

金枪鱼生鱼片中优势菌群生长预测模型构建与验证

张子叶, 李晓婷, 刘丽敏, 庄滢钰, 闫晓彤, 黄晓燕, 方婷, 李长城*

(福建农林大学食品科学学院, 福州 350000)

摘要: 目的 考察不同温度条件下优势菌群的接种浓度对其生长的影响, 构建并验证相关数学模型。**方法** 将分离的6株优势生长菌群分别按低浓度2.5~3.0 logCFU/g和高浓度4.5~5.0 logCFU/g混合接种至无菌金枪鱼样品中, 并于恒定温度8~30 °C培养, 测定其生长曲线。采用一步法对高、低浓度接种的菌群生长数据进行拟合分析, 同步构建初级模型(Baranyi模型)和二级模型(Huang Square-Root模型), 并通过另设的3组波动温度条件下的优势菌群生长实验对模型进行验证。**结果** 优势菌群的接种浓度对其生长速率无显著影响; 通过一步法对2种接种状态下优势菌群生长数据的合并分析, 估计得出金枪鱼中优势菌群的最大生长浓度为9.67 logCFU/g, 模型的均方根误差(root mean square error, RMSE)0.53 logCFU/g; 3组波动温度验证试验的RMSE值介于0.22~0.46 logCFU/g。**结论** 本研究构建的预测模型可用于金枪鱼生鱼片等产品中优势腐败菌的生长预测及货架期评估。

关键词: 金枪鱼生鱼片; 优势菌群; 生长; 预测模型; 一步法

Predictive model development and validation of growth of dominant background microflora on raw tuna

ZHANG Zi-Ye, LI Xiao-Ting, LIU Li-Min, ZHUANG Ying-Yu, YAN Xiao-Tong, HUANG-Xiao-Yan, FANG Ting, LI Chang-Cheng*

(College of Food Science, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350000, China)

ABSTRACT: Objective To investigate the influence of the inoculum concentration of the dominant microflora on its growth under different temperature conditions, and to construct and verify the relevant mathematical models. **Methods** The 6 isolated dominant growth bacterial groups were mixed and inoculated into sterile tuna samples at low concentration 2.5–3.0 logCFU/g and high concentration 4.5–5.0 logCFU/g, cultured at a constant temperature 8–30 °C, then its growth curve was determined. Then the growth data of the bacterial population inoculated with high and low concentrations were fit and analyzed by one-step method, and the primary model (Baranyi model) and secondary model (Huang Square-Root model) were constructed simultaneously. The model was validated by the growth experiment of dominant microflora under 3 groups of fluctuating temperatures. **Results** The inoculation concentration of dominant microflora had no significant effect on its growth rate. And one-step approach was used to

基金项目: 国家自然科学基金项目(31601393)、福建省自然科学基金面上项目(2018J01696)

Fund: Supported by the National Natural Science Foundation of China (31601393), and the Natural Science Foundation of Fujian(2018J01696)

***通讯作者:** 李长城, 博士, 讲师, 主要研究方向为预测微生物学及非热力加工。E-mail: changcheng_li@fafu.edu.cn

***Corresponding author:** LI Chang-Cheng, Ph.D, Lecturer, State Key Laboratory of Predictive Microbiology, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350000, China. E-mail: changcheng_li@fafu.edu.cn

analyze the combined growth data of 2 different inoculation concentrations of dominant microflora in raw tuna, the maximum cell density of dominant microflora in raw tuna was estimated to be 9.67 logCFU/g, while the root-mean-square errors (RMSE) of the model was 0.53 logCFU/g. The RMSE values of the 3 fluctuating temperature verification tests were 0.22–0.46 logCFU/g. **Conclusion** This models developed in this study can be used to predict the growth of dominant spoilage bacteria in raw tuna and shelf life evaluation.

KEY WORDS: raw tuna; dominant microflora; growth; predictive model; one-step kinetic analysis

1 引言

金枪鱼肉质鲜美, 具有低脂肪、高蛋白的特点, 是一种极具营养价值的经济鱼类^[1,2]。2018 年, 全球主要商业金枪鱼的捕获量高达 510 万吨^[3]。目前金枪鱼主要以加工处理后的生鱼片形式进入消费市场^[4]。生鱼片在加工和流通过程中易受到微生物的侵染, 引起肉质粘度增大、机体表面褐变、产生异味等腐败变质现象^[5,6]。已有研究表明^[7], 不同冷藏时期的金枪鱼中微生物群落结构具有一定相似性, 样品初始菌相中的优势生长菌群可能成为主要优势腐败菌, 从而影响金枪鱼的品质。因此, 研究优势生长菌群在金枪鱼生鱼片中的生长特性, 对有效监控金枪鱼品质具有现实意义。

预测微生物学模型可以描述不同环境下食品中微生物的生长、存活等状况, 为食品安全风险评估和微生物货架期预测提供理论依据^[8,9]。目前, 国内外已有部分关于金枪鱼微生物安全性的文献报道, 但主要集中于品质研究和单一温度条件下特定腐败菌生长预测等方面^[10-15], 关于优势腐败菌群生长规律的系统性研究报道鲜少。另有研究表明^[16,17], 细菌的迟滞期和变异性可能与初始接种浓度有关, 在建立生长预测模型时考虑微生物初始含量对优势菌群生长特性的影响, 可以使之能够更加准确地描述微生物的生长。此外, 金枪鱼在实际加工、流通过程中, 温度往往会发生波动变化, 联合考察恒定温度和波动温度条件下金枪鱼中优势菌群的生长特性, 能够开发一种更具实际意义的生长模型。

本研究以金枪鱼生鱼片中优势菌群为研究对象, 考察不同恒定温度条件下优势菌群的接种浓度对其生长规律的影响, 构建并验证相关数学模型, 为金枪鱼中优势腐败菌的控制和货架期的预测提供科学依据。

