

食品予測微生物学

—理論と実践—

博士(農学) 小関 成樹
博士(農学) 小山 健斗 【共著】
博士(農学) 安部 大樹

コロナ社

【本書ご利用にあたって】

- ・本文中に記載している会社名，製品名は，それぞれ各社の商標または登録商標です。本書では® や TM は省略しています。

謝 辞

本書を我が師, Professor Thomas Alexander McMeekin (1945–2021) に捧ぐ。

Professor Tom McMeekin は誰しもが認める予測微生物学の生みの親の一人である。その代表的な功績は業界では通称 “Red book” として知られている [Predictive Microbiology: Theory and application] (McMeekin, Olley, Ross, and Ratkowsky : Research Studies Press (1993)) の執筆にある。この書籍は予測微生物学に関する最初の成書である。この書籍の出現は、黎明期にあった予測微生物学の発展に多大なる貢献をしたことに異論の余地はない。予測微生物学の本質的な概念を的確に記述しており、30年が経過する現在においても古さを感じさせない名著といえる。

著者（小関）と Prof. McMeekin との出会いは、上述の書籍発刊から10年後の2003年のことであった。その当時の著者は、農林水産省系独立行政法人食品総合研究所（現、農業・食品産業技術総合研究機構食品研究部門）で学術振興会特別研究員として研究者としてのキャリアをスタートさせたばかりで、今後の研究の柱をどこに据えようかと模索しているような時期であった。そのような状況下で、たまたま、当時の上司であった五十部誠一郎氏（現、日本大学教授）から、つくばで開催された食品安全に関する国際シンポジウムに招待講演者として来日された Prof. McMeekin の世話役を申し付けられたのである。おおいなる緊張感とともに望外の喜びを感じたことをいまでも思い出す。

Irishなまりの強い Prof. McMeekin の英語はきわめて聞き取りにくく、最初のうちはコミュニケーションも大変であったが、これもたまたま、彼も著者もかつてラグビープレイヤーだった、という話で盛り上がり、一気に心の距離感が

縮まり、その後、彼が帰国するまでの数日間がとても楽しかったことを記憶している。なかでもやはり印象的なのは、一介の日本人ポスドクに対しても非常に気さくに、かつ丁寧いろいろな話をしてくれたことである。この出会いをきっかけに、すっかり Prof. McMeekin が主導してきた予測微生物学の世界に心酔してしまい、その後の研究者人生を決定的にした。

その後、Prof. McMeekin の研究拠点である豪州タスマニア大学へ足繁く赴き、研究を発展させるとともに、タスマニア島の魅力にも惹かれ、最終的には家族を連れて滞在して研究してしまった。滞在中のわれわれ家族に対してもいつも温かく気遣ってくれて、当時、小さかった息子たちをゴルフに連れていってくれたり、まるで孫のように接してくれたことはわれわれ家族にとってもかけがえのない思い出である。

Prof. McMeekin のような研究者・教育者になりたいと大学に戻り、彼が礎を築いた予測微生物学を日本でも定着させたいと思い研究を続けてきた。幸いにも優秀な大学院生（本書共著者、小山氏と安部氏）との出会いで、大きく研究を進展させることができたが、予測微生物学の認知度向上に研究論文だけでは不十分であり、やはり書籍としての体系的なものが必要であった。幸いにも今回、コロナ社から執筆の機会を得てようやく書籍化に至ったが、残念ながら Prof. McMeekin は 2021 年に他界してしまった。もし彼が存命でいたなら、柔和な笑顔で、きっと “Well done, Shigel!” と言ってくれたのではないかと想像する。

名著 Red book には足元にも及ばないかもしれないが、日本の研究者・技術者の皆さんに少しでも有益な情報を提供でき、食品の微生物的安全性の向上に貢献できれば、Prof. McMeekin もきっと喜んでくれるだろうと信じている。

Thanks Tom, forever.

