

多重耐药与药物敏感型大肠杆菌在牛肉中生长预测模型的研究

张玫, 姬华, 李开雄, 卢士玲, 郝仁峰, 渠清, 夏云敏

(石河子大学食品学院, 新疆石河子市石河子大学食品学院, 新疆石河子 832000)

摘要: 本文以多重耐药与药物敏感大肠杆菌为研究对象, 将其分别接种到新鲜牛肉中, 置于 10 °C、20 °C、30 °C、40 °C 温度下培养, 利用 25 °C 和 35 °C 两个温度作为验证。运用 Origin 8.0 建立一级和二级模型, 得出这两种大肠杆菌在不同温度条件下的最大比生长速率与迟滞期。结果表明: 修正的 Gompertz 模型和修正的 Logistic 模型可以很好地模拟牛肉中多重耐药与药物敏感型大肠杆菌在不同温度下的生长情况($R^2 > 0.95$), 其中药物敏感型大肠杆菌的迟滞期比多重耐药型大肠杆菌短。采用 Belehradek 模型说明模型中的参数值(U 和 LPD)与温度之间的函数关系, 温度与最大比生长速率呈现线性关系。利用建立的生长动力学模型求得 25 °C 和 35 °C 的最大比生长速率, 与实际值比较, 二者相对误差较小, 证明建立的模型可靠。本研究为控制牛肉中大肠杆菌提供理论依据。

关键词: 牛肉; 大肠杆菌; 生长预测模型; 多重耐药; 药物敏感

文章篇号: 1673-9078(2015)11-190-195

DOI: 10.13982/j.mfst.1673-9078.2015.11.030

Predictive Growth Models of Multidrug-resistant and Drug-sensitive *Escherichia coli* in Beef

ZHANG Mei, JI Hua, LI Kai-xiong, LU Shi-ling, HAO Ren-feng, QU Qing, XIA Yun-min

(College of Food Science and Technology, Shihezi University, Shihezi 832000, China)

Abstract: Multidrug-resistant and drug-sensitive strains of *Escherichia coli* were inoculated separately into fresh beef, and cultured at 10 °C, 20 °C, 30 °C, and 40 °C. The growth data at 25 °C and 35 °C were used for validation. The primary and secondary models were set up using Origin 8.0 in order to obtain the maximum specific growth rate and lag phase of the two strains at different temperatures. The results showed that the modified Gompertz and Logistic models fit well with the growth parameters of the two multidrug-resistant and drug-sensitive strains in beef ($R^2 > 0.95$). The lag phase of drug-sensitive *E. coli* was shorter than that of the drug-resistant strain. The functional relationship between the parameter values (U and LPD) and temperature was explained by a Belehradek model. The experimental results showed that the temperature and maximum specific growth rate presented a linear relationship. The maximum specific growth rates at 25 °C and 35 °C were computed by the secondary growth kinetic model. The deviation value was relatively small when compared with the predicted values and actual values, indicating that the growth model was reliable. These experimental results provide a theoretical basis for the control of *E. coli* in beef.

Key words: beef; drug-sensitive; *Escherichia coli*; multidrug-resistant; predictive growth model

大肠杆菌 (*Escherichia coli*, *E.coli*), 革兰氏阴性无芽孢杆菌, 是人和温血动物肠道重要的兼性厌氧寄居菌群, 也是水源和食品粪便污染指示菌^[1]。致病性大肠杆菌可以通过饮用受污染的水或进食未熟透的食

收稿日期: 2015-01-05

基金项目: 国家自然科学基金(31301469、31160329、31360392); 石河子大学高层次人才启动项目(RCZX201225); 石河子大学青年骨干教师项目(3152SPXY02033); 国家星火计划(2013GA891006); 新疆生产建设兵团科技攻关(2013BA012)

作者简介: 张玫(1990-), 女, 硕士研究生, 研究方向为食品安全

通讯作者: 姬华(1980-), 女, 博士, 副教授, 主要研究方向为食品质量与安全; 李开雄(1956-), 男, 教授, 主要研究方向畜产品质量与安全

物而感染。

预测微生物学是建立于计算机基础上对食品中微生物的生长、残存和死亡进行数量化的预测方法, 它将食品微生物学、统计学等结合在一起, 建立温度、pH 值、水分活度等环境因素与食品中微生物之间关系的数学模型, 从而能够给出各个环节的关键控制点, 并预测产品的微生物指标, 以及在不同贮存环境下货架期和食品的安全性, 从而对食品安全做出快速评估的预测方法^[2]。