2 材料与方法

2.1 材料与试剂

金枪鱼生鱼片: 福州山姆会员超市。

蛋白胨粉(杭州微生物试剂有限公司); 胰酪大豆胨琼脂培养基(tryptose soya agar medium, TSA)、脑-心浸出液肉汤(brain heart infusion broth, BHI)(广东环凯微生物

科技有限公司)。

2.2 仪器与设备

H-1850R 高速冷冻离心机(湖南相仪实验室仪器有限公司); VORTEX-5 漩涡混合器(上海习仁科学仪器有限公司); KB53 变温培养箱(可编程)、KB115 低温恒温箱(德国 BINDER 公司); Bag Mixer-400 均质拍打器(法国 Interscience 公司); AIRTECH 生物安全柜(苏州安泰空气技术有限公司); Whirl-Pak-207 mL 无菌均质袋(美国 Nasco 公司); SHP-250 细菌生化培养箱、LDZX-75KBS 立式压力蒸汽灭菌器(上海精宏实验设备有限公司)。

2.3 实验方法

2.3.1 菌株分离、培养及接种菌液的制备

在无菌条件下, 将金枪鱼生鱼片切割成(5±0.2)g 大小, 置于无菌均质袋中, 参照 Koseki 等^[18]的方法, 挑取不同菌落形态的优势菌株, 通过连续分离纯化获得 6 株天然背景菌(BG1-6)。经 16SrRNA 检测分离鉴定可知, 6 株优势菌株分别为假单胞菌(*Pseudomonas* spp.)、希瓦氏菌(*Shewanella* spp.)、芽孢杆菌(*Bacillus*)、微球菌(*Micrococcus* Cohn)和气单胞菌(*Aeromonas* spp.)5 种类别的菌株。实验所用优势菌株均保存于-80 °C、含 20%甘油的 BHI 冻藏管中。使用菌株时, 从固液混合态的冻藏管中各挑取单环菌液接种至 10 mL BHI 中, 在摇床(30 °C, 130 r/min)中培养 24~30 h, 连续活化三代以获得活性稳定的菌株。菌株经 TSA 平板划线并于 8 °C 培养箱保存。

每次实验前分别挑取单株优势背景菌, 转移至 10 mL BHI 中, 在 30 °C 下培养 24~30 h, 使菌株浓度达到 10^{9~9.5} CFU/mL。然后于 4 °C 条件下以 5000 r/min 离心 15 min, 再经无菌蛋白胨水(0.1%)清洗菌体 2 次。由于 6 株优势细菌其分离比例几乎相等, 故将 6 株菌株悬浮液等量混合, 经无菌蛋白胨水(0.1%)梯度稀释至 2.5~3.0、4.5~5.0 logCFU/mL, 保存备用。

2.3.2 样品准备与接种

将金枪鱼生鱼片真空包装, 再经 ⁶⁰Co 的辐照源(剂量 8kGy)处理后, 在无菌环境下将金枪鱼生鱼片切分成(5±0.2)g。分别取上述梯度稀释的两种菌株悬浮液 50 μL 按点接方式接种至金枪鱼样品中, 于生物安全柜中晾干 15 min 后装入无菌均质袋中, 然后将样品分别放置于 8、12、16、20、

25、30 °C 和 3 组已预先设置波动温度程序(TP1、TP2、TP3)的培养箱中培养。

2.3.3 取样和微生物计数

根据实验条件预设取样频率和稀释倍数。取样时,向均质袋中加入 15 mL 0.1% 无菌蛋白胨水,并在均质拍打器中正反面各拍打 2 min。均质液经梯度稀释后涂布于 TSA 平板上。涂布后的平板在 30 °C 下培养 24 h 后计数,单位为 logCFU/g 或 lnCFU/g。

2.4 模型构建与数据分析

2.4.1 初级模型

采用 Baranyi 模型^[19]作为初级模型来拟合 6 组恒定温度条件下金枪鱼生鱼片中优势菌群的生长。其中 Baranyi 模型的微分方程表达式如式(1)、式(2)所示。

$$\frac{dY}{dt} = \frac{1}{1+\exp(-Q)} \mu_{\max} [1 - \exp(Y(t) - Y_{\max})] \quad (1)$$

$$\frac{dQ}{dt} = \mu_{\max} \quad (2)$$

式中, $Y(t)$ 、 Y_{\max} 分别是 t 时刻和稳定期的细菌浓度, lnCFU/g。 μ_{\max} 是细菌最大比生长速率, h^{-1} ; Q 是描述细菌生理状态的虚拟变量,它决定迟滞期的长度。当 $t=0$ 时, $Q(t)=Q_0$, $Y(t)=Y_0$ 。

2.4.2 二级模型

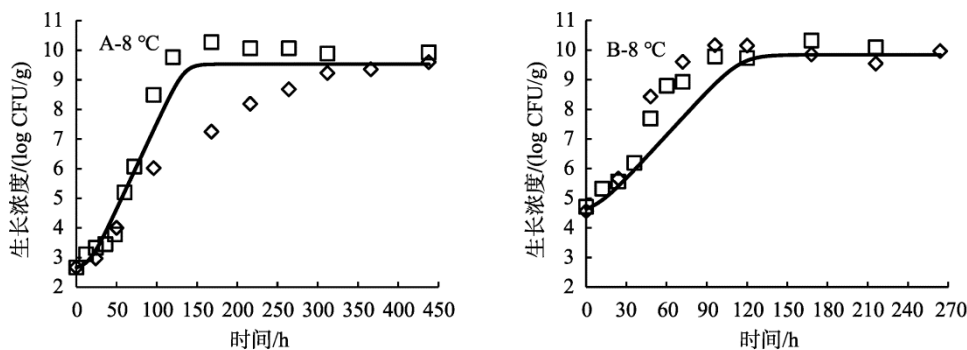
选择 Huang-Square-Root(HSR)模型^[20]作为二级模型以评价温度对金枪鱼中优势菌群生长速率的影响。HSR 模型其表达式如式(3)所示:

$$\sqrt{\mu_{\max}} = a(T - T_{\min})^{0.75} \quad (3)$$

式(3)中, T 、 T_{\min} 分别是优势菌群所处的环境温度和最低生长温度, °C; μ_{\max} 是细菌最大比生长速率, h^{-1} ; a 为系数。