小関 成樹

ま え が き

予測微生物学，と聞いて読者諸氏はなにを思うだろうか。微生物のなにを予測するというのか。1980年代後半から1990年代初頭にかけて，はじめて predictive microbiology という言葉が世の中に現れた当初の概念では，あくまでも微生物，なかでも中心はバクテリア（細菌）の数がどのように増えるのか，あるいは減るのかを環境の条件や食品の内因的な要素の情報をもとにして予測すること，と述べられていた[†]。予測するために必要となるのが，細菌数の時間変化パターンを表すための数式化，すなわち数理モデルである。食品環境における細菌数の変化を，その食品が置かれていた温度や pH，水分活性，ガス環境などといった環境条件の情報から予測可能とすることを目指したのが予測微生物学の根本的な思想である。本思想の究極的な目標としては，培養による細菌検査によらず当該食品中の細菌数を知ることであるが，2024年時点の技術でもそこまでは到達していない。

予測微生物学の概念発表から，30年の時を経てもその理想が実現できていないが，この間に進歩がなかったか，と問われれば決してそんなことはなく，さまざまな形での予測モデル化技術の開発およびその応用活用が盛んに行われてきた。特に，2000年代以降の急速なインターネット環境の発達，コンピュータの性能向上，計算環境（ソフトウェア）の向上によって，飛躍的に研究論文の発表数は伸びている。これまでの予測微生物学という学問・研究領域の発展の過程を体系化することは，改めて予測微生物学という学問・研究領域の学术界および実社会における存在意義を示すだけでなく，今後のさらなる発展に

[†] Roberts, T. A. and Jarvis, B.: Predictive modelling of food safety with particular reference to *Clostridium botulinum* in model cured meat systems, Soc. Appl. Bacteriol. Symp. Ser. 11, pp. 85-95 (1983)

が必要なのか、未解明な部分はなにか、といった将来に向けての展望を示すことにもつながる。それによって、今後本書を手にとった研究者、技術者らが課題解決のための糸口を見いだすための出発点になるようなものになれば、著者としては望外の喜びである。

本書が食品産業分野に関わる人々に広く知れわたることを願い、書名については「食品予測微生物学」とした。

本書執筆に至るまでに、以下の方々のご協力をなくしては研究の推進、発展は成し得なかった。ここに記して心より謝意を表したい。所属はご協力いただいていた当時のものである。

一色賢司氏（北海道大学）、五十部誠一郎氏（当時、食品総合研究所）、藤川浩氏（東京農工大学）、土戸哲明氏（関西大学）、元山裕孝氏（株式会社サイエンスフォーラム）、石田亘氏（株式会社日清製粉グループ本社）、宇田渉氏（株式会社ユーワークス）、川崎晋氏（農業・食品産業技術総合研究機構食品研究部門）らの協力がいただければ、予測微生物学研究を推進することはできませんでした。

また、大学院生として一緒に予測微生物学研究に従事してくれた北南秀和氏、黒田小百合氏、鶴間菜月氏、武岡晃平氏、日浦聡子氏、道東慎也氏、瀧澤勇斗氏、細江隼平氏、安藤亮博氏、片岡真由美氏、矢辺秀茂氏らに心より感謝申し上げます。

加えて、研究を支援していただいた日本学術振興会、内閣府食品安全委員会には、この場をお借りして心より感謝申し上げます。

紙面の都合上、すべての方を書ききれませんが、当方の研究活動を支えてくださいました関係者の皆様に心より深謝申し上げます。

2024年6月

小関 成樹

【執筆担当】

小関成樹：1～7章

小山健斗：8章

安部大樹：9, 10章, 付録

目 次

I. 予測微生物学の基礎理論

1. 予測微生物学の基本理念

1.1 予測微生物学とはなにか？	2
1.2 予測微生物学の発展の歴史	3
1.3 予測モデルの構築とは	7
1.4 予測微生物学と HACCP	8
1.5 予測微生物学を理解するための本書の構成	9

2. 一次モデル：primary model

2.1 モデル構築の事前準備	11
2.1.1 生理学的状態の影響	12
2.1.2 接種菌数の影響	13
2.1.3 混合細菌株の使用	14
2.1.4 食品への接種	14
2.2 微生物の増殖パターンを記述する数学モデル	15
2.2.1 一次モデルの変遷	17
2.2.2 Baranyi model	20
2.2.3 Buchanan three-phase model	22
2.2.4 新ロジスティックモデル	22
2.3 競合する細菌の増殖モデル (Jameson effect)	23
2.4 増殖モデルの選択の基準	25

2.5 微生物の死滅	26
2.5.1 伝統的な対数線形モデル	26
2.5.2 死滅挙動における非線形性がはらむ複雑な問題	27
2.6 その他の現象を表すモデル	30