目前国内外在预测微生物方面的研究范围很广, 研究对象一般都是引起食品腐败变质或给人体带来毒害作用的腐败菌和致病菌。姜英杰和张辉等人曾分别

建立了大肠杆菌在猪肉和卤牛肉中的预测模型,为控制食品中大肠杆菌污染提供理论依据^[3,4]。国外有大量模拟大肠杆菌在食品或营养肉汤中生长模型的实验。

Jun Wang 等人对不同相对湿度及温度条件下,大肠杆菌 O157:H7 在生菜中的生长情况进行了研究,发现温度的增长对大肠杆菌 O157:H7 在生菜中的生长更有影响力^[5]。本文以课题组从不同食品中分离鉴定出的多重耐药与药物敏感大肠杆菌为研究对象,采用无菌操作将活化的大肠杆菌接种到牛肉中,并在不同的温度条件下培养和测定,由此建立不同温度条件下大肠杆菌的一级生长模型和二级生长模型,得到两株菌的最大比生长速率和迟滞期,用偏差度(B_f)和准确度(A_f)来评价大肠杆菌的一级模型和二级模型的可靠性,并用两个温度数据对二级模型进行验证,以此为预测和控制大肠杆菌在牛肉中的生长提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

优质新鲜瘦牛肉,购自于石河子市友好超市。

菌株:本实验选取 2 株大肠杆菌,分别为多重耐药菌株 13z 与药物敏感菌株 16z (食品学院食品微生物实验室保存)。其中菌株 13z 为 8 重耐药菌株,分别对氨苄西林、四环素、氯霉素、复方新诺明、红霉素、阿莫西林、链霉素、萘啶酮酸产生耐药性;菌株 16z 为敏感菌株(仅对头孢他啶显示中介,对氨苄西林、头孢噻肟、庆大霉素、亚胺培南、环丙沙星、左氧氟沙星、四环素、氯霉素、阿米卡星、哌拉西林、复方新诺明、红霉素、阿莫西林、多粘菌素 B、链霉素、萘啶酮酸 16 种药物均显示敏感);药敏试验判断参照《抗微生物药物敏感性试验执行标准》第十七版信息增刊提供的纸片法标准^[6]。

1.2 实验仪器和设备

DZLX-40II 型自动灭菌锅(上海申安医疗器械厂);SPX-250B-Z 型生化培养箱(广东省医疗器械厂);SW-CJ 型超净工作台(上海智城分析仪器制造有限公司)。

1.3 培养基和试剂

LB 培养基、伊红美蓝培养基(青岛海博生物技术有限公司)、麦氏比浊管、0.85%生理盐水。

1.4 原菌液的制备

两株菌均保藏在-20℃的甘油管中,在超净工作

台中将 2 株菌分别接种到 LB 营养琼脂培养基中,37℃下培养,活化 3 次。用无菌棉签蘸取适量菌落到生理盐水管中,参照麦氏比浊管的浓度,于 520 nm 波长下的分光光度计上进行测量,待其吸光值与比浊液吸光值大致相同即可,菌液浓度约为 1.5×10^8 CFU/mL。

1.5 样品处理

在超净工作台内用酒精棉球擦拭整块新鲜肉表面两次,再用紫外线杀菌 25 min (紫外灯:30 W;距离:520 mm)。用无菌手术刀剔除表面的肉,将内部的肉分割成 10 g (大小约 2 cm×2 cm×2 cm) 的肉样,放入无菌培养皿内,将肉样的两面再用紫外线各杀菌 25 min,取原肉 10 g,用 0.85%生理盐水分别稀释 10 倍、100 倍,平板涂布法进行平板计数检测原肉中的微生物,未发现微生物生长。

