

基的惰性,不可能参与分子间二硫键的形成,而涉及的反应主要是氢键、疏水相互作用等,当 β -乳球蛋白经第1次加热变性后的冷却过程中,有部分分子恢复了它在变性前的天然结构。然而,在碱性 pH 值,由于 SH 基活性的提高,造成分子内二硫键的断裂及分子间二硫交联的形成,导致了变性的不可逆现象。

参考文献

- 1 Relkin P. et al. *Thermochimica Acta*, 1992, 204, 111~121.
- 2 Shimada K and Cheftel J. C. *J. Agric. Food Chem.*, 1988, 36, 1018~1025.
- 3 Ellman G. L. *Arch. Biochem. Biophys.*, 82, 40~77.
- 4 Beveridge T. et al. *J. Food Sci.*, 39, 49~51.
- 5 Garrett J. M. et al. *J. Dairy Sci.*, 1988, 71, 10~16.
- 6 Mulvihill D. M. and Kinsella J. E. *J. Food Sci.*, 1988, 53, 231~236.
- 7 Hillier R. M. et al. *J. Sci. Food Agric.*, 1980, 31, 1152~1157.

1 Relkin P. et al. *Thermochimica Acta*, 1992, 204, 111

食品微生物生长预测模型

徐天宇 北京商学院食品教研室 100037

摘要 对食品产品质量的重视,刺激了使用数学模型去预测微生物行为的积极性。过去几年中,用来预测微生物的模型有重大的进展。这些模型为快速地估计环境条件和食品组分对食品中微生物生长的影响提供了新的有力的工具。

关键词 微生物生长 预测 数学模型

Abstract The attach importance to quality of food products has stimulated interest in the use of mathematical modeling to predict microbial behavior. During the past several years there has been substantial advancement in models used in predictive microbiology. There models are providing powerful new tools for rapidly estimating the effects of formulation and environmental conditions on the microbiological growth in food.

Key words Microbial growth Prediction Mathematical model

食品微生物预测模型是近些年来发展比较快的食品微生物学中的一个领域。预测模型被用来描述在不同物理或化学条件下微生物的行为。

近 5~8 年来,有关在食品领域中微生物预测的研究报告显著增加。1992 年 4 月工业微生物协会还在美国佛罗里达州的 Tampa 召开了一次名为“International workshop on the application of predictive microbiology and computer modeling to food industry”的国际会议。有 15 个国家的微生物学家、食品科学家、数学家、工程师和统计学家参会。近些年,之所以发

表了大量的文章,用数学模型研究食品中的微生物行为有 3 条特殊的原因。

第一是由于计算机的普及使用。而数学模型对编制计算机软件是非常重要的。

第二是由于消费者对于食品质量的日益重视。而微生物是影响食品质量的主要因素之一。为了定量分析各种因素对于微生物在食品上生长及产毒的影响,必须发展用于定量分析的工具,即各种有关的数学模型。

第三是有效的数学模型可以向食品工业提供一个重要的手段,以在食品产品设计和评价中建立一个客观的标准,用来预测食品产品的

货架寿命和微生物的安全性。

1 预测模型

预测食品微生物的数学模型有多种分类方法,依据描述微生物的情况,分为描述微生物生长的数学模型和描述微生物失活的数学模型,依据数学模型建立的基础分为以概率为基础的模型和以动力学为基础的模型。Buchanan^[6]基于变量的类型把模型分为三个级别。初级数学模型是描述在特定的培养条件下,一种微生物对时间的生长或存活曲线;二级模型描述的是培养和环境变量对微生物生长或存活特性的影响;三级模型是描述合并或联合在一起的初级和二级模型。