3. 二次モデル : secondary model

3.1 増殖速度のモデル化	32
3.1.1 平方根モデル (square-root model)	32
3.1.2 温度以外の環境要因の影響を記述するためのモデル	36
3.1.3 γ (ガンマ) コンセプト	37
3.1.4 主要パラメータモデル (cardinal parameter model)	39
3.2 ラグタイム (誘導期) のモデル化	41
3.2.1 多項式モデル	43
3.2.2 ニューラルネットワークモデル	44
3.2.3 ロジスティック回帰分析の応用	45
3.3 死滅過程における二次モデル化	49

4. 統合モデル : tertiary model

4.1 統合モデルの実際	51
4.1.1 レタス流通過程におけるレタス上での病原性細菌の増殖予測	52
4.1.2 胃内消化過程における食中毒細菌の死滅	54
4.2 機械学習モデルの可能性	58
4.2.1 微生物増殖予測への展開の可能性	58
4.2.2 機械学習モデルの構築方法	59
4.2.3 機械学習モデルによる細菌挙動の予測	61
4.3 予測ソフトウェア	64
4.3.1 世界における予測ソフトウェア開発の変遷	64
4.3.2 諸外国における予測微生物学ツール	67

4.3.3 今後の予測ソフトウェアの展開展望	82
4.4 予測微生物学ハードウェアの開発	82

5. 増殖／非増殖境界モデル

5.1 増殖／非増殖境界モデルの概念	84
5.2 ロジスティック回帰分析	85
5.3 増殖／非増殖境界モデルの実際	87
5.4 機械学習モデル（ニューラルネットワークモデル）の可能性	89
5.4.1 機械学習モデルの適用可能性	89
5.4.2 モデルの構築方法	90
5.4.3 予測モデルの精度	92
5.5 モデル構築に必要な反復回数の検討	95
5.5.1 ばらつきを考慮した実験反復回数	95
5.5.2 実験反復回数の影響比較	96
5.6 ロジスティック回帰分析の殺菌／損傷回復予測への応用	98
5.6.1 殺菌効果を予測するための代替モデル概念	98
5.6.2 高圧処理における細菌不活化挙動を評価する新たな手法	99

Ⅱ. 予測微生物学の実践

6. リスク分析と予測微生物学

6.1 リスク分析とは	104
6.2 リスク評価	105
6.3 リスク管理	106
6.4 リスクコミュニケーション	107

7. HACCP と予測モデルとの関係

7.1 HACCP の基本概念	108
-----------------	-----

7.2	Food Safety Objectives (FSO) と予測モデル	109
7.3	Critical Limit (CL) 設定への予測モデルの適用	113
7.3.1	殺菌処理が困難な加工食品における CL の設定	113
7.3.2	殺菌処理工程での CL 設定の実際	114
7.3.3	製造工程における待機時間中の増殖予測	115

8. 確率論で記述する細菌集団の挙動

8.1	細菌集団の増殖と死滅挙動における確率論の導入背景	116
8.2	食品の製造過程で発生するランダムな細菌数の分布	118
8.2.1	食品の製造過程で発生するランダムな細菌数の分布：理論計算	118
8.2.2	検 証 試 験	121
8.3	速度論から確率論への変換	121
8.3.1	細菌集団の死滅過程におけるばらつき	121
8.3.2	細菌集団の生存細菌数のばらつき	122
8.3.3	ある細菌数になるまでのばらつき	123
8.3.4	検 証 試 験	124
8.3.5	細菌集団の増殖過程におけるばらつき	125
8.3.6	ある時間における細菌数または細菌密度のばらつき	126
8.3.7	ある細菌数に達するまでの時間のばらつき	127
8.3.8	検 証 試 験	128
8.4	少ない細菌集団が対象の場合には確率論がよい	130
8.5	確率論で記述する細菌集団挙動の変動性のまとめ	130
8.6	菌株間のストレス耐性の違いを考慮した確率論モデルの開発	131
8.6.1	菌株間の違いを考慮すべき理由	131
8.6.2	胃内消化過程における細菌不活化に及ぼす菌株間の違いの影響	131
8.6.3	菌株間の違いの影響を組み込んだ階層ベイズモデルの構築	133
8.7	確率論を用いたモデルの限界	136

