

食品微生物生长预测模型研究新进展

周 康¹ 刘寿春¹ 李平兰^{1*} 马长伟¹ 彭朝辉²

(1. 中国农业大学食品科学与营养工程学院 北京 100083)

(2. 北京北水食品有限公司 北京 100000)

摘 要: 为了更好的了解食品微生物学预测模型的基本内容, 探讨数学模型在预测微生物学中的作用, 达到提高食品卫生检测效率, 保证食品质量安全的目的, 本文以文献综述形式, 简要概述了预测微生物学一级、二级和三级模型的含义与内容。并在此基础上, 着重介绍了全球范围内已经成功推广使用的多种三级模型, 阐述了它们的研究背景、研究进展、使用方法, 分析了各种模型存在的优缺点, 可为实际应用中选择合适的模型提供参考。在比较使用不同种类模型后, 发现 Baranyi & Roberts、响应面法和 ComBase 模型在各级模型中具有更好的使用价值。

关键词: 预测模型, 微生物, 食品

New Advances in Predictive Food Microbial Growth Model

ZHOU Kang¹ LIU Shou-Chun¹ LI Ping-Lan^{1*} MA Chang-Wei¹ PENG Zhao-Hui²

(1. Food Science and Nutritional Engineering, China Agricultural University, Beijing 100083)

(2. Beijing Beishui Food Company Limited, Beijing 100000)

Abstract: Predictive food microbiology is an emerging multidisciplinary area of microbiology. For the purpose of understanding the basic principles of predictive food microbiology, studying the usage of mathematics model in predictive microbiology, improving the efficiency of food sanitary detection and guarantee the food safety, this paper provides a review on different sorts of predictive model with emphasized on the tertiary model. It is included that the classifications of global modeling, research background, recent advances, operation approaches and also the analysis and evaluation of these models, which could be helpful for practical use. Baranyi & Roberts, Response surface, ComBase models are better than the others models.

Keywords: Predictive model, Microbiology, Food

预测食品微生物学(Predictive Food Microbiology)是一门在微生物学、数学、统计学和应用计算机学基础上建立起来的新兴学科^[1]。它的主要研究方向是设计一系列能描述和预测微生物在特定条件下生长和存活的模型。它根据各种食品微生物在不同加工、储藏和流通条件下的特征数据, 通过计算

机处理, 判断食品内主要致病菌和腐败菌生长或残存的动态变化, 从而对食品的质量和安全性做出快速评估和预测^[2]。预测微生物模型是管理食品安全的重要工具, 它为 QMRA(Quantitative microbial risk assessment)和 HACCP(Hazard Analysis Critical Control Point)提供了科学的依据^[3]。

本文通过文献综述, 简要概括了微生物预测一级、二级和三级模型的含义与内容, 对全球范围内已经成功推广使用的多种三级模型进行了详细介绍, 阐述了它们的研究背景、研究进展、使用方法以及存在的问题。

1 模型介绍

食品预测微生物学中的数学模型被用作描述微生物的生长、存活以及生活过程。一般情况下, 预

测模型是按数学模型来进行分类的。一级模型表征一定生长环境和条件下微生物数量与时间的关系; 二级模型描述环境因子的变化如何影响一级模型中的参数; 三级模型是计算机程序, 是将一个或多个一级模型和二级模型, 整合成的计算机软件^[4]。Whiting 和 Buchanan(1993)^[5]提出的模型分类系统将模型分为一级、二级和三级模型。Isabelle 和 Andre(2006)^[6]改进了这种模型分类, 并在各级模型下进行了选择性的举例(见表1)。

表1 模型的分类
Table 1 Classification of Models

一级模型 Primary models	二级模型 Secondary models	三级模型 Tertiary models
Gompertz function	Response surface models	Pathogen Modelling Programme
Logistic model	Arrhenius model	Growth Predictor
Baranyi model	Square root models	Pseudomonas Predictor
Rosso model	γ -models	Seafood Spoilage and Safety Predictor
Monod model	Z values	ComBase
D value of inactivation		Sym'Previous

2 一级模型

很多情况下, 同类微生物的生长情况可以用曲线来描述, 曲线由三个部分组成: 延滞期、指数期和稳定期。在微生物的生长过程中, 环境因素、营养成分和微生物的生长阶段等因素, 都会对微生物的生长产生影响。近年来, 主要常用的一级模型主要包括线型模型、逻辑斯蒂克方程(Logistic function)、Gompertz 模型和 Baranyi & Roberts 模型等。