1.1 描述微生物生长曲线的数学模型

近些年来,在食品微生物预测方面所获得关键性的突破,是肯定了在目前众多的描述微生物生长的模型中,Gompertz 模型是拟合最佳的一个。

由于单细胞微生物呈指数生长的特性,一般用相对细胞数 $[y = \ln(N/N_0)]$ 的对数对时间 (t) 作图得到生长曲线(见图 1)。

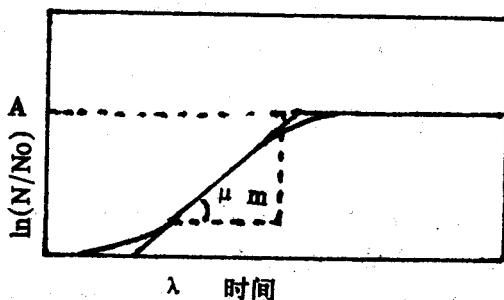


图 1 一个生长曲线

图中: μ_m = 最大的比生长速率

λ = 延滞期时间

$A = \ln(N_\infty/N_0)$, 即渐近线值

N = 在时间 t 时的微生物数目

N_0 为 $t=0$ 时的微生物数目

Zwietering 等^[13]比较了描述微生物 S 型生长曲线的 Gompertz、Richards、Stannard、Schnute、Logistic 和其它模型,认为只有修改了

的 Gompertz 方程最充分地描述了植物乳芽孢杆菌(*Lactobacillus plantarum*)的生长曲线,而且易于使用。

Gompertz(1825)方程是一个如下的双指数函数:

$$y = a \times \exp[-\exp(b - ct)] \quad (1)$$

根据 Zwietering 等^[13]的工作,可以把 Gompertz 方程中的 3 个参数用有微生物学意义的参数按如下的转变式替换:

$$a = A$$

$$b = \frac{\mu_m e}{A} \lambda + 1$$

$$c = \frac{\mu_m e}{A}$$

上式中 $e = \exp(1)$ 。把替换参数代入,得修改了的 Gompertz 方程如下:

$$y = A \times \exp\{-\exp[\frac{\mu_m e}{A}(\lambda - t) + 1]\} \quad (2)$$

1.2 描述环境因素对微生物生长影响的数学模型

微生物在食品系统上的生长受多种变量的影响,包括温度、pH、水分活性、氧气浓度、二氧化碳浓度、氧化还原电势、营养物浓度和利用率,以及防腐剂等的影响。

1.2.1 温度对于微生物生长的影响

对于很多微生物的生长,温度是最重要的控制因素。因此,大量的模型研究都集中在温度对于微生物生长的影响上。

在微生物生长的部分温度区间,使用简单的 Arrhenius 方程即能精确的描述温度对微生物的影响。但这个模型被修改之后将更为有效。如非线性的 Arrhenius-Schoolfield 方程^[4,5,11]、线性的 Arrhenius-Davey 方程^[7,8]和“平方根”(Ratkowsky)方程^[10,11]。非线性的 Arrhenius-Schoolfield 方程是被发展用以强化基本的 Arrhenius 方程,以便与生物生长温度区域两端的数据非常好的拟合。但是,这个方程由于有 6 个参数,非常复杂,使用起来很麻烦。

“平方根”方程的研究和使用都很广泛。是 Ratkowsky 等^[10]根据微生物在 0~40℃ 温度条件下,生长速率或延滞期倒数的平方根与温度

之间存在的线性关系,提出的一个简单的经验模型。关系式如下:

$$\sqrt{\mu_m} = b_1(T - T_{\min}) \quad (3)$$

$$\sqrt{1/\lambda} = b_1(T - T_{\min}) \quad (4)$$

式中: λ = 延滞期的时间(h)

b_1 = 系数($^{\circ}\text{C}^{-1}\text{h}^{-0.5}$)

T = 培养温度($^{\circ}\text{C}$)

T_{\min} = 最低生长温度($^{\circ}\text{C}$)

T_{\min} 是一个假设的概念,指的是微生物没有代谢活动时的温度,是通过外推回归线与温度轴相交而得到的温度。当培养温度超过微生物生长的理想温度时,由于蛋白质的变性和微生物的失活,生长速率开始下降,方程(3)和(4)不能恰当地描述微生物的生长。Ratkowsky 根据上述情况又把方程(3)扩展为如下形式:

$$\sqrt{\mu_m} = b_2(T - T_{\min}) \{1 - \exp[C_2(T - T_{\max})]\} \quad (5)$$

式中: T_{\max} = 最高生长温度($^{\circ}\text{C}$)

