

食品中の腐敗原因細菌の増殖制御： 確率論的な評価を可能とする予測モデルの開発

共生基盤学専攻 食品安全・機能性開発学講座 食品総合技術監理学 鶴間 菜月

1. はじめに

細菌の増殖挙動を予測する手段の一つとして増殖/非増殖境界予測モデルが提案されてきた。これら予測モデルの開発において、従来の研究では、多くの場合 1 条件につき 3 回程度の反復実験から得られる増殖/非増殖の結果から予測モデルを開発してきたが、少ない反復試行では、偶然非増殖のみの実験結果が得られて非増殖と判定する可能性があり、増殖/非増殖を 3 反復で議論するのは不確実である。そこで、本研究では、*Bacillus simplex* に焦点をあて、正確な確率論的な議論を可能とするために、1 条件あたり 60 反復の実験データを取得し、ロジスティック回帰分析およびニューラルネットワークの 2 つのモデル化手法を用いて精緻で柔軟な増殖確率予測モデルの作成を目指した。また、実験の反復数とモデルの予測精度との関係を求め、実験反復数による精度の妥当性を検証した。

2. 方法

1) 供試細菌 低温増殖性の芽胞形成細菌 *B. simplex* を使用した。

2) 予測モデルの開発 各種条件に調整した Tryptic soy broth にて、1 条件あたり 60 反復の細菌の増殖試験を行い、増殖限界条件を決定した。この結果を基に、ロジスティック回帰分析、ニューラルネットワークを用いて細菌の増殖/非増殖境界モデルを開発した。説明変数には、pH、水分活性、加熱温度、時間を用いて、応答変数は増殖または非増殖とした。

3) 予測モデルの検証 開発したモデルの予測精度を検証するため、モデル開発とは異なる条件に調整した TSB 培地を用いて細菌の増殖実験を行った。この結果をもとに、未知のデータに対するモデルの予測精度の検証を行った。

4) 最適実験回数の決定 モデル開発用データセット (1 条件あたり 60 反復) から、1 条件につき n 個 (反復) のデータをランダムに取り出し、新たなデータセットを作成した。ロジスティック回帰モデルを作成し、検証用データを用いて正答率を求めた。 n を 1~60 まで変化させ、反復数と正答率の関係を求めた。

3. 結果と考察

ロジスティック回帰分析、ニューラルネットワークを用いて、*B. simplex* の増殖確率予測モデルを開発した。どちらのモデルも、教師データへ良好な当てはまりを示し、独立なデータにも正答率 85%以上の精度を示し、高い精度で細菌の増殖/非増殖の予測が可能であった。また、少ない実験反復数では増殖データを見落とす危険性があり、そのようなデータセットでモデルを作成すると正答率が最も低くなった。実験反復数が増えるにつれ、正答率は収束し、多重比較検定法により、一定反復数以上で収束することが明らかとなった。

4. まとめ

1 条件あたり 60 反復実験でデータを取得し、ロジスティック回帰分析およびニューラルネットワークの 2 手法を用いて低温性増殖芽胞 *B. simplex* の増殖/非増殖境界予測モデルを開発した。どちらのモデルも、高精度で細菌の増殖/非増殖条件の予測が可能であった。さらに、実験の反復数と正答率の関係から、実験反復数による精度の妥当性が示された。