由于试验所用菌株属于冰鲜金枪鱼样品中的优势菌群,根据文献报道,其最低生长温度一般接近于冰点(0 °C)^[21,22],因此,模型构建时将优势菌群的 T_{\min} 固定设置为 0 °C,其二级模型表达式可简化成如式(4)所示。

$$\sqrt{\mu_{\max}} = aT^{0.75} \quad (4)$$



注: ——— 模型 ◆ 实验1 □ 实验2

图 1 低浓度(A)和高浓度(B)金枪鱼中优势菌群生长曲线一步法拟合分析

Fig.1 One-step curve fitting of growth curves of dominant microflora(low concentration(A) and high concentration(B))in raw tuna

2.5 数据拟合与分析

选择各个恒定温度条件下 2 次独立重复的试验数据 $\{Y\}$, 用于建立样品中优势菌群的生长预测模型。通过 Matlab 软件(美国 Math Works 公司)编程对金枪鱼生鱼片中优势菌群的生长数据进行拟合分析,一步法^[15,23]同步构建初级模型(Baranyi 模型)和二级模型(Huang-Square-Root 模型, HSR 模型),运用四阶龙格-库塔法联合最小二乘法求解生长动力学参数 $\{P\} = \{a, Y_{\max}, Q_0\}$ 。

2.6 误差分析与模型验证

分别设定四条动态生长曲线用于验证所构建模型和生长参数的准确性。通过比较预测值 $\{\hat{Y}\}$ 和实测值 $\{Y\}$ 之间的差异,计算均方根误差(root-mean-square error, RMSE),如式(5),运用 RMSE 来衡量模型准确度。一般, RMSE 值越小,表明模型拟合的准确度越高。

$$RMSE = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^N (\hat{y}_i - y_i)^2}{N - q}} \quad (5)$$