2.1 线型和 Logistic 模型

线性模型的表述为:

$$\log N = A + kt$$

$\log N$ 是微生物在时间 t 时常数对数值; A 是随时间无限减小时渐进对数值(相当于初始菌数); k 是生长速率。

Logistic 模型的表述为:

$$y = A / \{1 + \exp[4\mu_m(\lambda - t)/A + 2]\}$$

y 是微生物在时间 t 时相对菌数的常用对数值, 即 $\log N_t/N_0$; A 是相对最大菌浓度, 即 $\log N_{\max}/N_0$; μ_m 是生长速率; λ 为迟滞期。一级模型使用简单方便, 但对微生物生长预测的准确性不高, 适合在生长环境和影响因素单一时使用, 在情况复杂时应考虑使

用其他模型代替。

2.2 Gompertz 模型

Gompertz 方程式是双指数函数, 模型表述为:

$$\log N = A + C \cdot \exp\{-\exp[-B(t-M)]\}$$

$\log N$ 是微生物在时间 t 时常数对数值; A 是随时间无限减小时渐进对数值(相当于初始菌数); C 是随时间无限增加时菌增量的对数值; B 是在时间 M 时相对最大生长速率; M 是达到相对最大生长速率所需要的时间^[7]。

较早研究认为, 线形模型较适合描述低温条件下微生物的生长; Logistic 模型和 Gompertz 模型则比较适合描述适温条件下微生物的生长, 这是因为较早的预测微生物学模型主要侧重于研究食品中病原菌的生长。Gompertz 模型未考虑延滞期的影响, 预测准确性存在问题。

2.3 Baranyi & Roberts 模型

Baranyi & Roberts 模型(以下简称 Baranyi 模型)的表述为:

$$N = N_{\min} + (N_0 - N_{\min})e^{-k_{\max}[t-B(t)]}$$

$$B(t) = \int_0^t [r^n / r^n + s^n] ds$$

N : t 时微生物数量; N_0 : 0 时微生物数量;

N_{\min} : 最小微生物数量; k_{\max} : 最大相对死亡率; r, s : 参数^[8]。

该模型只从细胞生长过程中的一个参数进行考虑。第一个方程描述了微生物随时间的变化, 第二个方程描述了微生物生理学阶段即生长延滞期。Baranyi 模型被广泛使用的原因有: 使用方便; 动态环境也可使用; 适合多种情况; 模型中的参数都具有生理学意义^[9]。

在近年的微生物预测模型研究中, 更多的使用 Baranyi 模型不仅仅是因为其更准确, 还因为该模型更加的简单和实用。理论上, 预测的准确性是与参数的多少相关的, 越多的参数越能准确的进行预测, 但是参数过多, 必然导致模型使用不方便以及工作量的增加, 而 Baranyi 模型则很好的协调了模型参数和准确性之间的关系, 即能进行准确预测, 又只使用较少参数。根据文献检索来看, Baranyi 模型也越来越广泛的使用在预测食品微生物领域。

3 二级模型

二级模型是描述环境因子的变化如何影响一级模型中参数的模型(例如: Gompertz 函数中 A 、 B 、 C 和 M)。二级模型主要包括: 平方根模型(Square-root model)、阿留乌斯等式方程(Arrhenius relationship)和响应面模型(Response surface model)。

3.1 平方根模型

平方根模型是用来描述环境因子影响的主要模型, 简单的表达式为:

$$\sqrt{U} = b(T - T_{\min})$$

将一级模型求得的 U 和对应的温度变量代入方程式, 拟和出 b 、 T_{\min} 值。将所得参数值代回原等式, 即可得到温度对于最大比生长速率的影响^[10]。

平方根模型使用简单, 参数单一, 能够很好的预测单因素下微生物的生长情况, 但是对于多个影响因素共同作用的微生物生长预测则缺乏准确性。

3.2 响应面模型

当多种因素共同影响生长时, 响应面模型比平方根模型复杂但却更有效。响应面模型可描述所有影响因素和它们之间的相互作用。在延滞期和最大生长速率相互独立的前提下, 离散二次方程和立体模型被用作延滞期和最大生长速率的预测。在响应面实验设计中, 必须先确定出温度范围、pH 值等其