C_2 = 系数($^{\circ}\text{C}^{-1}$)

T_{\max} 也是一个假设的概念,指的是微生物的生长速率最快的温度。于是方程(5)能够描述全温度区域内的微生物的生长。根据许多研究报告,评价不同的恒定贮藏温度对于食品或模拟系统中的多种微生物生长的影响, Ratkowsky 的经验方程都是有效的。其最大的优点是简单,无论是模型的建立还是模型的使用。

1991年, Zwietering^[14]等分析评价了几种模型在描述温度对于植物乳芽孢杆菌生长速率影响方面的效果。他们的结论是:无论根据拟合的好坏,还是根据使用的难易程度,“平方根”方程的使用效果都是最好的。但为了避免当温度大于 T_{\max} 时, μ_m 会出现正值情况,他们建议对方程(5)修改如下:

$$\mu_m = b_3^2(T - T_{\min})^2 \{1 - \exp[C_3(T - T_{\max})]\} \quad (6)$$

同时他们还认为,描述延滞期 λ 与温度 T 的函数关系,如下的双曲线函数的效果是比较好的。

$$\ln(\lambda) = p/(T - q) \quad (7)$$

式中: p = 参数

q = 当延滞期为无期限时的温度($^{\circ}\text{C}$)

对于渐近线(A)与温度的函数表达, Zwietering^[14]等人选择了基于 Ratkowsky 模型的如下方程式:

$$A = b_4 \{1 - \exp[C_4(T - T_{A,\max})]\} \quad (8)$$

式中: b_4 = 在较低生长温度下最终达到的渐近线值

$T_{A,\max}$ = 被观察到的最大生长温度

线性的 Arrhenius - Davey^[7,8]方程也是一个经验方程:

$$\ln(K) = C_0 + C_1/T + C_2/T^2 \quad (9)$$

式中: K = 生长速率常数

T = 温度($^{\circ}\text{K}$)

C_0, C_1, C_2 为系数。

这个方程还可以描述温度对于延滞期倒数的影响:

$$\ln(1/\lambda) = C_0 + C_1/T + C_2/T^2 \quad (10)$$

1.2.2 多种环境因素对于微生物生长的影响

关于 pH 对微生物生长速率的影响, Zwietering 等^[15]认为也可以用 Ratkowsky 的方程(5)来描述,只不过用 pH 替换 T ,如下式:

$$\sqrt{\mu_m} = b_5(pH - pH_{\min}) \{1 - \exp[C_5(pH - pH_{\max})]\} \quad (11)$$

式中: pH_{\max} = 外推的微生物生长的最高 pH

pH_{\min} = 外推的微生物生长的最低 pH

b_5, C_5 为系数

在建立预测食品微生物生长速率的模型时,如果需要考虑多种环境因素的影响,必须考虑变量的数目和变量之间的独立情况。McMeekin^[9]研究了水分活度与温度对于 *Staphylococcus xylosus* 生长的联合作用。他们发现,当 T_{\min} 保持固定,对于每一个 A_w , 生长速率与温度之间的关系都可以用“平方根”模型来描述。这两个变量的联合作用可以用修改的方程(3)来表达:

$$\sqrt{\mu_m} = b_6(T - T_{\min}) \sqrt{A_w - A_{w,\min}} \quad (12)$$

式中: $A_{w,min}$ 为一外推值, 是生长速率为零时的 A_w 值

1991年, Adams 等人⁽²⁾研究了 pH 值和非优化温度对小肠结肠炎耶尔森氏菌(*Yersinia enterocolitica*)生长的联合作用。他们发现这两个变量之间是相互独立的, 也能够用修改的方程(3)来表达:

$$\sqrt{\mu_m} = b_7(T - T_{min}) \sqrt{(pH - pH_{min})} \quad (13)$$

式中: pH_{min} 为一外推值, 是生长速率为零时的 pH 值。

b_7 是回归系数, 不同的酸化剂有不同的 b_7 值。

Zwietering⁽¹⁶⁾等发展了一个联合多种环境因素来预测微生物的生长速率的方法。首先他们引入了一个生长因子的概念:

$$\gamma = \frac{\mu}{\mu_{opt}} \quad (14)$$

式中: μ = 实际生长速率 (h^{-1})

