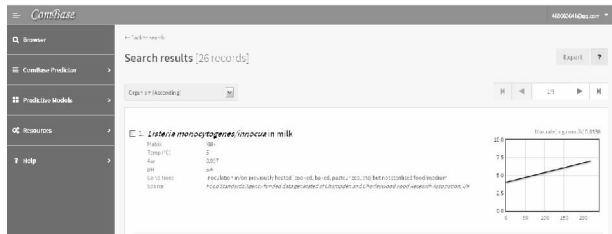


图 1 ComBase 查询信息

Figure 1 Query information of ComBase

图 2 显示了在 MRV 预测软件中大肠杆菌在一定培养基条件下(图 2 上部分)生长/非生长的二维等高线图,反映了大肠杆菌的生长速率(图 2 下部分)。

MRV 的用户可以选择如下 3 种模型来检验微生物的生长速率:第 1 种模型是由 Baranyi 提出的用于预测微生物单

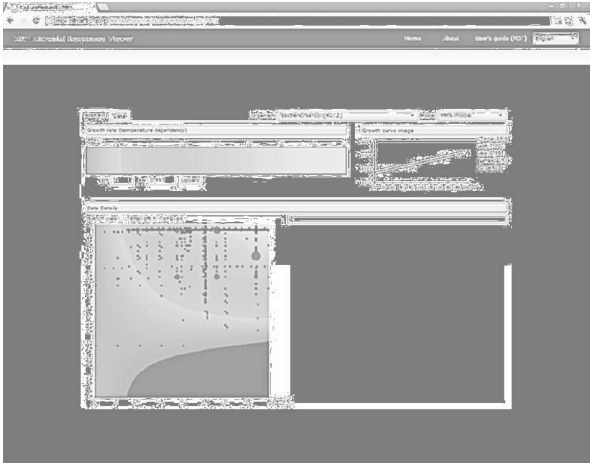


图 2 MRV 中大肠杆菌生长预测

Figure 2 Growth predictor of Escherichia coli in MRV

位生长率的多项式模型;第 2 种模型是平方根模型,此模型考虑到了温度、水活性、酸碱性和乳酸浓度等多种环境因素对大肠杆菌生长速率的影响;第 3 种模型是对数线性回归模,当前此模型作为 MRV 的默认预测模型,通过关于温度、水活性和酸碱性的函数来计算微生物单位生长率。

1.2.3 拟合模块 所有的生长失活拟合模块允许用户拟合静态条件下微生物的一级模型。拟合模型需要提供平均值、标准误差、拟合参数的置信区间和基于试验数据模型拟合质量的统计指标数据^[18],比如平方和误差、Akaike 信息量准则(AIC)和贝叶斯信息量准则。大多数拟合模块要求试验微生物生长失活拟合图形的比较(例如 ComBase、FISHMAP、GinaFit、SymPrevious)。为了探究哪种模型能得到数据的最好拟合,FILTREX 也提供了两种动态模型的比较功能。

ComBase、FILTREX、FISHMAP、GinaFit、PMM-Lab、NIZO Premia 和 SymPrevious 都提供了生长拟合功能模块。一级生长模块通常所提供的评估参数包括迟滞期、最大生长速率、初始浓度和最大浓度等。使用 ComBase 所提供的生长拟合模块,用户可以上传试验数据和根据生长曲线选择适当的拟合模块。完整的 Baranyi 和 Roberts 模型可能没有迟滞期和渐近线供用户参考,但软件提出了可供用户选择的一级模型,例如 Trilinear、the Biphasic 和一些简单的线性模型,同时 SymPrevious 也提出了使用 Logistic 增长模型来获取拟合模块的生长参数,并且打破了在迟滞期微生物不可能生长和在迟滞期与对数生长期之间没有过渡的观点。

ComBase、FILTREX、GinaFit、PMM-Lab、NIZO Premia 和 SymPrevious 都含有失活拟合模块。ComBase 能够完成微生物的失活拟合,并且能够评估上渐近线、最大速率和作为上渐近线镜像的下渐近线。用户可以用一级失活模块来评估关于具体试验数据的失活参数,比如经典的对数线性曲线,根据这些曲线的形状,预测软件既能提供数值评估,又能补充失活参数。最终软件能够计算出微生物细微减少所需时间,并能够依据微生物减少的日志周期数来评估食品保存过程的微生物变化情况。GinaFit 可以根据用户提供的试验数据来拟合一些微生物失活模型,此功能广泛应用于一些生物化学研究领域,它包含了许多典型的失活模型,比较流行的包括对数线性模型和威布尔模型等。NIZO Premia 也提供了拟合用户获取的失活数据的模块,并以此来评估温度这一环境因子对试验微生物的影响。与此同时,SymPrevious 也提供了一种失活拟合模块,用户可以在试验前后上传试验数据、所选模型、试验温度、酸碱度和水活性等参数,通过失活拟合模块来获取拟合评估信息。