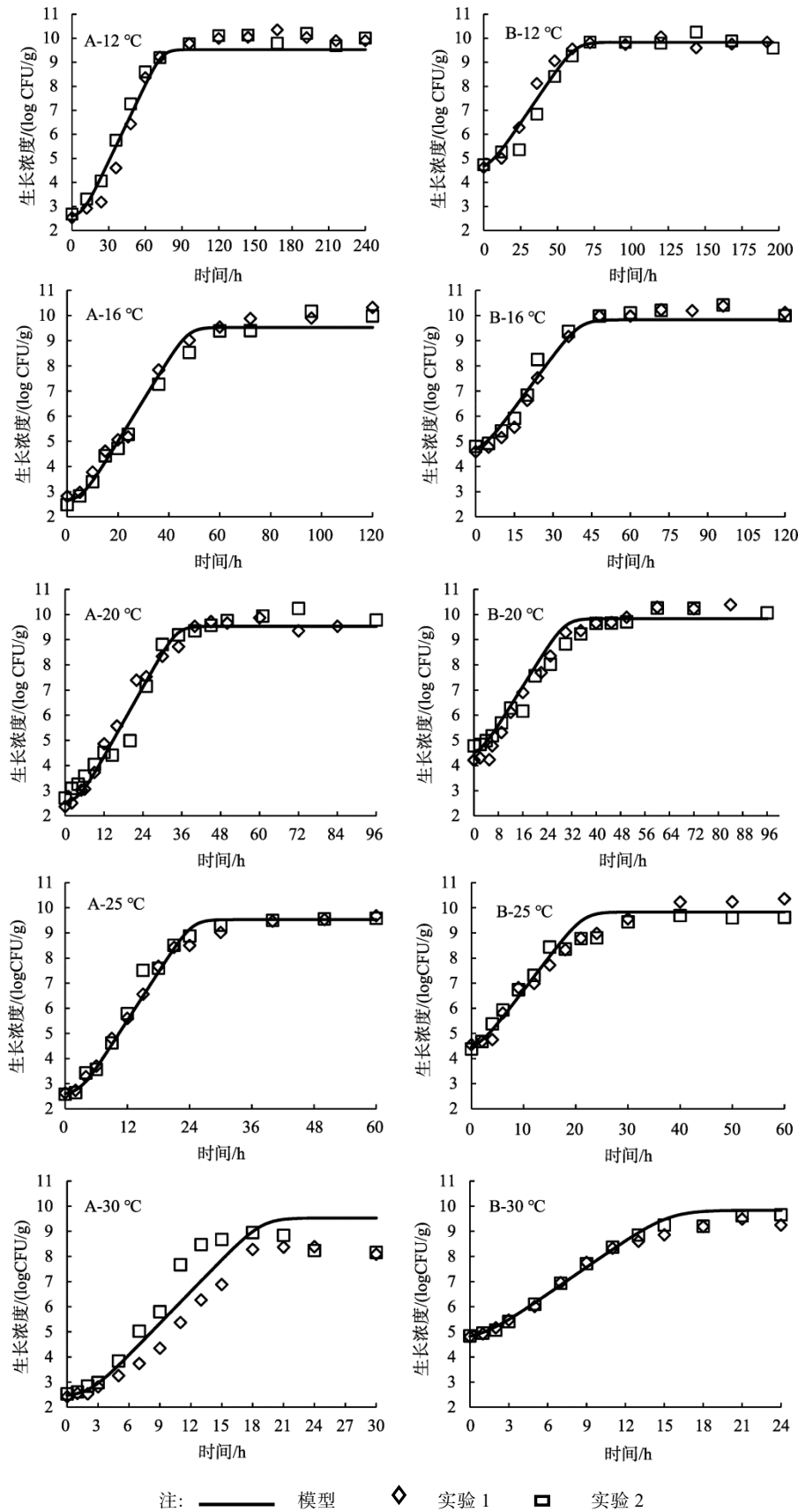
其中, N 为观测值总数; q 为参数数量; i 为第 i 个采样点。

3 结果与分析

3.1 模型构建及生长动力学分析

3.1.1 金枪鱼中不同接种浓度优势菌群生长比较分析

本研究中,金枪鱼生鱼片经辐照处理,杀灭原有背景微生物后,再分别接种低浓度和高浓度的优势菌群,以考察接种浓度对其优势菌群生长的影响。各个恒定温度条件下,低浓度和高浓度的优势菌群在金枪鱼中的生长曲线如图 1 所示。由图 1 可知,2 种接种状态下,金枪鱼样品中菌群的初始浓度分别为 2.5~3.0、4.5~5.0 logCFU/g; 各温度条件下,菌群生长状况良好,其迟滞期相对较短或不显著,表明菌群对金枪鱼样品的环境具有较强的适应性,接种后可快速跃过迟滞期或直接进入对数生长期。另外,随着贮藏温度的升高,对数期内菌群的生长速率也随之增大,菌群进入稳定期所需时间更短。



续图 1 低浓度(A)和高浓度(B)金枪鱼中优势菌群生长曲线一步法拟合分析

Fig.1 One-step curve fitting of growth curves of dominant microflora(low concentration(A) and high concentration(B))in raw tuna

通过一步法分别对低浓度接种的优势菌群的生长数据(共计 166 数据点)和高浓度接种的优势菌群生长数据(共计 157 数据点)进行拟合分析,同步构建初级模型(Baranyi 模型)和二级模型(HSR 模型),估计菌株最大生长浓度 Y_{\max} 、迟滞期相关表征参数 Q_0 , 及二级模型系数 a , 即 $\{P\} = \{a, Y_{\max}, Q_0\}$ 。统计分析和参数估计结果如表 1 和表 2 所示。由表 1 可知,低浓度和高浓度菌群接种状态下,所构建的 Baranyi-HSR 模型的均方根误差(root mean square error, $RMSE$)分别为 0.55、0.48 logCFU/g, F 检验表明模型可用于描述金枪鱼样品中优势菌群的生长($P < 0.05$)。由表 2 可知,低浓度接种和高浓度接种状态下,一步法估计的菌群最大生长浓度分别为 21.95 lnCFU/g(或 9.53 logCFU/g)和 22.65 lnCFU/g(或 9.83 logCFU/g),两者仅相差 0.70 lnCFU/g(或 0.30 logCFU/g),无显著差异;低浓度接种时, Q_0 值为 -2.036, 其 P 值 2.95×10^{-6} ;高浓度接种时, Q_0 值为 -0.647, 虽然该估计值可靠性不高($P = 0.217$),但仍能用于菌群迟滞期状态的描述;低浓度接种和高浓度接种状态下,二级模型系数 a 值分别为 0.077 和 0.071, 两者仅差 7.8%, 亦无显著差异。

为进一步考察金枪鱼样品中优势菌群的初始接种浓度对菌群生长速率的影响,将低浓度接种与高浓度接种状态下的 a 值分别代入式(4),可计算得出其生长速率。图 2 比较了低浓度接种和高浓度接种的菌群生长速率之间的关系,由图 2 可知,2 种接种状态下的菌群生长速率呈线性相

关,其回归方程的斜率为 1.0866,截距为 0, $r^2 = 1$ 。回归分析的结果表明,低浓度接种菌群的生长速率比高浓度接种菌株的生长速率大 $8.66\% < 10\%$, 相比菌群接种量之间的两个数量级的差异,可以认为 2 种接种状态下菌群的生长速率无显著差异。

3.1.2 金枪鱼中不同接种浓度优势菌群生长联合分析

根据前述分析可知,优势菌群的接种浓度对其生长无显著影响,因此,可将恒定温度条件下的 6 组低浓度接种状态的菌群生长数据与 6 组高浓度接种状态的菌群生长数据合并(共 323 个数据点),再通过一步法对新合并的数据集进行联合分析,获得参数 $\{P\}$, 其统计分析和参数估计的结果如表 3 和表 4 所示。由表 3 和表 4 可知,所构建的 Baranyi-HSR 模型的均方根误差($RMSE$)为 0.53 logCFU/g; 估计的优势菌群的 maximum 生长浓度 $Y_{\max} = 22.27$ lnCFU/g(或 9.67 logCFU/g)、 $Q_0 = -1.610$ 、二级模型系数 $a = 0.075$, 3 个参数的估计值均显著,且高、低接种状态的 2 大组数据联合分析时,3 个参数的置信区间比前述单独分析时的参数置信区间更窄,说明联合分析结果更优,模型累积误差更小。将一步法求解的参数 $\{P\}$ 代入式(1)、(2)、(4),可正向计算出各实验温度条件下金枪鱼样品中沙门氏菌生长的预测曲线,由图 3 可知,模型预测值与实验观测值相接近,说明构建的 Baranyi-HSR 模型能够较准确地描述金枪鱼中沙门氏菌的生长。

表 1 Baranyi-HSR 模型的统计分析
Table 1 Statistic analyses of Baranyi-HSR model

接种浓度	数据点	自由度	$RMSE$	F 值	P 值
低浓度	166	163	0.548	9.67×10^3	2.63×10^{-183}
高浓度	157	154	0.484	1.47×10^4	4.86×10^{-189}