1.6 接种菌株

接种前将已制好的两株大肠杆菌菌液充分摇匀,使用无菌生理盐水分别进行梯度稀释,制备成菌量为 $10^3 \sim 10^4$ CFU/mL 的菌悬液,无菌操作将 10 g 无菌肉片悬浮于菌液 15 s 进行接种,然后将肉片取出放入无菌均质袋中,分别放置到 10℃、20℃、25℃、30℃、35℃、40℃恒温培养贮藏,每隔适当时间取出样品进行微生物计数。

1.7 肉样贮藏和微生物计数

将盛有接种肉样的均质袋袋口密封,分别贮藏于 10℃、20℃、25℃、30℃、35℃、40℃的生化培养箱内。按时取出肉样,用无菌剪刀剪碎,放入装有 90 mL 无菌生理盐水的均质袋内,使用均质机充分拍打 90 s,连续 10 倍稀释均质液,选取 3 个合适浓度的菌液,各吸取菌液 100 μL 涂布 LB 平板(计数平板),每个稀释梯度涂布两个平板,37℃培养 24 h 后计数。

1.8 一级模型的建立

研究表明,修正的 Gompertz 方程和修正的 Logistic 方程可以应用于描述细菌生长状况,得到生长参数,进而预测微生物的生长动态变化。修正的 Gompertz 方程和修正的 Logistic 方程如下^[7]:

$$y = A_1 + (A_2 - A_1) \exp(-\exp(-k(x - xc))) \quad (1)$$

$$y = A_1 + (A_2 - A_1) / (1 + \exp(-k \times (x - xc))) \quad (2)$$

式中 y 是 x 时间所对应的菌落数的对数值, $\lg(\text{CFU/g})$;

A_1 为初始菌落数, $\lg(\text{CFU/g})$; A_2 为微生物达到稳定期时的最大菌落数, $\lg(\text{CFU/g})$; k 表示在 x_c 的时间点时的相对最大比生长速率, h^{-1} ; x_c 为微生物生长达到到最大生长速率所需要的时间, h 。

以上参数都可以直接通过模型得到, 在一级模型中比较重要的两个变量最大比生长速率 U 和延滞时间 LPD 是通过以下公式求出:

最大比生长速率:

$$U = k(A_2 - A_1) / e \quad (3)$$

注: 单位是 h^{-1} 。

延滞时间:

$$LPD = x_c - (1/k) \quad (4)$$

注: 单位是 h 。

1.9 二级模型的建立

二级模型反映的是一级模型中的参数值 (U 、 LPD 、 x_c 等) 与环境变量 (pH 、 A_w 、温度) 之间的函数关系。本文中温度对腐败菌生长动力学参数的影响由平方根(Belehradek)方程实现^[8], 方程式如下:

$$\sqrt{U} = b_u \times (T - T_{\min U}) \quad (5)$$

$$\sqrt{1/LPD} = b_L \times (T - T_{\min L}) \quad (6)$$

式中: T 是不同一级模型所对应的温度, $T_{\min U}$ 、 $T_{\min L}$ 是细菌生长的理论最低温度, 指的是微生物没有代谢活动时的温度, 即最大比生长速率为 0 时的温度; b 是方程常数。

1.10 模型的验证

为评价建立的模型的可靠性, 采用偏差度 (B_f) 和准确度 (A_f) 来评价已经建立的大肠杆菌的生长动力学模型和二级模型的可靠性。并用建立的生长动力学模型求得 25°C 和 35°C 的预测值, 与实际值比较, 用相对误差值来验证所建预测模型的可靠性^[9]。应用建立的修正 Gompertz 模型和修正的 Logistic 模型求得 10°C 、 20°C 、 30°C 、 40°C 贮藏时的预测值, 与试验中实际测得的大肠杆菌生长数值进行比较; 对建立的二级模型进行由大肠杆菌的预测值和实测值来计算预测方程的偏差度 (B_f) 和准确度 (A_f)^[10]。

$$\text{相对误差}/\% = \frac{N_{\text{预测值}} - N_{\text{实测值}}}{N_{\text{实测值}}} \times 100 \quad (7)$$

$$B_f = 10 \frac{\sum \log(N_{\text{预测值}}/N_{\text{实测值}})}{n} \quad (8)$$

$$A_f = 10 \frac{\sum |\log(N_{\text{预测值}}/N_{\text{实测值}})|}{n} \quad (9)$$

其中, $N_{\text{实测值}}$: 实验实际测得的微生物数量, $\log(\text{CFU/g})$;
 $N_{\text{预测值}}$: 应用微生物生长动力学模型计算的与 $N_{\text{实测值}}$ 同一时间的微生物数量, $\log(\text{CFU/g})$; n : 实验次数。