1.2.4 生长预测 在所研究的软件中,有 12 种预测软件包含了生长预测模块。生长预测所考虑的主要环境因素包括温度、水活性、酸碱性和乳酸浓度、二氧化碳浓度和其他有机酸^[19]。FSSP 提出了高达 12 种不同参数,同时还考虑到一些有机酸和烟雾浓度等特殊环境因素对生长预测的影响。GroPin 考虑了 23 种环境参数,这些参数正式基于微生物和基质的模型中环境参数。只有 FSSP 考虑了微生物间的相互作用,将其作为一种约束生长的因素。生长预测既可以在

动态条件下完成,也可以在静态条件下完成。一些软件考虑到一些特殊种类的食品介质,包括海产品、蛋制品、乳制品、肉制品和各种蔬菜等^[11]。同时有一些软件用于预测病原体 and 腐败菌,比如说 FISHMAP 就是专门为腐败菌而设计的,各类软件所考虑到的微生物的数量也是从 1 种到 60 多种各有不同。

ComBase 可以预测其数据库中所收录的任意一种微生物的生长情况,可以根据温度、水活性、酸碱度等因子来预测微生物的生长行为过程,而且可以预测微生物在一些特殊环境条件下的生长情况,ComBase 生长预测最突出特色就是可以在动态温度条件下来完成微生物的生长预测,并且用户可以引用生长预测所得到的各种日志信息。图 3 显示了 MicroHibro 可根据用户设定的各种环境条件,来完成微生物的生长预测,MicroHibro 所提供的生长预测模块应用性十分广泛,而且包含了各种类型的数学函数模型,增强了 MicroHibro 的动态更新能力。

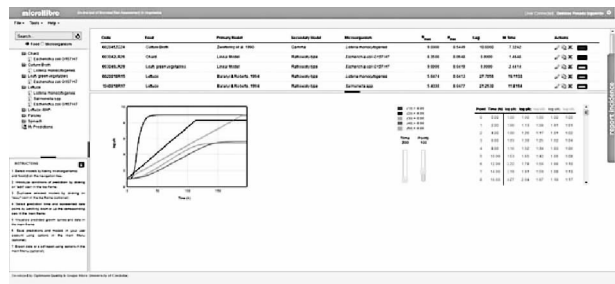


图 3 MicroHibro 生长预测

Figure 3 The growth prediction of MicroHibro

1.2.5 失活预测 Baseline、ComBase、Dairy Product Safety Predictor、GroPin、MicroHibro、NIZO Premia、PMM-Lab、Prediction of Microbial Safety in Meat Products 和 SymPrevious 都包含了微生物的失活预测模块。温度是大多数软件在加热过程所需考虑的影响因素,Combase 中提供的加热失活模型,其微生物的浓度变化反映了病原菌失活的全过程。但是有些软件也提出了基于补充参数的非加热失活工具,这些补充参数包括酸碱度、水活性、NaCl 浓度和亚硝酸盐等。失活预测所考虑的微生物大多是病原菌,并且所考虑的媒介种类也和生长预测模块大有不同。

1.2.6 风险评估模块 在有些情况下,生长失活预测和确定微生物增加减少的数量会被整合起来作为评估模型的一部分,用于描述从原材料到产品的过程。在这种情形下,不同的步骤就形成了不同的模型,比如生长、失活、分离、添加和再分配等。一些风险评估的响应面模型又是基于这些步骤。从表 2 可以看出,Dairy Product Safety Predictor、FDA-iRISK、MicroHibro 3 个软件包含风险评估模块,它们对于生长失活预测的整合有不同的策略:FDA-iRISK 的预测在软件之外完成,并且上传的用于评估的增长日志在评估模块中作为一种固定值或分布,同时也提供了用于阐明李斯特单核细胞和沙门氏菌作用的模板;Dairy Product Safety Predictor 和 MicroHibro 两个软件的生长失活都在模块内完成,使用微生物预测模型和可变参数来实现。