9. モンテカルロシミュレーションによる確率論的予測

9.1 確率論的死滅シミュレーション	137
9.1.1 一定温度加熱時における確率論的死滅シミュレーション	137
9.1.2 変動温度加熱時における確率論的死滅シミュレーション	141
9.2 確率論的増殖シミュレーション	145
9.2.1 一定温度下における増殖シミュレーション	145
9.2.2 変動温度下における増殖シミュレーション	145
9.3 消化過程シミュレーションに基づく用量反応関係の推定	146
9.3.1 胃内消化過程における病原体の減少挙動	147
9.3.2 胃から小腸への移動	148
9.3.3 小腸上皮細胞への侵入挙動	150

10. 定量的微生物リスク評価の実装

10.1 定量的微生物リスク評価の概要	154
10.2 定量的微生物リスク評価シミュレーション実践の流れ	155
10.2.1 フードチェーンの設定	155
10.2.2 各プロセスにおける各条件の設定と計算	156
10.3 リスク評価結果の感度分析	162
10.4 既往のリスク評価結果などとの比較	165

付 録

A.1 不確実性を考慮するための計算手法	166
A.2 ヒストグラムから乱数を発生させる逆関数法	167
A.3 動的な温度履歴を乱数シミュレーションするための手法	168

引用・参考文献	170
---------	-----

索引	187
----	-----

I .

予測微生物学の基礎理論

1.

予測微生物学の基本理念

本章では、予測微生物学という概念がどういった背景から生まれ、どのように発展してきたのかを概説することで、予測微生物学の目指すところを明確にする。そのうえで、後続の章における各論の学問体系の中での位置付けを明確にできるようにする。

1.1 予測微生物学とはなにか？

予測微生物学 (predictive microbiology) のコンセプトは、食品の微生物学的安全性と食品の品質に影響を及ぼす食品加工、流通、保管条件の影響を客観的に評価することを可能とする、微生物の環境条件に対する増殖あるいは死滅応答性に関する深い知見を体系化することにある。もしも、食品製造あるいは流通、保管中における微生物生態を理解することができれば、対象とする微生物の死滅あるいは増殖を環境条件と微生物の死滅／増殖速度との数学的な関係性を基盤として予測することができるかもしれない。このことは逆に言えば、温度やガス環境といった保存条件、あるいは水分活性や pH といった食品の内因的な性質をモニタリングすることによって、食品の品質や安全性を推定することができる可能性を秘めていることを意味する。

食品における腐敗あるいは病原性微生物の増殖は、食料生産に関わるすべての人々、一次生産者から流通、小売業者、消費者にとって大きな関心事である。健康面や経営面、その他あらゆる観点から見ても、微生物の増殖は厳しく制限することが求められる一方で、特定の食品が消費に至る過程において「あ

とどのくらい食べられるのか」あるいは「どのくらい安全なのか」といったことを評価することが重要である。このことは、食品の製造から流通・消費に至る過程でのさまざまな条件の最適化が不可欠であることを意味している。特に、昨今の食品ロス削減の観点から需要が高まっている「長期間の消費・賞味期限」が設定されている食品においては、各種の条件設定の最適化の重要性が再認識されている。

食中毒事故が多発し始めた1980年代から、食中毒細菌の食品中での検出評価の需要が高まってきた。当時は（現代でも）培養法による検出が主流であったが、それに代わる方法として、化学的、物理的、あるいは物理・化学的な食品の変化を捉えることで、迅速な代替検出方法が提案されてきたが、そのような状態変化に至るまで微生物が増殖してしまっただけからの検知・検出では実際には役に立たなかった。

そこで、代替法の一つとして、装置コストのかからない予測微生物学が提案された。予測微生物学は、ある環境下に置かれた微生物の増殖あるいは減少（死滅）速度と環境条件との関係性から構築される数学モデルを基盤として、微生物の増減あるいは死滅を予測するものである。数学モデルは、食品の品質制御因子として重要な温度、pH、水分活性、ガス環境、および保存料の添加濃度などの組合せから構築される。構築されたモデルは、モデル構築に使用されていない条件下での微生物の増殖あるいは減少の程度を予測可能とする。