μ_{opt} = 理想条件下的生长速率 (h^{-1})

γ = 实际生长因子

生长因子在理想条件下为 1, 在非理想条件下为 0~1 之间的值。

如果温度、pH、水分活度和氧气等环境因素可分别计算出对应的 $\gamma(X)$, 它们对微生物生长的联合影响可用下式计算:

$$\gamma = \gamma(T) \times \gamma(pH) \times \gamma(A_w) \times \gamma(O_2) \quad (15)$$

如果所有变量均是在理想条件下, 实际生长速率将等于 μ_{opt} 。如果一个变量低于最低值或高于最大值, 其 $\gamma(X)$ 值将为零, 生长速率也将为零。

使用此方法前, 应先建立一个有关微生物的数据库, 其数据应包括: 微生物的种类, 需氧性, 微生物类型(细菌、酵母、霉菌), 革兰氏染色(仅对细菌), 是否形成芽孢, 最低、最高及最适温度, 最低、最高及最适 pH, 最低、最高及最适水分活度(一般认为最适水分活度近似等于最高水分活度)。

从微生物数据库查到某微生物生长所需的最低、最高及最适温度后, 就可以用 Ratkowsky 的方程(5)如下式来计算每一个温度的生长因

子:

$$\gamma(T) = \frac{\mu}{\mu_{opt}} = \left(\frac{(T - T_{min}) \{1 - \exp[C_2(T - T_{max})]\}}{(T_{opt} - T_{min}) \{1 - \exp[C_2(T_{opt} - T_{max})]\}} \right)^2 \quad (16)$$

$$T_{min} \leq T \leq T_{max}$$

为了计算 C_2 的值, 对方程(5)求微商, 得:

$$\frac{d\mu}{dT} = 2b(T - T_{min}) \{1 - \exp[C_2(T - T_{max})]\} \times b \{1 - \exp[C_2(T - T_{max})]\} - C_2(T - T_{min}) \exp[C_2(T - T_{max})] \quad (17)$$

当 $T = T_{opt}$, 微商为零。由于 b 不可能等于零, T_{opt} 不可能等于 T_{min} 或 T_{max} , 方程的前半部分不可能为零。因此, 方程的后半部分必然为零:

$$1 - \exp[C_2(T_{opt} - T_{max})] - C_2(T_{opt} - T_{min}) \exp[C_2(T_{opt} - T_{max})] = 0 \quad (18)$$

上式可以被改写为:

$$1 - (C_2 T_{opt} - C_2 T_{min} + 1) \exp[C_2(T_{opt} - T_{max})] = 0 \quad (19)$$

C_2 用上式即可计算得出, 用得出的 C_2 代入方程(16)就可求出 $\gamma(T)$ 。

用同样方法可求出 $\gamma(pH)$ 。计算如下:

$$\gamma(pH) = \frac{\mu}{\mu_{opt}} = \left(\frac{(pH - pH_{min}) \{1 - \exp[C_3(pH - pH_{max})]\}}{(pH_{opt} - pH_{min}) \{1 - \exp[C_3(pH_{opt} - pH_{max})]\}} \right)^2 \quad (20)$$

$$pH_{min} \leq pH \leq pH_{max}$$

$$1 - (C_3 pH_{opt} - C_3 pH_{min} + 1) \exp[C_3(pH_{opt} - pH_{max})] = 0 \quad (21)$$

根据 McMeekin 的方程(9), 水分活度的生长因子 $\gamma(A_w)$ 可按式计算:

$$\gamma(A_w) = \frac{A_w - A_{w,min}}{1 - A_{w,min}} \quad (22)$$

由于对于多数微生物, 生长速率与氧气的函数关系是不知道的, 食品产品中的氧气浓度也不知道, 所以, $\gamma(O_2)$ 简单就取 0 或 1 两个值。取值方法按表 1。