表 2 Baranyi-HSR 模型的参数估计
Table 2 Estimated parameters of Baranyi-HSR model

接种浓度	参数	估计值	标准差	t 值	P 值	95%置信区间	
						上区间	下区间
低浓度	a	0.077	0.001	55.416	1.138×10^{-107}	0.074	0.080
	Q_0	-2.036	0.420	-4.843	2.954×10^{-6}	-2.867	-1.206
	Y_{\max}	21.95 ^a	0.164	133.990	1.141×10^{-168}	21.622	22.268
高浓度	a	0.071	0.002	43.172	6.130×10^{-88}	0.068	0.074
	Q_0	-0.647	0.521	-1.241	0.217	-1.677	0.383
	Y_{\max}	22.65 ^b	0.148	152.870	4.406×10^{-170}	22.357	22.943

注: ^a21.95 lnCFU/g=9.53 logCFU/g, ^b22.65 lnCFU/g=9.83 logCFU/g。

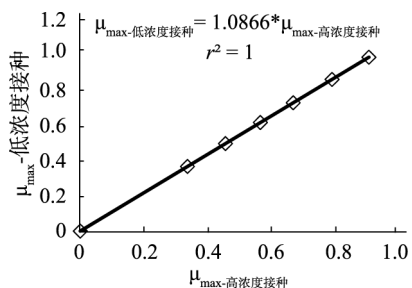


图 2 低浓度和高浓度接种状态优势菌群最大比生长速率的比较
Fig.2 Comparison of the maximum specific growth rate of dominant microflora between the low and high inoculum concentration

表 3 Baranyi-HSR 模型的统计分析
Table 3 Statistic analyses of Baranyi-HSR model

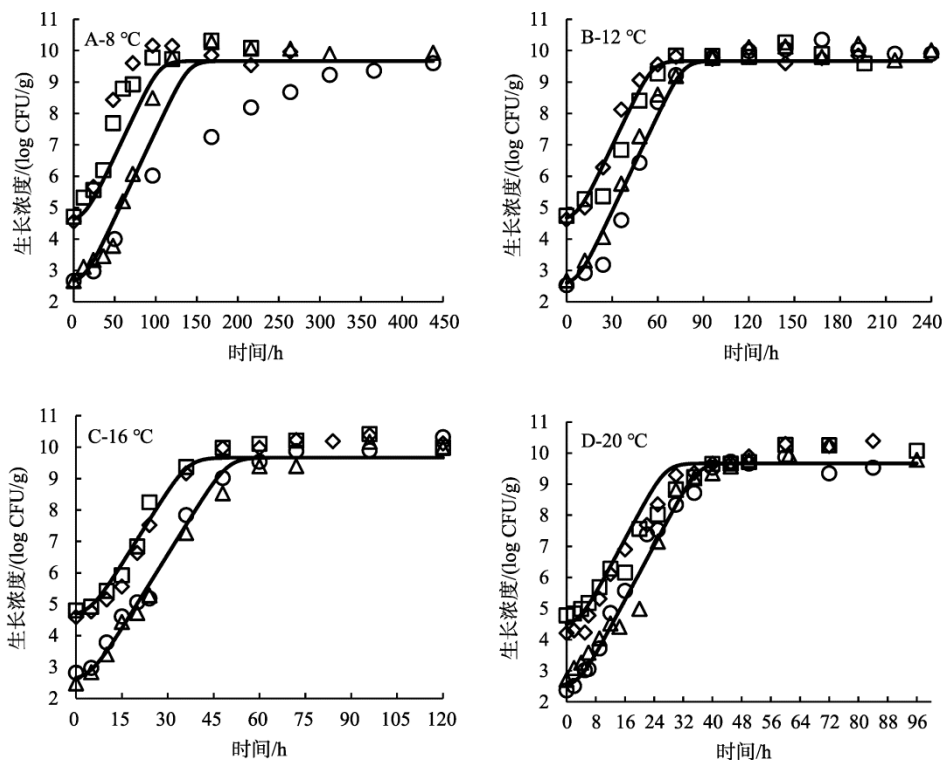
数据点	自由度	RMSE	F 值	P 值
323	320	0.525	2.30×10^4	0

表 4 Baranyi-HSR 模型的参数估计
Table 4 Estimated parameters of Baranyi-HSR model

参数	估计值	标准差	t 值	P 值	95%置信区间	
					上区间	下区间
α	0.075	0.001	72.828	3.016×10^{-201}	0.073	0.077
Q_0	-1.610	0.303	-5.309	2.065×10^{-7}	-2.207	-1.014
Y_{max}	22.27*	0.110	202.11	0	22.050	22.484