他必要参数; 其次, 超出实验设计之外的推衍都会导致错误的预测。最后, 在多于三个控制因素时, 响应面模型会相对复杂^[11]。

国内文献在二级模型的使用上, 更多的使用平方根模型, 而较少使用响应面模型, 这主要是由于前者使用更简单, 后者数据量大, 处理分析复杂。但从预测的准确性上看, 后者具有更好的准确性, 为得到更好的预测结果, 可更多的采用响应面来进行模型构建。

4 三级模型

三级模型是一种功能强大, 操作简便的微生物预测工具, 可应用于食品工业和研究领域。三级模型也称专家系统, 它要求使用者具备一定专业知识, 清楚系统的使用范围和条件, 能对预测结果进行正确的解读。三级模型的主要功能有: 根据环境因子的改变预测微生物生长的变化; 比较不同环境因子对微生物生长的影响程度; 相同环境因子下, 比较不同微生物之间生长的差别等。

4.1 Growth Predictor

Growth Predictor 根据 Food MicroModel 预测模型, 经过功能改进和数据扩增建立起来。Growth Predictor 的一级模型没有沿袭 Food MicroModel 曾经使用的 Gompertz 模型, 而使用了 Baranyi & Roberts 模型。主要是由于 Food MicroModel 所使用的 Gompertz 模型过高估计了特定微生物的生长速率; 此外, Growth Predictor 用初始生理状态参数 α_0 代替了延滞参数 α_0 。是一个介于 0 到 1 之间无量纲的数字; $\alpha_0 = 0$ 时代表没有生长, 但延滞时间为无穷; 而 $\alpha_0 = 1$ 时则代表没有延滞, 微生物立刻生长^[9]。由于使用者很难提供初始生理状态参数值, 因此一个初始生理状态参数的经验值被设定为默认值。

尽管测定出延滞时间有利于数据处理和验证预测模型, 而已知的定量数据却很少, 这是由于延滞期不仅仅取决于当前的生长环境, 还取决于微生物生长的整个过程, 特别是初始生理状态, 因此对这方面的研究还受限于此而难于进行深入的研究。该模型可在因特网上免费下载, 操作简单, 使用方便, 适合研究者进行数据分析和结果参比。

4.2 PMP

PMP (Pathogen Modelling Program)由美国农业部微生物食品安全研究机构开发, 包括 11 种微生物

的 35 种模型。软件能够针对致病菌的生长或失活进行预测,预测包括一种或几种参数:恒定的温度、pH 以及水分活度。另外微生物还有第四种参数引入,如有机酸的种类和浓度、空气成分。但是 PMP 所缺乏的是波动温度下的生长和失活模型^[12]。

PMP 也可以在因特网上免费下载,操作界面更为人性化,同样具有使用方便,操作简单特点。此外该模型包括的微生物种类和影响因素与 Growth Predictor 有重复,也有补充,两者可以配合使用。

4.3 SSSP

4.3.1 介绍:海产食品腐败和安全预测器(Seafood Spoilage and Safety Predictor, SSSP)是由丹麦水产研究学院,水产品研究所和信息技术工程所联合开发的预测微生物模型。SSSP 是在 1999 年海产食品腐败预测器(Seafood Spoilage Predictor, SSP)基础上改进的扩展版本。SSP 是一个既包含动力学模型又包含实验性相对腐败速率模型的综合模型,这个综合模型可对货架期进行预测^[13];而 SSSP 由相对腐败速率(Relative Rate of Spoilage, RRS)模型和微生物腐败(Microbial Spoilage, MS)模型构成,增强了对海产品安全性的监控。

SSSP 以 Logistic model 作为一级模型, square-root 和 polynomial models 作为二级模型,它可以对新鲜或初加工的不同水产品的货架期及微生物生长状况进行预测。SSSP 功能包括:相对腐败速率模型,预测温度对货架期的影响;特定海产食品中腐败菌的生长模型;一般模型,改变模型中的参数使其适用于不同类型的食品或细菌;实测货架期或细菌生长与 SSSP 预测结果比较模块;预测冷熏鲑鱼中单核细胞增生李斯特菌和腐败菌共同生长模型。此外,该软件还可预测恒温或波动温度下货架期和微生物生长。