1.11 数据处理

应用 Origin8.0 统计软件, 对所得数据进行拟合、回归及统计假设检验, 获得不同贮藏温度条件下大肠杆菌生长曲线、生长动力学参数以及得到二级模型中最大比生长速率和延滞时间与温度之间的关系。

2 结果与分析

2.1 不同温度下多重耐药与敏感大肠杆菌在牛肉中的动力学相关参数

实验获得这两种菌在这 4 个温度 (10°C 、 20°C 、 30°C 、 40°C) 下的生长数据, 分别代入修正的 Gompertz 方程和修正的 Logistic 方程进行拟合, 计算出在牛肉中多重耐药和敏感型大肠杆菌的相关动力学参数。

从表 1 和表 2 可知, 在 $10\sim 40^\circ\text{C}$ 贮藏条件下多重耐药和药物敏感型大肠杆菌在牛肉中的生长情况较好。其中修正的 Gompertz 模型和修正的 Logistic 方程的判定系数 R^2 均大于 0.95。随着贮藏温度的升高, 菌株 13z 和 16z 生长速率都在逐渐增大; 由 Gompertz 模型得出的数据可看出, 在 $10\sim 40^\circ\text{C}$, 耐药菌株 13z 的迟滞期远大于敏感菌株 16z 的迟滞期, Logistic 模型中, 除了 20°C 时耐药菌株 13z 的迟滞期小于敏感菌株 16z, 总体趋势也符合这一规律。将修正的 Gompertz 模型和修正的 Logistic 方程拟合菌株 13Z 得到的两组 U 值或两组 LPD 值进行 t 检验, $p > 0.05$; 将修正的 Gompertz 模型和修正的 Logistic 方程拟合菌株 16Z 得到的两组 U 值或两组 LPD 值进行 t 检验, $p > 0.05$; 两种方程拟合得到的 U 值之间无显著差异, 两种方程拟合得到的 LPD 值之间无显著差异。Deog-Hwan Oh 等^[11] 试图开发一种新的指数模型, 描述大肠杆菌 O157:H7 在肉汤中不同温度下的生长率。在其结果中发现, 大肠杆菌在 10°C 时迟滞期延长至 60 h; 随着温度的升高, 迟滞期明显缩短, 与本实验结论一致。Roland Lindqvist^[12] 等研究大肠杆菌在香肠中的生长率, 发现在不利条件下不同产毒菌株增长速率有很大差异, 而在相同条件下菌株之间的差异是可以忽略不计的。在本实验中, 敏感菌株和耐药菌株的生长速率

是大致相同的。

表 1 不同温度下由修正的 Gompertz 方程计算牛肉中多重耐药与敏感型大肠杆菌的动力学相关参数

Table 1 Kinetic parameters of multidrug-resistant and drug-sensitive *Escherichia coli*, provided by the modified Gompertz model in beef at different temperatures

T/°C	多重耐药菌株 13z					药物敏感菌株 16z				
	A ₁ / lg(CFU/g)	U /h ⁻¹	LPD /h	A ₂ / lg(CFU/g)	R ²	A ₁ / lg(CFU/g)	U /h ⁻¹	LPD /h	A ₂ / lg(CFU/g)	R ²
10	2.79	0.135	24.66	11.31	0.9936	2.42	0.110	8.25	10.76	0.9799
20	3.68	0.227	7.10	8.31	0.9530	2.19	0.306	4.04	9.75	0.9842
30	3.72	0.653	3.64	10.06	0.9870	3.49	0.516	2.28	10.45	0.9543
40	3.38	0.938	1.37	9.77	0.9914	3.10	0.837	0.65	9.40	0.9884