注: *22.27 lnCFU/g=9.67 logCFU/g。

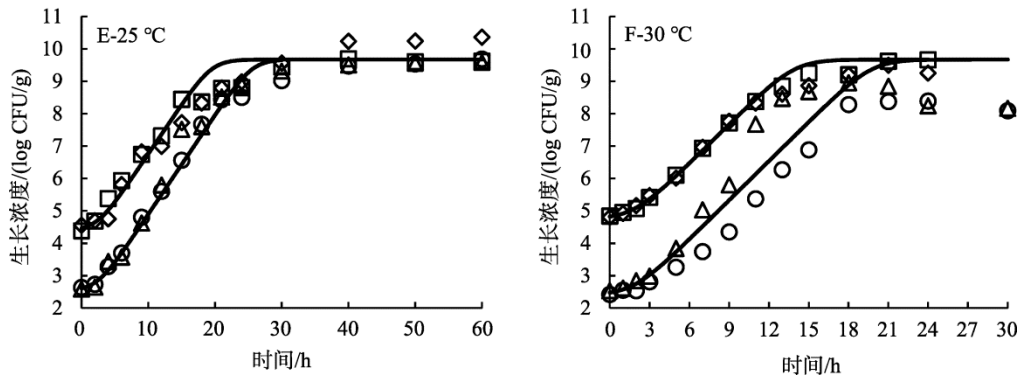
温度对金枪鱼样品中优势菌群生长速率的影响如图 4 所示。需要指出的是, 本研究中的优势菌群包含假单胞菌、希瓦氏菌、芽孢杆菌、微球菌和气单胞菌, 其生长速率近似看作菌落总数的增长速率。因此, 图 4 还将本研究中优势菌群的生长速率与相关文献报道结果进行了对比。于祝祝等^[24]研究了三文鱼中菌落总数、假单胞菌、希瓦氏菌的生长规律, 由图 4 可知, 当温度大于 10 °C 时, 菌落总数和希瓦氏菌温度-生长速率的关系曲线几乎与本研究的结果相一致; 当温度小于 10 °C 时, 本研究中二级模型预测的生长速率小于文献报道的结果, 这主要是由二级模型之间的差异导致, 上述文献选择 Ratkowsky 平方根模型^[25]($\sqrt{\mu_{max}} = a(T - T_0)$)作为二级模型, 而本研究选择 Huang 平方根模型(式(2))作为二级模型, 并将最低生长温度 T_{min} 固定设置在冰点(0 °C), 更符合实际意义。



注: - - - 低浓度-模型; ——— 高浓度-模型; ○低浓度 1; ▲低浓度 2; ◆高浓度 1; □高浓度 2。

图 3 金枪鱼中低、高浓度优势菌群生长曲线联合分析

Fig.3 One-step analysis of dominant microflora(combination of the low and high concentrations) in raw tuna



注: --- 低浓度-模型; —— 高浓度-模型; ○低浓度 1; ▲低浓度 2; ◆高浓度 1; □高浓度 2。

续图 3 金枪鱼中低、高浓度优势菌群生长曲线联合分析

Fig.3 One-step analysis of dominant microflora(combination of the low and high concentrations) in raw tuna

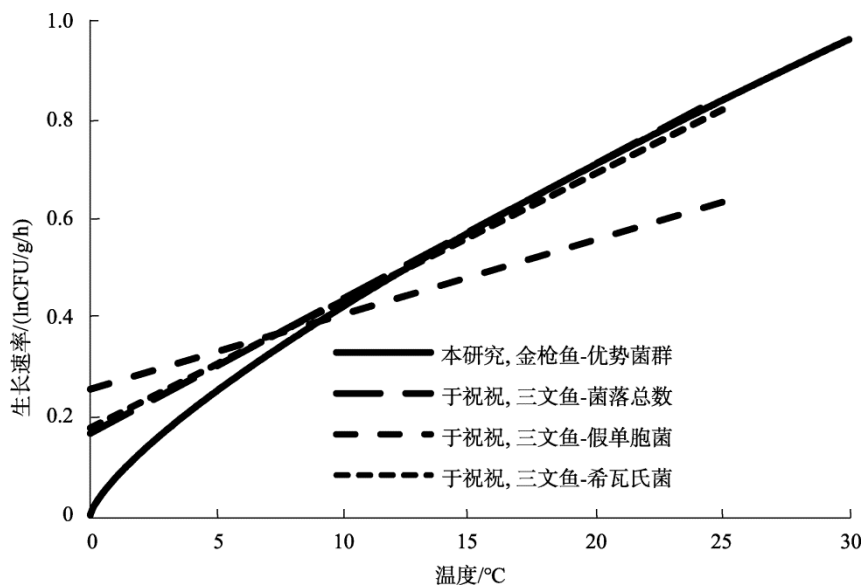


图 4 温度对优势菌群生长速率的影响

Fig.4 Effect of temperature on growth of dominant microflora

3.2 模型验证

本研究是基于恒定温度条件下的实验数据所构建的生长预测模型, 对于该模型在波动温度条件下的准确性尚未可知。因此, 另设 3 组储存时间为 93~120 h、温度波动范围在 8~30 °C 的动态温度曲线(TP1-3), 用于验证模型和生长参数的准确性。图 5-A、B、C 分别对 3 组波动温度条件下金枪鱼中优势菌群的预测生长曲线和实测值进行比较, 其均方根误差分别为 0.46、0.23、0.22 logCFU/g。该结果表明波动温度验证的生长数据与模型估算的生长曲线相接近。通过 Matlab 软件对波动温度验证试验结果进行误差分布拟合, 表明残差服从均值为 0.22 logCFU/g、标准差为 0.39 logCFU/g 的正态分布(图 6)。总体上, 大约 73.2% 的数据残差处于 ± 0.5 logCFU/g 范围内, 表明所构建模型能够较好地拟合波动温度条件下金枪鱼中优势菌群的生长曲线。

4 结论

本研究于恒定温度(8~30 °C)条件下考察金枪鱼生鱼片中优势菌群接种浓度对其生长规律的影响, 通过一步法对高、低浓度接种的菌群生长数据进行拟合分析, 建立 Baranyi-HSR 模型。结果表明, 一步法适用于金枪鱼生鱼片中优势菌群的生长预测模拟, 优势菌群的初始接种浓度对其生长速率无显著影响; 估计的金枪鱼中优势菌群的最大生长浓度为 22.27 lnCFU/g(或 9.67 logCFU/g), 预测模型的 RMSE 为 0.53 logCFU/g; 波动温度试验中的 RMSE 值介于 0.22~0.46 logCFU/g 之间, 其误差结果服从正态分布, 大约 73.2% 的误差处于 ± 0.5 logCFU/g 范围内。本研究构建的预测模型可为金枪鱼生鱼片等产品中优势腐败菌的生长预测及货架期评估提供理论依据。