2 讨论

在文章介绍的 16 种食品微生物预测软件中,数据库模块应用较为广泛,在缺少可用试验数据的情况下,数据库是非常有效的。数据库可以使用户立刻得到一种或一组特殊微生物在一类基质中的行为信息,不仅如此,数据库还可以用来搜索文献,但是数据库所提供的信息大多是固定形式的,如果与用户试验微生物信息相关,才可以得到一个快速评估。通过计算得来的生长失活速率与数据库本身所提供的作比较,拟合工具可以用来分析试验数据。为了得到科学文献中更多的可用信息,建议用户浏览不同软件的不同数据库,如果这些数据库之间可以进行数据的交流,那么用户就可以通过一次查询来获得不同数据库中所需信息。SymPrevius 是由法国开发的一款广泛化的决策支持系统,它包含了数据库及一些病原菌和腐败菌的生长失活行为的模拟工具,其数据库的建立将食品基质,微生物类型和各种环境因素综合起来,以实现不同病原菌和腐败菌在不同食品基质中生长失活行为的预测。

拟合工具的基础是一些其他模块,包括成长预测模块、失活预测模块和风险评估模块等。拟合工具可以将包含定性、定量数据的数学函数拟合成微生物的行为过程,以此来描述微生物在不同环境条件下的生长失活行为,拟合过程包括线性和非线性的回归方法。

生长/非生长预测是个有趣的工具,特别是对食品经营者来说。这个工具可以确认某种微生物在一种特殊食品中生长情况,从而得之食品的本质属性和储存条件。

生长失活预测工具对于学术研究和工业生产都很有价值。它允许用户模拟特定微生物在食品保质期内的行为过程。通过加热失活的模拟过程,可以得到在高温度和较短加热时间下,可与保护维生素和食品质地同等效率的加热过程。生长模拟过程可以得到在当前预定温度条件下食品的有效保质期限,它还可以验证食品产生微生物的条件以及管理员或用户的要求。

一些软件的风险评估模块可以让用户研究生产流程对产品污染水平的影响,还可以依据某种特定微生物在某种特定食品中的行为变化来研究消费者患病风险。在工业生产上,风险评估模型可以用来验证新的生产条件,抽样方案和其他管理方案等。但是,目前这些模型大多被食品安全机构用来定义食品安全目标,微生物标准或者其他管理方案等。

3 展望

预测微生物学的发展对于食品行业的开发和贮存都有十分重要的意义,有利于控制产品开发过程中对工艺参数、产品配方的制定和管理方案的优化。文章基于 16 种软件的概述分析和比较为软件之间不同模块功能的互补提供了依据,同时也阐明了未来仍有一些对于这些模块可能性应用亟需解决。例如,为了更好地预测不同种类的微生物在复杂食品基质中的成长失活过程,可以考虑微生物间的相互影响这一变量因子,还有一些其他特性也需要解决,比如对无加热失活过程的建模,完成灵敏度分析等,这些特性都会大大增

加模拟结果评估的准确性。除了需要增加新的特性,软件还需提高用于模拟的模型和数据的透明度,同时还要报告研究方法和数据库的访问频率,因为这样可以增强软件预测微生物的可信度。

同时,在预测模型的发展过程中,全面准确地使用数学方法来建立数学模型是微生物预测过程中的关键问题,同时预测模型的精度也取决于所建立数学模型完整程度。在食品领域,由于食品的多样性和各种食品所特有的一些特征,使得环境因素的波动与微生物生长的关系更加的复杂多变,因此目前的微生物预测模型尚无法完全预测某食品中微生物的增殖情况。但是,近年来机器学习方法作为一种非线性的模型技术逐渐在预测微生物学中得到应用,如人工神经网络在训练数据设置方面比统计模型优越,且在检验数据设置方面比较好,预测微生物学与神经元网络技术的结合使得数学模型的预测更为精确,而且在食品风险评估上也具有较好的效果,因此机器学习技术可以成为预测微生物学模型下一个发展阶段的重要技术支撑,更加完善和精确微生物预测软件。

参考文献

[1] McMeekin T A, Olley J, Ratkowsky D A, et al. Predictive microbiology towards the interface and beyond[J]. International Journal of Food Microbiology, 2002, 73(12): 395-407.

[2] Perez R F, Valero A. Software and data bases; use and application. Predictive microbiology in foods[J]. Springer Briefs in Food, 2013, 5(45): 75-85.