表 2 不同温度下由修正的 Logistic 方程计算牛肉中多重耐药与敏感型大肠杆菌的动力学相关参数

Table 2 Kinetic parameters of multidrug-resistant and drug-sensitive *Escherichia coli*, provided by the modified Logistic model in beef at different temperatures

T/°C	多重耐药菌株 13z					药物敏感菌株 16z				
	A ₁ / lg(CFU/g)	U /h ⁻¹	LPD /h	A ₂ / lg(CFU/g)	R ²	A ₁ / lg(CFU/g)	U /h ⁻¹	LPD /h	A ₂ / lg(CFU/g)	R ²
10	2.30	0.196	39.163	11.18	0.9926	2.52	0.207	33.024	10.55	0.9765
20	1.90	0.270	4.750	8.57	0.9813	1.11	0.440	10.337	9.66	0.9842
30	3.50	1.037	5.886	9.63	0.9929	3.51	1.024	5.629	9.19	0.9801
40	2.92	1.370	3.210	9.69	0.9929	2.21	1.174	1.618	8.47	0.9856

表 3 二级模型的统计分析结果

Table 3 Statistical analysis of the secondary model

菌株	生长参数	Gompertz			Logistic		
		方程式	R ²	p	方程式	R ²	p
13Z	U	$\sqrt{U} = 0.12139 + 0.02135 \times T$	0.94658	0.01796	$\sqrt{U} = 0.11729 + 0.02682 \times T$	0.88119	0.04042
	LPD	$\sqrt{1/LPD} = 0.01634 + 0.01781 \times T$	0.99028	0.01804	$\sqrt{1/LPD} = 0.11014 + 0.01148 \times T$	0.64631	0.12581
16Z	U	$\sqrt{U} = 0.15081 + 0.01915 \times T$	0.99559	0.00147	$\sqrt{U} = 0.24488 + 0.02234 \times T$	0.92367	0.02577
	LPD	$\sqrt{1/LPD} = -0.02326 + 0.02841 \times T$	0.82339	0.06071	$\sqrt{1/LPD} = -0.06355 + 0.01947 \times T$	0.87720	0.04180

2.2 不同温度条件下多重耐药与药物敏感大

肠杆菌的二级模型

本文主要考虑的是温度对生长参数的影响,故选用平方根模型来建立二级模型。从表 1 和表 2 可以看出 R² 均在 0.95 以上,说明所拟合效果较好,可以建立二级模型。

由表 3 可看出,由修正的 Gompertz 模型建立的二级模型的 R² 值较高,均在 0.82 以上,修正的 Logistic 模型建立的二级模型的 R² 值大多低于修正的 Gompertz 模型的 R² 值。根据二级模型数据可看出,无论大肠杆菌为多重耐药型或敏感型,修正的 Gompertz 模型对于牛肉中大肠杆菌的生长曲线模拟效果更好。对建立的 8 个二级模型进行方差分析,结果显示最大比生长速率与温度二级方程的 p 值范围在

0.00147~0.04042, 方程差异显著,拟合较好;延滞时间与温度二级方程的 p 值范围在 0.01804~0.12581, p 值较小,方程可以接受。

2.3 模型验证结果及分析

2.3.1 一级模型验证结果

偏差因子衡量预测值是否过高或过低估计了实测值,表示模型的结构偏差。准确因子衡量预测值与实测值的平均误差,该值等于 1 表明预测值与实测值完全吻合,预测很准确。Ross 建议病原性细菌 B_f 的范围在 0.90~1.05 为最好;0.70~0.90 或 1.06~1.15 能够接受^[13]; B_f <0.70 或者 >1.15 不能接受。Lebert 认为 B_f 不能提供全面的模型准确性预测, A_f 显示预测值与观测值的接近程度, A_f 越接近 1,模型越好^[14]。观察表 4 和表 5,可以看出修正的 Gompertz 模型拟合大肠杆菌 13z 的生长在 30 °C 达到最优,其偏差因子和准确

因子为 1.001 和 1.021, 16z 在 40 °C 达到最优, 偏差因子和准确因子为 1.000 和 1.035; 修正的 Logistic 模型拟合大肠杆菌 13z 在 40 °C 达到最优, 偏差因子和准确因子为 1.000 和 1.017, 16z 在 30 °C 达到最优, 偏差因子和准确因子为 1.000 和 1.034。