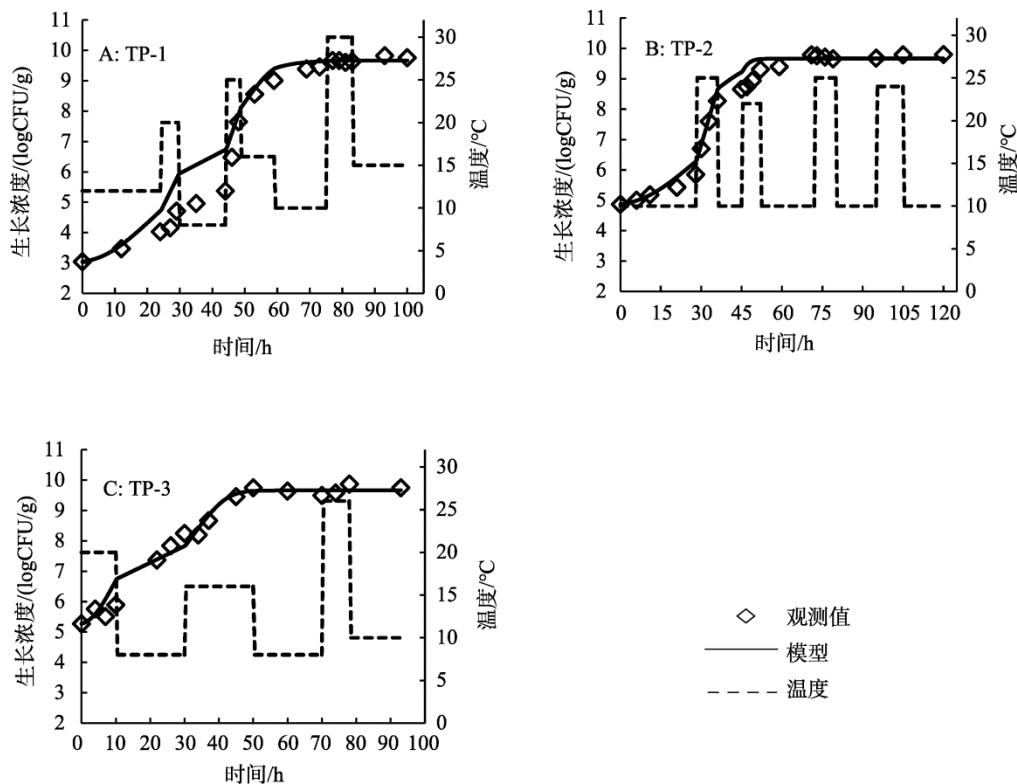


图 5 模型验证: 波动温度条件下金枪鱼中优势菌群生长曲线

Fig.5 Model validation: growth curve of dominant background microflora in raw tuna at dynamic

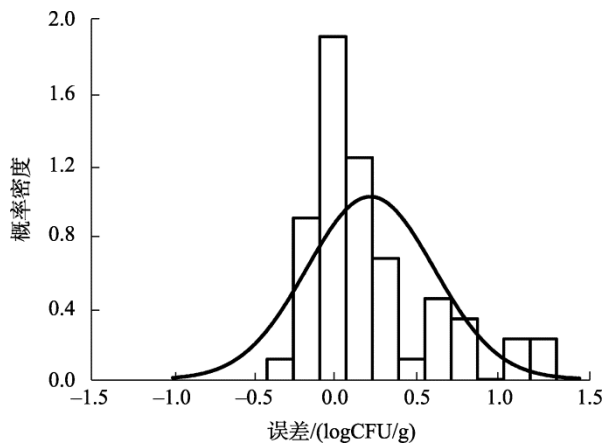


图 6 波动温度误差拟合分布

Fig.6 Distribution of residual errors of dynamic temperature

参考文献

[1] Wang XY, Xie J. Evaluation of water dynamics and protein changes in big-eye tuna (*Thunnus obesus*) during cold storage [J]. *LWT-Food Sci Technol*, 2019, 108(7): 289–296.

[2] 陶瑞, 史智佳, 贡慧, 等. 傅里叶变换红外光谱技术快速检测金枪鱼新鲜度[J]. *肉类研究*, 2017, 31(4): 43–49.

Tao R, Shi ZJ, Gong H, *et al.* Rapid determination of tuna meat freshness based on Fourier transform near infrared reflectance spectroscopy (FT-NIR) [J]. *Meat Res*, 2017, 31(4): 43–49.

[3] 王茜. 全球金枪鱼种群资源量保持较稳定水平[J]. *渔业信息与战略*,

2020, 35(3): 240–241.

Wang Q. Tuna stock levels hold firm [J]. *Fisher Inf Strat*, 2020, 35(3): 240–241.

[4] 徐慧文, 谢晶. 金枪鱼保鲜方法及其鲜度评价指标研究进展[J]. *食品科学*, 2014, 35(7): 258–263.

Xu HW, Xie J. Recent progress in preservation methods and freshness evaluation indexes for tuna [J]. *Food Sci*, 2014, 35(7): 258–263.

[5] 章缙, 杨胜平, 谢晶, 等. 金枪鱼保鲜技术及其假单胞菌适冷机制的研究进展[J]. *食品工业科技*, 2017, 38(8): 369–373.

Zhang Z, Yang SP, Xie J, *et al.* Research progress on keeping fresh technology of tuna and the cold-adapted mechanism of *Pseudomonas* spp. [J]. *Technol Food Ind*, 2017, 38(8): 369–373.

[6] Wang XY, Xie J. Growth kinetics and spoilage potential of co-culturing *Acinetobacter johnsonii* and *Pseudomonas fluorescens* from bigeye tuna (*Thunnus obesus*) during refrigerated storage [J]. *Current Microbiol*, 2020, 77(8): 1637–1646.

[7] 刘爱芳. 金枪鱼低温保鲜技术与微生物演替变化规律的研究[D]. 上海: 上海海洋大学, 2017.