1.2 予測微生物学の発展の歴史

食品中の微生物挙動を予測しようとする試み、さらにはその潜在的な可能性は決して新しい概念ではなく、予測微生物学の源流となる文献は1930年代にまで遡る。Scottは、雄牛の筋肉上の微生物の増殖に及ぼす温度の影響を報告している^{1)†}。この中で、微生物の増殖挙動データの蓄積は食品の品質保持期限

† 肩付きの数字は、巻末の引用・参考文献を表す。

と安全性を予測する潜在的能力があることを明確に示している。

以下に、Scott の論文からの引用を記す。

「特定の微生物の異なる温度条件下での増殖速度に関する知見は、冷蔵保存される牛肉の腐敗を研究するためには不可欠な要素である。そのような知見、データは牛肉の腐敗に対する異なる保存温度での相対的な影響を予測することを可能にするだろう。さらに、微生物数の変化の予測の可能性も十分に見込まれ、とりわけ牛肉の製造過程においてさまざまな微生物の増殖が起こりやすい温度状態にある解体直後から冷却初期段階における牛肉表面での種々の微生物数の増加を予測することが可能となるだろう。」

90 年近く経過した 2020 年代においても、古さを感じさせない提言であり、その後の予測微生物学の発展を予言していたかのような記述である。しかしその後、第二次世界大戦の影響などもあり、食品微生物学における関心は缶詰製造をはじめとする加熱殺菌に移行していき、 D 値 (decimal reduction time) の概念が提案された^{2),3)}。さらにはその後、現代の缶詰製造の基盤となる botulinum cooking (12D 減少) の提唱⁴⁾へとつながっていく。これらの概念は殺菌工学と呼ばれることが一般的であり、Scott が提唱した微生物増殖の予測¹⁾とは異なるが、微生物数の変化を加熱温度と死滅速度の関係性から、数理工学的に定量的に捉えようとする思想は根本的に同義であるといえる。その意味でも、微生物の死滅を数理モデル化する殺菌工学の思想は、予測微生物学の一分野として捉えることができるだろう。

その後、1970 年代後半から 1980 年代にかけて、食品を媒介した食中毒事故が世界中で多発するようになり、安全な食品流通が強く求められ、食中毒予防は公衆衛生の注目の的となる。そのような社会情勢に呼応するかのようになり、微生物の増殖挙動と環境条件との関係性を数理モデルとして記述しようとする研究が盛んに発表され始めた。そのような状況下において、英国、米国、豪州、EU 諸国では、国家プロジェクトとして予測微生物学研究が大きく推進された。とりわけ、英国と米国で推進された予測微生物学研究は非常に大規模なもので

あった。

例えば、英国では、農務省の食品研究所が中心となって約20億円もの研究費が投入され、主要な食中毒細菌の増殖あるいは死滅挙動のデータが蓄積され、データベースの構築が進められた。この研究プロジェクトからは、後に Food Micro Model という商用パッケージとして販売された予測ソフトウェアが誕生した⁵⁾。

一方、米国でも同様の研究プロジェクトがほぼ同時期に実施されていた。取り組み内容は英国と同様で、主要な食中毒細菌の増殖あるいは死滅挙動のデータが蓄積され、データベースの構築が進められた。このプロジェクトからは、2024年時点でも使われている予測ソフトウェア Pathogen Modeling Program (通称、PMP) が開発された⁶⁾。こちらの研究プロジェクトも10億円規模のきわめて大規模であり、その当時の予測微生物学研究に対する各国の力の入れようがうかがえる。

興味深いことに、これら研究プロジェクトの成果を食中毒事故発生による社会的コスト、あるいは食品腐敗によって生じる廃棄処理コストといった観点から、それらを低減することでどの程度経済的なメリットがもたらされるか、といった評価がなされていた。それによれば、英国では食中毒事故の低減によって、40億円程度のコスト削減につながると評価されている⁷⁾。豪州では、微生物挙動の予測によって食品の腐敗が予測できるようになることで、食品廃棄を20%削減できると推定しており、その経済的効果は年間で2000億円にも達するとの評価がなされていた⁸⁾。このような観点で、30年以上も前から予測微生物学の意義を評価していた諸外国の先見性には驚かされるばかりである。