表 4 不同温度下一级模型耐药大肠杆菌 13z 的偏差因子和准确因子

Table 4 Bias factor (B_f) and accuracy factor (A_f) of the primary growth model with regard to multidrug-resistant *Escherichia coli* at different temperatures

T/°C	Gompertz		Logistic	
	B_f	A_f	B_f	A_f
10	1.009	1.042	0.999	1.033
20	0.999	1.064	0.999	1.031
30	1.001	1.021	1.000	1.019
40	0.995	1.026	1.000	1.017

表 5 不同温度下一级模型敏感大肠杆菌 16z 的偏差因子和准确因子

Table 5 Bias factor (B_f) and accuracy factor (A_f) of the primary growth model with regard to drug-sensitive *Escherichia coli* at different temperatures

T/°C	Gompertz		Logistic	
	B_f	A_f	B_f	A_f
10	1.044	1.064	1.001	1.048
20	0.999	1.037	0.999	1.047
30	1.004	1.053	1.000	1.034
40	1.000	1.035	1.014	1.035

2.3.2 二级模型验证结果

表 6 二级模型的偏差因子和准确因子

Table 6 Bias factor (B_f) and accuracy factor (A_f) of the secondary growth model

菌株 编号	生长 参数	Gompertz		Logistic	
		B_f	A_f	B_f	A_f
13z	U	0.999	1.077	1.001	1.128
	LPD	0.962	1.064	1.040	1.209
16z	U	1.001	1.019	1.004	1.056
	LPD	0.979	1.195	0.970	1.172

从表 6 可以看出, 由修正的 Gompertz 模型拟合的结果中, 偏差因子在 0.962~1.001 之间, 建立的预测模型 B_f 在最优范围内; 准确因子在 1.019~1.195 范围内, 表示误差较低, 说明建立的数学模型能够很好的预测 10~40 °C 下大肠杆菌在牛肉中的生长动态。由修正的 Logistic 模型拟合的结果可看出, 偏差因子在 0.970~1.040 之间, 也在最优范围内, 而准确因子在 1.056~1.209 之间, 误差较低。

2.3.3 温度验证结果

由表 3~表 6 可知, 修正的 Gompertz 模型对于牛肉中大肠杆菌的生长曲线模拟效果更好, 所以将验证温度(25 °C 和 35 °C)数据代入由修正的 Gompertz 模型建立的二级模型中, 求得 25 °C 和 35 °C 的预测值, 与实际值比较, 得出相对误差, 结果如下:

表 7 25 °C 和 35 °C 下最大比生长速率实测值和预测值的相对误差

Table 7 Relative error of the observed and predicted maximum growth rate of *Escherichia coli* at 25 °C and 35 °C

菌株	生长温 度/°C	最大比生长速 率实测值/U	最大比生长速 率预测值/U'	相对误 差/%
13z	25	0.386	0.429	11.13
	35	0.877	0.755	-11.91
16z	25	0.573	0.398	-27.62
	35	0.877	0.764	-12.88

观察表 7 可看出, 在温度为 25 °C 和 35 °C 时, 相对误差分别为 -27.62~11.13% 和 -12.88~-11.19%。

3 结论

牛肉中多重耐药与药物敏感型大肠杆菌的生长极易受到温度的影响: 在 10~40 °C 范围内两株大肠杆菌的生长速率均随着温度的升高不断增加, 而迟滞期则是逐渐减小。本试验建立一级模型的 R^2 均在 0.95 以上, 说明模型可以较好地拟合多重耐药与药物敏感型大肠杆菌的生长; 在相同温度下药物敏感型大肠杆菌 16z 生长的迟滞期都要小于多重耐药大肠杆菌 13z, 说明在本实验中没有抗生素的条件下药物敏感大肠杆菌适应环境能力更强。建立的二级模型中, 修正的 Logistic 模型建立的二级模型的 R^2 值大多低于修正的 Gompertz 模型的 R^2 值。由此可知无论大肠杆菌为多重耐药型或敏感型, Gompertz 模型对于牛肉中大肠杆菌的生长曲线模拟效果更好, 同时二级模型可以较好的描述 10~40 °C 温度范围内菌的迟滞期与生长速率与温度之间的关系。用 25 °C 和 35 °C 的数据对修正的 Gompertz 模型建立的二级模型进行验证, 验证模型可靠, 建立的预测模型能很好的预测在 10~40 °C 下敏感型大肠杆菌和耐药型大肠杆菌在牛肉中的生长状况。本实验建立多重耐药与药物敏感型大肠杆菌在牛肉中生长预测模型, 为控制牛肉中大肠杆菌提供理论依据。