依方程(16)、(20)、(22)等计算得出 $\gamma(T)$ 、 $\gamma(pH)$ 、 $\gamma(A_w)$ 、和 $\gamma(O_2)$, 再用方程(15)算出

γ ,最后用方程(14)就可计算出在4种环境因素的联合作用下,某种微生物的实际生长速率。最后还需要指出的是,在考虑温度、pH、水分活度和氧气这4个环境因素对微生物的联合作用时,这里假设它们分别是独立的,相互没有影响的。

表1 氧气对 $\gamma(\text{O}_2)$ 的影响

	微生物		
	需氧的	兼性厌氧的	厌氧的
食品中含氧	1	1	0
食品中含很少的氧	0	1	0
食品中不含氧	0	1	1

1.2.3 波动温度对于微生物生长的影响

以上的数学模型都是根据微生物在恒温下生长的试验数据建立的。这样的模型很难适合预测在实际生产和配送系统中的食品微生物生长。为解决这个问题,1992年, Van Impe^[12]等提出了预测食品微生物生长的动力学模型。

(1) 动力学模型设计的要求

在分析了已知的一些恒温预测模型的局限之后, Van Impe 提出了如下的设计动力学数学模型的要求:

①此一模型应以连续的方式处理随时间变化的温度,全部变量在所有条件下都必须具有实际可能的值。

②此一模型应使用尽可能少的参数来模拟微生物的生长变化。

③此一模型应把食品产品在试验之前的历史也考虑在内。

④在定温下,此一模型应能转化为一个已被证实清楚有效的现有模型。

⑤此一模型应能满足数学方面的要求,如所有的值都可以微商。

另外,此一模型应该使一些非线性参数的估算和现代优化技术的应用是容易的。

(2) 动力学模型的建立

依据方程(1), y 对 t 求微商,得:

$$\frac{dy}{dt} = a \times \exp[-\exp(b-ct)] [-\exp(b-ct)] (-c) \quad (23)$$

$$\frac{dy}{dt} = c \times y \ln \frac{a}{y} \quad (24)$$

对于 $t=0$, 根据方程(1)和(2), 有:

$$y(0) = a \times \exp[-\exp(b)] \\ = A \times \exp[-\exp(\frac{\mu_m c}{A} \lambda + 1)] \quad (25)$$

也就是,对于 $t=0$, 有 y 趋于零。

比较突变温度对方程(1)与方程(24)的影响。当时间 t 为 1~20 h, 温度为 10℃, 在 $t=20$ h 时, 温度跃升为 30℃, 结果见图 2。虽然在第一阶段它们的结果是一致的, 但温度跃升时, 方程(1)的 y 值也表现出一个跃升, 这显然是不符合实际的, 而方程(24)的 y 值表现的是一个平滑而连续的上升。这是动力学模型的一个主要优点。

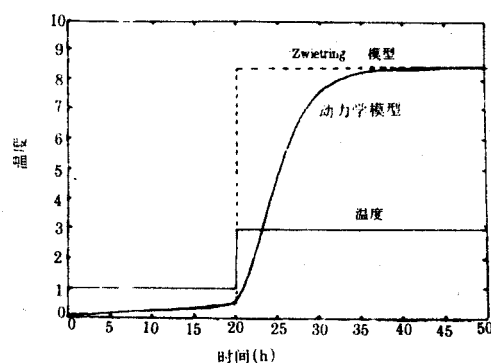


图2 Zwietering 模型与动力学模型对温度跃升的反应

2 使用举例

在大量试验数据的基础之上,建立了证明有效的模型之后,用很少的试验数据就可以使用它了。

以存在有乳杆菌的冷冻色拉为例,如果 pH、水分活度、防腐剂保持不变,研究温度对于微生物引起色拉腐败变质的影响,可使用 Ratkowsky 方程(3)。先测出在 15℃、20℃和 25℃ 3 个温度点下的乳杆菌的生长速率,再运用线性回归分析确定参数 b 和 T_{min} 。试验数据