英国、米国で大規模国家プロジェクトとして開発された食中毒細菌の増殖／死滅挙動を予測するためのソフトウェアは、ほどなくして問題に直面した。同様の細菌を対象として開発されたはずの予測計算の結果が双方で異なる、といった問題である。例えば、*Salmonella* を対象として同一環境条件下での増殖挙動を予測させてみると、増殖挙動に違いが見られる、といった事象である。これは、微生物という生物を対象としていることから生じる株間の違いに

よってもたらされる変動性と捉えられる。異なる細菌株を使用して得られたデータから構築された予測モデルによって出力される予測結果が異なるのは、ある意味当然ではあるが、開発当時には、その観点を考慮しきれていなかった。しかし、両国はこの違いを積極的に捉えることで、予測微生物学研究を新たなステージへと導くこととなった。すなわち、両国で開発した予測モデル、さらにはモデル構築の基礎となる実験データをおたがいに開示して、微生物挙動の多様性を認識できる仕組みとして、双方のデータベースを統合してWeb上で公開したのであった。これが2024年においても運用され続けているComBaseの原型である⁹⁾。このようにして、微生物挙動データを容易に比較検索できるようになったことで、微生物挙動のばらつきを適切に捉えることができるようになったのである。

科学的な観点からはきわめて合理的なデータベースの統合であったが、英国、米国ともに多額の国家予算を投入して研究開発した成果であり、それらを提供開示する判断は1990年代にはまだ難しかったかもしれない。しかし、2000年代以降に急速に進む研究データの公開、共有（オープンアクセス化）の促進といった流れの先駆けだったのかもしれない。両国関係者たちの先見性と英断に対して敬意を表するものである。ComBaseの登場によって予測微生物学研究の裾野が広がり、世界中の研究者、食品製造に関わる技術者らが微生物挙動は予測可能である、といった認識を持つことになっていった。

2000年代から2010年代にかけては、予測微生物学の研究成果を研究者コミュニティや食品産業界、政府関係機関へ還元すべく、各国での予測ツールの開発が大きく進んだ。詳細は後述するが、インターネットを通じてデータベース、各種増殖・死滅予測ソフトウェア、リスク評価支援ツールなどが公開されており、容易にアクセスすることができる。食品微生物学の学習教育支援ツールとしての活用はもちろんのこと、実際の意思決定支援ツールとして活用できる。また、実際に予測微生物学でなにかができるのか、予測微生物学とはなにか、という問いに対する回答を得る一つの手段といえる。

予測微生物学は食品産業界、食品安全行政への貢献だけにとどまるものでは

索引

【い】
 一次モデル 10, 11, 15,
 51, 53, 57, 78
 胃内消化過程 54

【お】
 温 度 3, 15, 36, 46, 53

【か】
 改変 Gompertz model 16
 改変 Gompertz 式 19
 改変ロジスティック式 19
 確率事象 102
 確率分布 47, 101, 112
 確率密度分布 101
 確率論 84, 102, 112
 確率論モデル 17, 140
 カテゴリカルデータ 58, 63
 カーブフィッティング 17
 環境条件 66
 環境ストレス 12
 感染確率 54
 感度分析 162
 ガンマコンセプト 37, 38, 39
 ガンマコンセプトモデル 40

【き】
 機械学習 41, 43, 63, 93
 機械学習モデル 58, 61, 89
 逆関数法 167
 許容予測率 60

【け】
 決定係数 60
 決定論モデル 17, 140

【こ】
 高圧処理 98, 99
 勾配ブースティング決定木 59

【さ】
 最確曲線法 166
 最大菌数 23, 72
 最大菌密度 9, 13, 18, 20, 25
 最大死滅速度 56
 最大比増殖速度 17, 19, 25,
 39, 40, 42, 53, 72
 殺菌予測モデル 109, 111, 113

【し】
 指数分布 139
 実験反復回数 95, 96, 97
 実測値 60, 62
 至適温度 34
 シミュレーション 54
 死滅曲線 74
 死滅挙動 63
 ジャックナイフ法 166
 重回帰分析 86
 重要係数 36
 主要パラメータモデル 40
 純死滅過程 122
 純出生過程 126
 消費期限 47, 111, 112
 食塩濃度 46
 初発菌数 53
 シングルヒットモデル 160
 人工胃液 55
 深層学習 90, 95
 深層学習モデル 91, 93
 新ロジスティックモデル 22