Liu AF. Research on preservation technology and bacterial diversity of *Thunnus obesus* during chilled storage [D]. Shanghai: Shanghai Ocean University, 2017.

[8] Baranyi J, Silva DN. The use of predictive models to optimize risk of decisions [J]. *Int J Food Microbiol*, 2017, 240(2): 19–23.

[9] Kim HW, Lee K, Kim SH, *et al.* Predictive modeling of bacterial growth in ready-to-use salted napa cabbage (*Brassica pekinensis*) at different storage temperatures [J]. *Food Microbiol*, 2018, 70(9): 129–136.

[10] 蓝蔚青, 车旭, 巩涛硕, 等. 基于高通量分析流通方式对大目金枪鱼品

- 质与微生物种群变化影响[J]. 食品科学, 2019, 40(20): 178–184.
- Lan WQ, Che X, Gong TS, *et al.* Effects of circulation modes on quality and microbial populations of big-eye tuna (*Thunnus obesus*) analyzed by high-throughput sequencing [J]. Food Sci, 2019, 40(20): 178–184.
- [11] Naho-Nakazawa A, Ritsuko WB, Hideto FC, *et al.* Effect of long-term storage, ultra-low temperature, and freshness on the quality characteristics of frozen tuna meat [J]. Int J Refrigerat, 2020, 112(4): 270–280.
- [12] Tang Y, Xie J, Li N, *et al.* Effects of different cold chain logistics situations on quality and microstructure of tuna (*Thunnus obesus*) fillets [J]. Transact Chin Soc Agric Eng, 2014, 30(5): 285–292.
- [13] 李少丽, 邓建朝, 李春生, 等. 生食大眼金枪鱼中生物胺产生菌的分离与鉴定[J]. 食品与发酵工业, 2020, 46(14): 121–126.
- Li SL, Deng JZ, Li CS, *et al.* Isolation and identification of biogenic amine-producing bacteria from raw bigeye tuna (*Thunnus obesus*) [J]. Food Ferment Ind, 2020, 46(14): 121–126.
- [14] 刘爱芳, 谢晶, 钱韻芳. 冷藏金枪鱼优势腐败菌致腐败能力[J]. 食品科学, 2018, 39(3): 7–14.
- Liu AF, Xie J, Qian YF. Spoilage potential of dominant spoilage bacteria from chilled tuna (*Thunnus obesus*) [J]. Food Sci, 2018, 39(3): 7–14.
- [15] 李晓婷, 李长城, 刘丽敏, 等. 基于一步法的金枪鱼生鱼片沙门氏菌生长数值模拟[J]. 中国食品学报, 2020, 20(4): 197–205.
- Li XT, Li CC, Liu LM, *et al.* Numerical simulation of growth of *Salmonella* in tuna sashimi-One-step kinetic analysis [J]. J Chin Instit Food Sci Technol, 2020, 20(4): 197–205.
- [16] 萨仁高娃, 胡文忠, 高春红, 等. 不同初始浓度的单增李斯特菌在营养肉汤中生长预测模型的建立[J]. 食品工业科技, 2013, 34(17): 173–176.
- Sa RGW, Hu WZ, Gao CH, *et al.* Establishment of growth prediction model of *Listeria monocytogenes* with different initial concentrations in nutrient broth [J]. Technol Food Ind, 2013, 34(17): 173–176.
- [17] 董庆利, 王忻, 苏亮, 等. 基于不同初始接菌量的铜绿假单胞菌生长模型[J]. 农业机械学报, 2015, 46(12): 246–252.
- Dong QL, Wang X, Su L, *et al.* Modeling on growth of pseudomonas aeruginosa with different inoculum sizes [J]. J Agric Mach, 2015, 46(12): 246–252.
- [18] Koseki S, Takizawa Y, Miya S, *et al.* Modeling and predicting the simultaneous growth of *Listeria monocytogenes* and natural flora in Minced Tuna [J]. J Food Protect, 2011, 74(2): 176–187.
- [19] József B, Terry A. Roberts. Mathematics of predictive food microbiology [J]. Int J Food Microbiol, 1995, 26(2): 199–218.
- [20] Huang LH, Hwang CA, Phillips J. Evaluating the effect of temperature on microbial growth rate--the Ratkowsky and a Bělehrádek-type models [J]. J Food Sci, 2011, 76(8): 547–557.
- [21] Fang T, Liu YH, Huang LH. Growth kinetics of *Listeria monocytogenes* and spoilage microorganisms in fresh-cut cantaloupe [J]. Food Microbiol, 2013, 34(1): 174–181.
- [22] Li M, Sun L, Zhou G, *et al.* Prediction model for the shelf-life of chilled pork stored at different temperatures [J]. Transact Chin Soc Agric Eng, 2008, 24(4): 235–239.
- [23] Huang LH. Direct construction of predictive models for describing growth of *Salmonella enteritidis* in liquid eggs-A one-step approach [J]. Food Control, 2015, 57(4): 76–81.
- [24] 于祝祝, 林洪, 王静雪. 大西洋鲑贮藏过程中微生物生长预测系统的构建[J]. 食品科学, 2020, 41(9): 139–144.
- Yu ZZ, Lin H, Wang JX. Predictive system of microbial growth on Atlantic Salmon during storage [J]. Food Sci, 2020, 41(9): 139–144.
- [25] Ratkowsky DA, Lowry RK, Meeekin TA, *et al.* Model for bacterial culture growth rate through the entire biokinetic temperature range [J]. J Bacteriol, 1983, 154: 1222–1226.

(责任编辑: 韩晓红)

作者简介



张子叶, 硕士研究生, 主要研究方向为预测微生物学。

E-mail: zhangziye_1995@163.com



李长城, 博士, 讲师, 主要研究方向为预测微生物学及非热力加工。

E-mail: changcheng_li@fafu.edu.cn