及所得回归参数见表 2 和图 3。

表 2 乳杆菌在色拉上的生长

T(°C)	μ_m (h ⁻¹) (测定值)	回归参数	μ_m (h ⁻¹) (预测值)
15	0.092	b=0.030	0.086
20	0.177	T _{min} =5.25	0.196
25	0.364		0.351

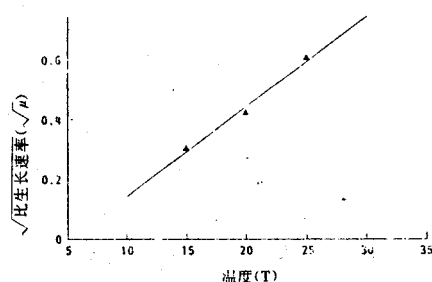


图 3 色拉上乳杆菌生长的 Ratkowsky 方程的回归直线
回归方程为:

$$\sqrt{\mu_m} = 0.03(T - 5.25) \quad (26)$$

假设乳杆菌是适合在色拉上生长的(没有延滞期),培养基是充足的,色拉上也没有对乳杆菌有抑制作用的物质,于是我们假定乳杆菌在色拉上呈指数生长,有:

$$\ln \frac{N}{N_0} = \mu_m \times t \quad (27)$$

把式(26)代入(27),得:

$$\ln \frac{N}{N_0} = 0.0009(T - 5.25)^2 \times t \quad (28)$$

方程(28)可以给出贮藏中任何时间,15°C到 25°C之间任何温度下色拉上的微生物数目。如果色拉上初始的微生物数目和质量允许的最大微生物数目都知道,色拉在任何温度下的货架寿命也能用下式计算得到:

$$\theta = \frac{\ln(N_e/N_0)}{\mu_m} \quad (29)$$

假设色拉上乳杆菌的初始数目是 10²/g,质量允许最大数目是 10⁵/g,用方程(29)计算出的 20°C 下的色拉货架寿命是 35 h。

3 结 论

微生物预测的模型对于预测食品产品的货架期、对于优化食品产品的加工和配送,都是一

个重要的工具。预测模型、试验数据、专业知识、模拟技术和优化技术等结合起来可作为食品生产、配送和设计的辅助决策手段。它们可以帮助确定可能的腐败微生物,帮助确定导致产品变质的环境主要因素。当环境物理条件变化的时候,它们还可以帮助估计微生物生长速率的变化。有效的微生物预测模型将有助于计算机应用软件和专家系统的开发。美国农业部费城东部研究中心微生物与食品安全研究室用预测模型开发的应用软件已经是第四版,它能够自动计算显示贮藏温度、pH 值、水分活度、氧气浓度对于食物传染病原体[沙门氏菌属(*Salmonella* spp.)、单核细胞增生利斯特氏菌(*L. monocytogenes*)、嗜水气单胞菌(*A. hydrophila*)、金黄色葡萄球菌(*S. aureus*)、大肠埃希氏菌(*E. coli* 0157:H7)、弗氏志贺氏菌(*S. flexneri*)生长的影响。其软件已经广泛地提供给工业、政府及学术界,用以估算食品中病原体的行为,以及用于产品的设计和评价。对于食品微生物的教学也证明是有用的。另外,英国农业部 93 年开发了一个名为“食品微生物模型”的专家系统,世界各地的用户可以通过计算机网络调用此专家系统。总之,近些年来对于食品微生物预测模型的研究和使用已表明,食品微生物预测模型正在成熟和进入实用。

参考文献

- 1 Adair, c., Kilsby, D. C. & Whittall, P. T. Comparison of the Schoolfield (non-linear Arrhenius) model and the square root model for predicting bacterial growth in foods. *Food Microbiol.* 1989, 6:7~18.
- 2 Adams, M. R., Little, C. L. & Easter, M. C. Modelling the effect of pH, acidulant and temperature on the growth rate of yersinia enterocolitica. *j. appl. Bacteriol.* 1991, 71:65~71.
- 3 Baird-Parker, A. C. & Kilsby, D. C. Principles of Predictive Food microbiology. *J. Appl. Bacteriol.* 1987, 43~49.
- 4 Broughall, J. M., Anslow, P. A. & Kilsby, D. C. Hazard analysis applied to microbial growth in foods, Development of mathematical models to de-