[3] 李秋鹏. 食品预测微生物学三级模型的研究进展[J]. 农产品加工, 2013, 9(2): 123-125.

[4] Buchanan R L, Whiting R C, Damert W C. When is simple good enough: a comparison of the Gompertz, Baranyi, and three-phase linear models for fitting bacterial growth curves[J]. Food Microbiology, 1997, 14(4): 313-326.

[5] 周康, 刘寿春, 李平兰, 等. 食品微生物生长预测模型研究新进展[J]. 微生物学通报, 2008, 35(4): 589-594.

[6] Augustin J C, Zuliani V, Cornu M, et al. Growth rate and growth probability of *Listeria monocytogenes* in dairy, meat and seafood products in suboptimal conditions[J]. Application Microbiology, 2005, 99(5): 1019-1042.

[7] Walls I, Scott V N. Use of predictive microbiology in microbial food safety risk assessment[J]. International Journal of Food Microbiology, 1997, 36(4): 97-102.

[8] Bean D, Bourdichon F, Bresnahan D, et al. Risk assessment approaches to setting thermal processes in food manufacture[J]. ILSI Europe Report Series, 2012, 82(3): 1-40.

[9] 赵勇, 王敬敬, 唐晓阳. 水产品中食源性致病微生物风险评估研究现状[J]. 上海海洋大学学报, 2012, 21(5): 899-905.

[10] 陈君石. 建立国家食品安全风险评估中心的意义与挑战[J]. 中华预防医学, 2012, 46(1): 9-11.

[11] Fanny Tenenhaus-Aziza, Mariem Ellouze. Software for predictive microbiology and risk assessment: A description and comparison of tools presented at the ICPMF8 Software Fair[J]. Food Microbiology, 2014, 12(4): 1-10.

(下转第 70 页)

参考文献

[1] Li Ying, Zhao Hai-feng, Zhao Mou-ming, et al. Relationships between antioxidant activity and quality indices of soy sauce: an application of multivariate analysis[J]. International Journal of Food Science and Technology, 2010, 45(1): 133-139.

[2] 程鹏. 2014 年中国酱油产量统计分析[EB/OL]. (2015-02-04) [2016-05-11]. <http://www.askci.com/news/chanye/2015/02/04/165020koaw.shtml>.

[3] 陈思玺. 我国调味品行业发展分析[J]. 科技创新导报, 2014 (23): 201-204.

[4] Wei Quan-zeng, Wang Hong-bin, Chen Zhi-xin, et al. Profiling of dynamic changes in the microbial community during the soy sauce fermentation process[J]. Appl. Microbiol. Biotechnol., 2013, 97(20): 9 111-9 119.

[5] 张小丽, 蒋予箭, 李锋. 导致酱油胀袋微生物的分离与鉴[J]. 食品与发酵工业, 2014, 40(7): 51-55.

[6] 郭天文, 叶红. 解决酱油货架期涨袋, 爆瓶的探讨[J]. 中国酿造, 2010(3): 138.

[7] 蒋雪薇, 周尚庭, 叶菁, 等. 成品变质酱油中微生物的分离鉴定及变质原因分析[J]. 食品与机械, 2016, 32(2): 46-50.

[8] 王美茜, 孙海燕, 李晓红. 2002 年沈阳市销售酱油理化指标的全面调查[J]. 中国卫生检验杂志, 2002, 12(5): 584.

[9] 尤生萍, 肖华志, 孙亚培, 等. 市售酱油常用理化指标的检测分析[J]. 中国调味品, 2011, 36(4): 98-101.

[10] 中国国家标准化管理委员会. GB 18186—2000 酿造酱油[S]. 北京: 中国标准出版社, 2001.

[11] 赵谋明. 调味品[M]. 北京: 化学工业出版社, 2001.

[12] Steinhaus P, Schieberle P. Characterization of the key aroma compounds in soy sauce using approaches of molecular sensory science[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2007, 55: 6 262-6 269.

[13] Chen Yan-qing, Ni Yong-nian, Kokot Serge. Discriminat ion of Chinese tradit ional soy sauces based on their physico-chemical prop- erties[J]. Science China • Chemistry, 2010, 53(6): 1 406-1 413.

[14] 刘婷婷, 蒋雪薇, 周尚庭, 等. 高盐稀态发酵与低盐固态发酵酱油中次生菌群分析[J]. 食品与机械, 2010, 26(6): 13-17.