4.3.2 相对腐败速率(RRS)模型:RRS 模型是根据货架期数据建立起来的,这些数据来自不同储藏温度下的感观评定。模型不考虑不同温度下导致腐败的反应类型,利用这一优势 RRS 可以被有效的应用在一个更广的温度范围。RRS 可以预测不同温度下食品的货架期,用户只需提供已知产品某一温度下的货架期,就可使用 RRS 预测其不同温度下的货架期。RRS 模型并不依赖于已确定的腐败响应动力学特性,而可以用于更广泛的领域,比如只有一种特定腐败菌为优势菌的腐败中。此外,在其他数量众

多的水产品中,还有很多未知的因素也可以对 RRS 模型进行补充。

4.3.3 微生物腐败(MS)模型:腐败水产品中微生物的生长存在一些相对简单的模式,可以此为依据应用 MS 对货架期进行预测。众所周知,在储藏水产品时存在一些相当复杂的连续反应,同时也是存在一些基本模式的简单反应。比如,酶的催化反应和化学反应通常会对水产品初期的新鲜造成破坏,而微生物则直接对水产品腐败和货架期起着决定作用。

此外,腐败反应和腐败微生物菌群在新鲜或者保藏初期的水产品中很容易受到储藏条件的影响,这种腐败过程的动力特征使微生物腐败模型的发展受到了限制,并影响了在使用时对货架期的准确预测。但是,特定腐败菌 (Specific Spoilage Organisms, SSO) 被定义成总菌群中对产品的腐败起决定作用的优势菌,SSO 这一概念的引入可以使微生物腐败模型得到明确表达^[14]。通过对简单的 SSO 概念推论,货架期预测可以被表征为:SSO 在一种产品中的起始浓度,SSO 的生长速率和产品在最小腐败水平时 SSO 的浓度。

SSSP 较 SSP 更为全面,操作界面更为人性化,使用方便简单,通过因特网可免费获取,该模型还可以自己设定新的微生物和影响因素,使用者在使用软件的同时也在不断的完善和补充该模型,是一种交互性模型。使用者可以根据自己的情况用该软件对自己的数据进行分析,使研究者进行数据分析和处理的周期减少,提高了效率,增加了数据分析的准确性。

4.4 Sym' Previus

Sym' Previus 由法国农业和研究局主持开发,提供给食品工业以及一些参与者进行决策制定。数据库根据食品、微生物和环境各自的特点(包括 pH、水分活度、培养条件、生产过程及保存条件等),结合致病菌污染食品能力和流行病学数据,拟合出了微生物的生长情况,根据这些数据和模型可以获得生长速率的预测模型。生长动力学模型可以被用来评价一级模型的参数,比如生长速率;也可以用来验证动力学的模拟情况。此外,数据在综合多种特定环境因素后,还可以弥补模型中无法得到的信息,比如包装过程的影响,在延滞期中的热力学影响。Sym' Previus 模型采用了 Rosso's cardinal model 作为

二级模型。使用者可以从 3 个不同的方面获得数据: 数据库; 模拟系统; 数据分析工具。Sym' Previus 不仅仅提供数据库和数学模型, 更重视将数据总结整合在一起, 并进行微生物学和统计学专业研究。

该模型由于多种要求而不能自由的从因特网上下载, 因此在开放性上较其他模型差, 但是在全球资源共享性越来越高的现在, 一种模型或者软件要发展必然需要多方的关注和支持才行, 因此该模型在未来也应该会通过不同的渠道开放给全球的科学研究者。

4.5 ComBase

4.5.1 模型简介: ComBase 是由英国食品标准机构 (Food Standards Agency) 和食品研究协会 (Institute of Food Research), 美国农业部农业研究服务机构 (USDA Agricultural Research Service) 和下属的东部地区研究中心 (Eastern Regional Research Center), 以及澳大利亚食品安全中心 (Australian Food Safety Centre of Excellence) 联合开发的。

ComBase 建立的目的是通过网络提供微生物在食品环境中的响应预测。ComBase 数据库 (通过 ComBase Browser 获得) 是由成千上万的微生物生长和存活率曲线组成的, 这些曲线和数据来自于已经发表的文章和研究机构。根据这些微生物模型的数据, 最终建立了 ComBase Predictor, 它可以用于工业生产、学术研究和管理机构等领域, 其主要功能有: 可以保证某种新开发食品的安全性; 也可以用作教学和研究使用; 还可以用于食品中微生物的风险评估或者食品产业建立新标准的评估。