- scribing the effect of water activity. J. appl. Bacteriol. 1983,55:101~110.
5. Broughall, J. M. , & Brown, C. Hazard analysis applied to microbial growth in foods; Development and application of three-dimensional model to predict bacterial growth. Food microbiol. 1984, 1: 13~22.
 6. Buchanan, R. L. Predictive food microbiology. Trends in food Science & Technology. 1993, 4 (1):6~11.
 7. Davey, K. R. A predictive model for combined temperature and water activity on microbial growth during the growth phase. J. Appl. Bacteriol. 1989, 67:483~488.
 8. Davey, K. R. Applicability of the davey (linear-Arrhenius) predictive model to the lag phase of microbial growth. J. Appl. Bacteriol. 1991, 70:253~257.
 9. McMeekin, T. A. , Chandler, R. E. , Doe, P. E. , Garland, C. D. , Olley, J. , Putro, S. & Ratkowsky, D. A. Model for combined effect of temperature and salt concentraion/water activity on the growth rate of *staphylococcus xylosus*, J. Appl. Bacteriol. 1987, 62:543~550.
 10. Ratkowsky, D. A. , Olley, J. , McMeekin, T. A. & Ball, A. Relationship between temperature and growth rate of bacterial cultures. J. Bacteriol. 1982, 149(1):1~5.
 11. Ratkowsky, D. A. , Lowry, R. K. , McMeekin, T. A. , Stokes, A. N. & Chandler, R. E. Model for bacterial culture growth rate throughout the enire biokinedic temperature range. J. Bacteriol. 1983, 154(3):1222~1226.
 12. Van Impe, J. F. , Nicolai, B. M. , Martens, T. , de Baerdemaeker, J. & Vandewalle, J. Dynamic mathematical model to predict microbial growth and inactivation during food processing. Appl. Environ. Microbiol. 1992, 58(9):2901~2909.
 13. Zwietering, M. H. , Jongenburger, I. , Rombouts, F. M. , & Van't Rist, K. Modeling of the bacterial growth ezrve. Appl. Environ. Microbiol. 1990, 56(6):1875~1881.
 14. Zwietering, M. H. , De Koos, J. K. , Hasenack, B. E. , De Wit, J. C. & Van't Riet, K. Modeling of bacterial growth as a function of temperature. Appl. Environ. Microbiol. 1991, 57(4):1094~1101.
 15. Zwietering, M. H. , Wijtzes, T. , De Wit, J. C. & Van't Riet, K. A decision support system for prediction of the microbial spoilage in food. J. Food Prot. 1992, 55(12):973~979.
 16. Zwietering, M. H. , Rombouts, F. M. & Van'T Riet K. Some aspects of modelling microbial quality of food. Food control. 1993, 4(2):89~96.

草菇冷冻干燥保鲜技术的研究

程 江 杨卓如 梅慈云 陈焕钦

华南理工大学化工所 510641

摘 要 介绍了草菇冷冻干燥保鲜工艺及其工艺参数,并着重对水份升华过程中的供热方式进行了探讨。分析了新鲜草菇和冻干草菇的氨基酸含量,认为冷冻干燥是草菇保鲜贮藏的一种较理想的方法。

关键词 冷冻干燥 草菇保鲜

Abstract The preservation technoloy of *Voltraiella volvacea* (Bull. ex Fr.) Sing by freeze drying was presented in this paper. The technical parameters were determined and two heating methods during freeze drying of *Voltraiella volvacea* (Bull. ex Fr.) Sing were discussed in particular. Finally, a comparison of amino acid contents in fresh and freeze dried *Voltraiella volvacea* (Bull. ex Fr.) Sing was made and the result showed that freeze drying is a good method in preservation of mushroom

Key words Freeze drying Preservation of *Voltraiella volvacea* (Bull. ex Fr.) Sing