【す】
 水分活性 3, 13, 15, 36
 スパゲッティプロット 164
 スピアマンの相関係数 162

【せ】
 世代時間 42
 摂取菌量 54

【そ】
 相関分析 162
 増殖挙動 63
 増殖/死滅曲線フィッティ
 ングツール 71
 増殖/死滅予測シミュレー
 ションツール 74
 増殖速度 4, 9, 13, 32, 34
 増殖/非増殖 66
 増殖/非増殖境界モデル 84, 87, 114
 増殖モデル 16
 増殖予測モデル 111
 相対ラグタイム 42
 速度論モデル 17
 ソフトウェア 67, 68
 損傷回復予測 98
 損傷菌 30

【た】
 対数増殖期 12, 22
 多項式モデル 43
 ダミー変数 60

【て】
 低温増殖性芽胞 96
 定常期 18, 22

定量的微生物リスク評価
10, 79, 137, 154
データベース 6, 44, 65, 66,
67, 68, 71, 114
データマイニング 41, 58

【と】
統計数理モデル 86
統合モデル 10, 15, 51
トルネードチャート 162

【に】
二項分布 122, 160
二次モデル 10, 15, 31, 51,
53, 56, 57, 78
ニューラルネットワーク
41, 90, 95
ニューラルネットワーク
モデル 43, 44, 91, 93

【は】
ばく露評価 106
バーコードチャート 165
ハードル理論 36, 88
ばらつき 13, 14, 40
反復回数 95
反復実験回数 97

【ひ】
ピアソンの相関係数 162
比増殖速度 16, 19, 32
比増殖速度定数 23
病原性細菌 52, 65

【ふ】
ブートストラップ法 166
負の二項分布 127, 145
腐敗細菌 65

【へ】
平均2乗誤差 60
ベイズ推定 166
平方根モデル 34, 36, 40, 56
ベータ分布 156
ベータポアソンモデル 161
ベルヌーイ分布 156

【ほ】
ポアソン分布 119, 140

【め】
メトロポリス・ヘイスティ
ング法 168

【も】
モンテカルロシミュレ
ション 77
モンテカルロシミュレ
ション法 137

【ゆ】
誘導期 12, 22, 41, 72

【よ】
用量反応モデル 54, 106, 146
予 測 54

予測ソフトウェア 6, 64, 82
予測値 60, 62
予測微生物学 2, 63, 105
予測モデル 105

【ら】
ラグタイム 9, 12, 13, 20, 21,
22, 25, 41, 42, 45, 46, 112
ランダムウォーク法 168

【り】
リアルタイム 54
リスクアセスメント 80
リスク管理 105, 106
リスクコミュニケーション
105, 107
リスク評価 6, 102, 105, 106
リスク分析 104

【る】
累積確率 101
ルンゲ・クッタ法 143, 151

【ろ】
ロジスティック回帰分析
45, 85, 88, 89,
92, 93, 95, 97, 100, 115
ロジスティック関数 19
ロジスティック曲線 15
ロジスティック式 18

【A】
acceptable prediction rate
60, 61
ALOP 110, 111
appropriate level of
protection 110
Arrhenius 式 33

AUC 93, 97

【B】
Bacillus simplex 96
Baranyi model 20
Bélehrádek モデル 33
biogrowth 78
bioinactivation 78

Buchanan three-phase
model 22

【C】
cardinal parameter 36
cardinal parameter model 39
CCP 8, 108, 109, 115
CL 8, 108, 109, 113, 114