1988 年英国农业渔业和食品部门在一个协调计划中收集特定致病菌生长数据, 从而建立起一个商业化预测模型, 被称为 Food MicroModel。同时, 美国也开发出类似 Food MicroModel 的模型, 称为 PMP (Pathogen Modelling Program)。2003 年 5 月, 两国将这两种预测微生物模型最终整合成了一个数据库模型, 称为 ComBase。2003 年 7 月, 在法国举行的第四届国际食品预测模型会议两国就网络提供 ComBase 免费使用达成一致并发布。这标志着全世界的研究人员、风险评估人员、法律机构职员、食品生产者和食品研发人员都可以免费的通过该系统对数据进行有效快捷的评估, 并保证了国际食品贸易的安全性。首先, 使用 ComBase 将避免研究者之间不必要的竞争; 其次, 可提高食品的质量和保证

食品的安全; 最后, 标准化的数据源可以减少食品贸易中由微生物风险评估引起的潜在分歧。2006 年, 第二届国际微生物风险评估会议上, 澳大利亚食品安全中心也正式加入 ComBase, 新版本的 ComBase Predictor 也同时发布。

4.5.2 使用方法: ComBase 系统不仅能预测一种微生物在一种环境条件下的生长情况, 还能预测一种微生物在不同环境中的生长情况, 并且可以对这些不同情况下的生长情况进行比较和分析。

ComBase Predictor 不仅适用于恒温条件, 也适用于波动温度。ComBase Predictor, 是一个根据关键因素 (温度、pH、盐浓度等) 预测一系列致病菌和腐败微生物的在线工具。它主要以温度、pH 和盐浓度为参数对微生物的生长和生存模型进行预测。有的情况下, 还在预测模型中引入了第四种参数, 比如二氧化碳或有机酸浓度。它最多可在波动温度下同时对四种微生物响应进行预测。ComBase Predictor 采用 Baranyi 模型作为一级模型, 用标准二次多元多项式函数来描述微生物生长对数期的二级模型。在对数生长期的温度、pH 和水分活度值用标准二次多元多项式建模。最大特定生长速率是 ComBase Predictor 主要的模型参数; 此外, 其他参数有“初始生理学状态”。在使用数据库时, 已有一个经验值作为默认被设定在模型中, 但 ComBase 还是建议使用者自己选择不同的初始生理学状态值输入到系统中, 以观察其对生长曲线的影响。ComBase 提供了 19 种食品, 29 种微生物, 5 种环境因素的模型选择。ComBase 特意标记出了每种模型已录入数据参考文献的数量, 以方便使用者获知该类研究全球的进展情况。

用户可以通过选择关键点, 来预测一定环境下某种食品中的特定微生物生长情况。使用者还可以根据具体的情况对关键点的选择进行放缩, 选择关键点越细致, 预测结果就会越准确。结果将以摘要形式和详细形式两种方式呈现, 摘要形式根据食品分类、温度、pH、水分活度、环境条件和食品来源, 快捷的为使用者分类出所需数据。使用者如果需要缩小搜索范围, 还可以通过排除一些记录来完成。详细形式是数据与图形相结合的形式, 使用者可以在线对其进行分析和预测, 也可以下载记录后再进行分析和预测。

结果分析处理可以通过 Predictor 比对或 Fit the

Data 比对两种方式进行。Predictor 比对是指用 ComBase 中培养基条件下的模型数据进行比对。Fit the Data 比对是根据 ComBase 包含的 5 种模型中的 1 种进行数据调整。

总之, ComBase 不仅整合了多种三级模型的数据, 更重要的是, 该模型将以前各自分开研究的科学家联系到了一起, 从而更有效地使用了人力物力, 对于预测微生物学的发展起到了很好的推动作用。此外, 将模型数据和操作系统公开在因特网上供全球科学家、研究者等共同使用, 也体现了当今世界全球一体化的趋势和科学开放性的特点。