[15] 王莉, 林琳, 汪地强, 等. 应用 HS—GC—MS 法分析白酒中的双乙酰[J]. 酿酒科技, 2014(8): 91-93.

[16] 祝美云, 李厚强. 啤酒双乙酰测定影响因素的研究[J]. 食品科 技, 2008(4): 184-186.

[17] 中国国家标准化管理委员会. GB 4927—2008 啤酒[S]. 北京: 中国标准出版社, 2009.

(上接第 32 页)

[11] Le-Bail A, Hamadami N, Bahuaud S. Effect of high-pressure pro- cessing on the mechanical and barrier properties of selected packaging [J]. Packaging Technology and Science, 2006, 19(4): 237-243.

[12] Yoo S, J Lee, C Holloman, et al. The effect of high pressure processing on the morphology of polyethylene films tested by differential scanning calorimetry and X-ray diffraction and its in- fluence on the permeability of the polymer [J]. Journal of Ap- plied Polymer Science, 2009, 112(1): 107-113.

[13] Largeteau A, Angulo I, Coulet J P, et al. Evaluation of films for packaging applications in high pressure processing [J]. Journal of Physics: Conference Series, 2010, 215(1): 1-11.

[14] Schmerder A, Richter T, Langowski H C, et al. Effect of high hydrostatic pressure on the barrier properties of polyamide-6 films [J]. Brazilian Journal of Medical and Biologial Research, 2005, 38(8): 1 279-1 283.

[15] 龚怡. 超高压和中温的联合作用机理及其应用[D]. 无锡: 江南 大学, 2014: 37-44.

[16] 汪俊涵, 叶盛英, 徐尚和, 等. 高压食品包装材料性能研究进 展[J]. 北京工商大学学报: 自然科学版, 2011, 29(2): 7-12.

[17] 吴敏. 包装工程实验[M]. 北京: 印刷工业出版社, 2009: 49- 75, 109-110, 188-194.

[18] 张德鹏, 郭敏, 潘国元, 等. 提高 HDPE 阻隔性能的方法[J]. 合成树脂及塑料, 2011, 28(5): 68-72.

[19] 王徽山, 赵江. 水蒸气透过率、透过量与透过系数的应用 [J]. 塑料科技, 2008, 36(5): 70-72.

[20] Fairclough J P A, Conti M. Influence of ultra-high pressure sterilization on the structure of polymer films [J]. Packaging Technology and Science, 2009, 22(5): 303-310.

[21] Seungram Yoo, Holloman C, Tomasko D, et al. Effect of high pressure processing on the thermal and mechanical properties of polyethylene films measured by dynamical mechanical and ten- sile analyses [J]. Packaging Technology and Science, 2013, 27 (3): 169-178.

[22] 丘苑新, 叶盛英, 徐尚和, 等. 超高压处理对食品软包装材料 性能的影响[J]. 食品工业科技, 2005, 26(11): 140-141.

(上接第 66 页)

[12] 田静. 熟肉制品中单增李斯特菌的风险评估及风险管理措施的 研[D]. 北京: 人民卫生出版社, 2010: 23-25.

[13] 张培培. 冷鲜猪肉中主要病原菌检测及单增李斯特菌的生长预 测模型比较[D]. 浙江: 教育出版社, 2011: 50-54.

[14] Koseki S. Microbial Responses Viewer (MRV): a new Com- Base-derived database of microbial responses to food environ- ments[J]. Food Microbiology, 2009, 134(23): 75-82.

[15] Masana M, Baranyi J. Growth/no growth interface of Brocho- thrix thermosphacta as a function of pH and water activity[J]. Food Microbiology, 2000, 17(5): 485-493.

[16] Geeraerd A H, Valdramidis V P. A freeware tool to assess non- log-linear microbial survivor curves [J]. Food Microbiology, 2005, 102(12): 95-105.

[17] McDonald K, Sun D. Predictive food microbiology for the meat industry[J]. International Journal of Food Microbiology, 1999, 52(6): 1-27.

[18] Kusisk A, Kera J A, Kernstine K H. Autonomous decision making: A data mining approach [J]. IEEE Transactions on Neural Networks, 2000, 4(4): 274-276.

[19] Alfaro B, Pin C. Modelling the effect of the temperature and carbon dioxide on the growth of spoilage bacteria in packed fish products[J]. Food Control, 2013, 29(2): 429-437.