ComBase	59, 63, 65, 68	hazard analysis	8		
ComBase DMFit	72	Hazard Analysis and Critical		[R]	
ComBase Predictor	74	Control Point	8	R	139
correlation coefficient	60			R^2	60, 61
critical control points	8	[I]		radio frequency ID	82
critical limit	8, 113	Integrated Pathogen		RAKIP	80, 81
Cryolog	82	Modeling Program	72, 77	Refrigeration Index	
		IPMP 2013	72, 77	Calculator	66
[D]		[J]		Risk Ranger	79
D database	71	Jameson effect	23, 24	RMSE	60, 61, 62
decimal reduction time	4, 26	JEMRA	165	root-mean-square-error	60
D 値	4, 26, 98, 114	[K]		[S]	
D 値モデル	138	KEDRF	54, 147	Seafood Spoilage and Safety	
[F]		key events	55	Predictor	67
fail-dangerous	93, 95	key events dose response		secondary model	10, 15, 31
fail-safe	93, 95	framework	147	shoulder 型	28
FDA-iRISK	79	[L]		sigmoid 型	28
FMM	64	linear 型	28	SSSP	67
Food Micro Model	5, 64	[M]		Sym'Previous	66, 69, 73
food safety objectives	109, 110	Mafart モデル	29	[T]	
Food Spoilage and Safety		maximum population		tailing 型	28
Predictor	75	density	18	tertiary model	10, 15, 51
FSO	109, 110, 111, 112,	Microbial Responses Viewer	66, 69	time temperature	
	114, 115	MicroHibro	77	integrator	82
FSSP	75	MRV	66, 69	TTI	82
[G]		[P]		[W]	
GBDT	59	Pathogen Modeling		Weibull 関数	29, 98, 114
GHP	110	Program	5, 64, 78	Weibull 分布	139
GInaFIT	74	performance objectives	113	Weibull モデル	29, 138
GMP	110	PERT 分布	157	[X]	
Gompertz 関数	19	pH	3, 13, 15, 36, 46	XGBoost	59
GroPIN	70, 76	PMP	5, 64	[Z]	
growth/no growth		PO	113, 115	\approx 値	26, 98, 114
boundary (interface)		Prediction of Microbial		[ギリシャ]	
model	87, 99	Safety in Meat Products	75	γ コンセプト	37
[H]		primary model	10, 11, 15		
HA	8	Python	139		
HACCP	8, 9, 10, 85, 88,				
	108, 110, 114, 162				

— 著者略歴 —

小関 成樹 (こせき しげのぶ)

- 1996年 北海道大学農学部農業工学科卒業
- 1998年 北海道大学大学院農学研究科博士前期課程修了(農業工学専攻)
- 1998年 三栄源エフ・エフ・アイ株式会社勤務
- 2002年 北海道大学大学院農学研究科博士後期課程修了(生物資源生産学専攻), 博士(農学)
- 2003年 独立行政法人食品総合研究所(現 農業・食品産業技術総合研究機構)勤務
- 2013年 北海道大学准教授
- 2020年 北海道大学教授
- 現在に至る

小山 健斗 (こやま けんとう)

- 2015年 北海道大学農学部農業工学科卒業
- 2017年 北海道大学大学院農学院博士前期課程修了(共生基盤学専攻)
- 2019年 北海道大学大学院農学院博士後期課程修了(共生基盤学専攻), 博士(農学)
- 2019年 北海道大学助教
- 2023年 北海道大学准教授
- 現在に至る

安部 大樹 (あべ ひろき)

- 2017年 北海道大学農学部生物環境工学科卒業
- 2019年 北海道大学大学院農学院博士前期課程修了(共生基盤学専攻)
- 2022年 北海道大学大学院農学院博士後期課程修了(農学専攻), 博士(農学)
- 2022年 国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構食品研究部門
JSPS 特別研究員 PD
- 現在に至る

食品予測微生物学 — 理論と実践 —

Predictive Food Microbiology — Theory and Application —

©Shigenobu Koseki, Kento Koyama, Hiroki Abe 2024

2024年8月26日 初版第1刷発行



検印省略

著者 小 関 成 樹
小 山 健 斗
安 樹 部 大 樹
発行者 株式会社 コロナ社
代表者 牛来真也
印刷所 美研プリンティング株式会社
製本所 有限会社 愛千製本所

112-0011 東京都文京区千石 4-46-10

発行所 株式会社 コロナ社
CORONA PUBLISHING CO., LTD.

Tokyo Japan

振替00140-8-14844・電話(03)3941-3131(代)

ホームページ <https://www.coronasha.co.jp>

ISBN 978-4-339-06764-4 C3045 Printed in Japan

(新井)



JCOPY

<出版者著作権管理機構 委託出版物>

本書の無断複製は著作権法上での例外を除き禁じられています。複製される場合は、そのつど事前に、出版者著作権管理機構（電話 03-5244-5088, FAX 03-5244-5089, e-mail: info@jcopy.or.jp）の許諾を得てください。

本書のコピー、スキャン、デジタル化等の無断複製・転載は著作権法上での例外を除き禁じられています。購入者以外の第三者による本書の電子データ化及び電子書籍化は、いかなる場合も認めていません。落丁・乱丁はお取替えいたします。