5 小结

根据不同的数学模型, 本文综述了一级、二级和三级模型中常见的模型。模型的发展必然会朝着实用性、开放性、人性化发展, 三级模型将不仅仅是科学研究的重点和前沿, 更是科学与实际最紧密的结合点。本文比较详细的介绍了当今世界上开发最成功, 使用最广泛的一系列三级模型, 根据使用情况, 简单评价了这些三级模型的优劣。在实际的实验和使用过程中认为 Baranyi & Roberts、响应面和 ComBase 模型在各级模型中具有更好的使用价值^[15]。

在预测模型的发展中, 全面准确, 简洁精炼的用数学统计方法描述环境因素则是整个微生物预测模型中最关键和最重要的问题。只有越好的描述环境因素与微生物生长的关系, 该模型才越具有实用价值。在食品领域, 由于食品材质的多样性, 以及各种食品所特有的特征, 环境因素的变化和波动与微生物生长的关系更加复杂, 给预测微生物学增添了更多的不确定性。对这方面进行深入的研究, 具有相当重要的意义。

任何一种模型系统都必须不断地对数据进行扩增, 才能更好地服务用户。整合已有数据和模型建立起完善的三级模型是一项十分有意义的事业。国内对于微生物预测三级模型的认识和开发还处于摸索和起步阶段, 如何借鉴国外经验, 建立起一套自己的完善预测系统也是当前迫切需要解决的问题。同时, 在微生物预测上, 还有很多领域值得探讨、研究和解决, 比如在延滞期的研究方面, 在多菌种混合培养的预测方面, 在波动条件方面。

参考文献

- [1] McMeekin TA, Olley J, Ratkowsky DA, *et al.* Predictive microbiology: towards the interface and beyond. *International Journal of Food Microbiology*, 2002, **73**: 395–407.
- [2] Walls I, Scott VN. Use of predictive microbiology in microbial food safety risk assessment. *International Journal of Food Microbiology*, 1997, **36**: 97–102.
- [3] McMeekin TA, Baranyi J, Bowman J, *et al.* Information systems in food safety management. *International Journal of Food Microbiology*, 2006, **113**: 181–194.
- [4] McDonald K, Sun DW. Predictive food microbiology for the meat industry: a review. *International Journal of Food Microbiology*, 1999, **52**: 1–27.
- [5] Whiting RC, Buchanan RL. A classification of models for predictive microbiology. *Food Microbiology*, 1993, **10**: 175–177.
- [6] Isabelle L, Andre L. Quantitative prediction of microbial behaviour during food processing using an integrated modeling approach: a review. *International Journal of Refrigeration*, 2006, **29**: 968–984.
- [7] Giannuzzi L, Pinotti A, Zaritzky N. Mathematical modeling of microbial growth in packaged refrigerated beef stored at different temperatures. *International Journal of Food Microbiology*, 1998, **39**: 101–110.
- [8] Xiong R, Xie G, Edmondson AS, *et al.* Comparison of the Baranyi model with the modified Gompertz equation for modelling thermal inactivation of *Listeria monocytogenes*. *Food Microbiology*, 1999, **16**: 269–279.
- [9] Baranyi J, Roberts TA. A dynamic approach to predicting bacterial growth in food. *International Journal of Food Microbiology*, 1994, **23**: 277–294.
- [10] Greer GG, Gill CO, Dilts BD. Evaluation of the bacteriological consequences of the temperature regimes experienced by fresh chilled meat during retail display. *International Food Research*, 1994, **27**: 371–377.
- [11] Zurera-Cosano G, Garcia-Gimeno RM, Rodriguez-perez R, *et al.* Performance of response surface model for prediction of *Leuconostoc Mesenteroides* growth parameters under different experimental conditions. *Food Control*, 2006, **17**: 429–438.
- [12] Tamplin M, Baranyi J, Paoli G. Software programs to increase the utility of predictive microbiology information. In: McKellar RC, Lu X (Eds.). *Modeling Microbial Responses in Foods*. Boca Raton: CRC Press, 2004, pp. 233–242.
- [13] Dalgaard P, Buch P, Silberg S. Seafood Spoilage Predictor-development and distribution of a product specific application software. *International Journal of Food Microbiology*, 2002, **73**: 343–349.
- [14] Dalgaard P. Modelling of microbial activity and prediction of shelf life for packed fresh fish. *International Journal of Food Microbiology*, 1995, **26**: 305–317.
- [15] 傅 鹏, 马 昕, 周 康, 等. 热死环丝菌生长预测模型的建立. *食品科学*, 2007, **7**: 433–437.