参考文献

[1] 姬华, 张玫, 卢士玲, 等. 食源性大肠杆菌耐药性与毒力特征的研究进展[J]. 食品工业科技, 2014, 35(7): 364-367

Ji Hua, ZHANG Mei, LU Shi-ling, et al. Review on drug

- resistance and virulence characterization of foodborne *Escherichia coli* [J]. Science and Technology of Food Industry, 2014, 35(7): 364-367
- [2] Huang L. IPMP 2013-A comprehensive data analysis tool for predictive microbiology [J]. Int. J. Food Microbiol., 2014, 171: 100-107
- [3] 姜英杰, 邹晓葵, 彭增起. 大肠杆菌在猪背最长肌上生长预测模型的建立[J]. 食品科学, 2008, 29(12): 115-119
JIANG Ying-jie, ZOU Xiao-kui, PENG Zeng-qi. Construction of growth prediction model of *Escherichia coli* in longissimus dorsi muscle [J]. Food Science, 2008, 29(12): 115-119
- [4] 张辉, 杨振泉, 赵隼, 等. 食源性大肠杆菌在即食食品中的生长预测模型[J]. 江苏农业学报, 2011, 27(5): 1122-1127
ZHANG Hui, YANG Zhen-quan, ZHAO Jun, et al. Establishment of a predictive growth model for foodborne *Escherichia coli* in ready-to-eat food [J]. Jiangsu Academy of Agricultural Science, 2011, 27(5): 1122-1127
- [5] Jun Wang, Jeanne-Marie Membré Sang-Do Ha, et al. Modeling the combined effect of temperature and relative humidity on *Escherichia coli* O157:H7 on lettuce [J]. Food Science and Biotechnology, 2012, Vol.21 (3): 859-865
- [6] Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI). Performance standards for antimicrobial susceptibility testing; seventeenth informational supplement. Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute
- [7] 姬华. 对虾中食源性弧菌预测模型建立及风险评估[D]. 无锡: 江南大学, 2012
- JI Hua. Establishment of Predictive Model and Risk Assessment for Foodborne *Vibrio* spp. In Shrimp [D]. Wu Xi: Jiang Nan University, 2012
- [8] Ratkowsky D A, Olley J, McMeekin T A, et al. A relationship between temperature and growth rate of bacterial cultures [J]. J. Bacteriol., 1982, 149(1): 1-5
- [9] MCMEEKIN T A, ROSS T. Shelf life prediction: status and future possibilities [J]. Int. J. Food Microbiology, 1996, 33: 65-83
- [10] Ross T. Indices for performance evaluation of predictive models in food microbiology [J]. J. Appl. Microbiol., 1996, 81: 501-508
- [11] Deog-Hwan O, Tian D, Yong-Guo J. A New secondary model developed for the growth rate of *Escherichia coli* O157:H7 in broth [J]. Indian Journal of Microbiology, 2012, 52(1): 99-101
- [12] Lindqvist R, Lindblad M. Time to growth and inactivation of three STEC outbreak strains under conditions relevant for fermented sausages [J]. International Journal of Food Microbiology, 2011, 145(1): 49-56
- [13] Ross T. Meat and Livestock, Predictive food microbiology models in the meat industry (MSRC.003) [M]. Sydney, Australia, 1999
- [14] Lebert I, Robles-Olvera V, Lebert A. Application of polynomial models to predict growth of mixed cultures of *Pseudomonas* spp. and *Listeria* in meat [J]. Int. J. Food Microbiol., 2000, 61(1): 27-39