


 論文

微生物熱測定データ解析モデルの妥当性の検討

坂宮 章世, 田中 晶善

(受取日: 2009年12月4日, 受理日: 2009年12月24日)

Suitability of Growth Models for Analyzing Microbial-Calorimetric Data

Akiyo K. Sakamiya and Akiyoshi Tanaka

(Received Dec. 4, 2009; Accepted Dec. 24, 2009)

More than seven hundred microbial-calorimetric data of the processes of carbon-source assimilation by soil microbes and the processes of food putrefaction were analyzed by Gompertz, Hill, Richards and Logistic models, as well as by their reversed forms, to evaluate the suitability of these models for analyzing the data. The goodness of fit of each model to the experimental data was tested by the Akaike Information Criterion. The Richards model showed the best suitability. Consequently, the shape parameter d in this model is considered useful for accurate evaluation of microbial-calorimetric parameters such as the time at which the heat-evolution rate reaches its maximum (t_p), the time at which half of the total heat evolution is completed ($t_{1/2}$), and the maximum heat-evolution rate constant (μ_{\max}).

Keywords: growth model, Logistic model, microbial calorimetry, Richards model

1. 緒言

熱測定は、微生物活性や微生物増殖過程を簡便に精度よく測定することができ、食品の発酵や腐敗の進行状況のモニター、防腐剤の効果の解析、土壌ストレス物質の効果の解析などに用いることができる。¹⁻¹⁰⁾ 熱測定法はデジタルデータを経時的に得ることが容易であり、したがって成長曲線に基づく数値解析に適している。微生物増殖は一般に、誘導期、対数期、静止期などの相を持ち、これを表現できる経験的関数(成長曲線)としてロジスティックモデルやゴンベルツモデルなどがあり、それぞれに特徴がある。^{11, 12)}

本研究では、約800種の熱測定実測データを、いくつかの成長曲線モデルを用いて解析し、一般にどのモデルを用いるのが適切かを検討した。

2. 方法

2.1 測定

解析に用いる微生物熱測定データの取得には、19試料を同時測定できる等温熱量計(微生物計測システム研究所製

Antares R, 京都府)と既報の熱量計^{1,3,5)}を用いた。食品腐敗過程と土壌微生物による炭素源資化過程を対象として、定温(原則として25℃)で測定した。

食品腐敗過程については、アサリや豆乳など7種の食品を対象として、それぞれ5gの試料をオートクレーブ後、一定量の腐敗液を植菌して腐敗を強制的に開始させ、直ちに等温熱量計の試料セルに入れ、塩化ナトリウムなどの腐敗抑制物質の共存系、非共存系で発熱過程を測定した。³⁾ 土壌微生物による炭素源資化過程の測定には、三重大学農場で採取した畑土壌、水田土壌など計9種の土壌試料を用いた。10gの土壌に、グルコース、グリシンなどの炭素源を、炭素原子として0.60 mmol相当量添加し、資化抑制物質としての塩化ナトリウムの共存系、非共存系で発熱過程を測定した。^{1,4)} このような測定により、781種の実測値を得、解析に供した。

測定されたシグナルの経時変化 $g(t)$ (サーモグラム)に基づき、熱測定装置の各セルの熱伝導定数 K を用いて補正することにより発熱総量の経時変化 $q(t)$ を得、¹³⁻¹⁶⁾ またその時間微分によって発熱速度 $q'(t)$ を得た。

Table 1 Growth models used for the analysis of microbial calorimetric data.

Model	$q(t)$	$q'(t)$
Gompertz	$Q \exp(-\exp(-B(t-t_p)))$	$QB \exp(-B(t-t_p)) \exp(-\exp(-B(t-t_p)))$
reversed Gompertz	$Q(1 - \exp(-\exp(B(t-t_p))))$	$QB \exp(B(t-t_p)) \exp(-\exp(B(t-t_p)))$
Logistic	$\frac{Q}{1 + \exp(-B(t-t_p))}$	$\frac{QB \exp(-B(t-t_p))}{(1 + \exp(-B(t-t_p)))^2}$
Hill	$\frac{Qt^n}{t_{1/2}^n + t^n}$	$\frac{Qnt_{1/2}^n t^{n-1}}{(t_{1/2}^n + t^n)^2}$
reversed Hill	$\frac{Qt_{1/2}^n}{t_{1/2}^n + (2t_{1/2} - t)^n}$	$\frac{Qnt_{1/2}^n (2t_{1/2} - t)^{n-1}}{(t_{1/2}^n + (2t_{1/2} - t)^n)^2}$
Richards	$Q(1 + (d-1)\exp(-B(t-t_p)))^{\frac{1}{1-d}}$	$QB \exp(-B(t-t_p))(1 + (d-1)\exp(-B(t-t_p)))^{\frac{d}{1-d}} \quad (d \neq 1)$
reversed Richards	$Q(1 - (1 + (d-1)\exp(B(t-t_p)))^{\frac{1}{1-d}})$	$QB \exp(B(t-t_p))(1 + (d-1)\exp(B(t-t_p)))^{\frac{d}{1-d}} \quad (d \neq 1)$

$q(t)$ is the amount of evolved heat by the time t , and $q'(t)$ is its differential form. Q is the total amount of evolved heat; t_p is the time at which the heat-evolution rate reaches the maximum; B is the constant that is proportional to the maximum heat-evolution rate constant μ_{\max} ; $t_{1/2}$ is the time at which half of the total heat evolution is completed; n is the cooperativity parameter; and d is the shape parameter.

2.2 解析

解析のための基本的な成長曲線モデルとして、ゴンベルツ、ロジスティック、ヒル、およびリチャーズモデルの4種類、および、ゴンベルツ、ヒル、リチャーズそれぞれの改変モデル3種類の計7種類のモデルを用いた。各モデルに基づく $q(t)$ および $q'(t)$ の式をTable 1に示す。各モデルで共通に評価できるパラメータは、総発熱量 Q 、発熱が半分終了する時間 $t_{1/2}$ 、発熱速度がピークに達する時間 t_p 、最大発熱速度 V_{\max} 、および最大発熱速度定数 μ_{\max} ($=V_{\max}/Q$)である (Table 2)。各モデルの特徴を比較するために、 $Q = 10 \text{ J}$, $t_p = 30 \text{ h}$, $V_{\max} = 1.0 \text{ J h}^{-1}$, $\mu_{\max} = 0.10 \text{ h}^{-1}$ として描いた $q(t)$ および $q'(t)$ の理論曲線をFig.1に示す。

2.2.1 ゴンベルツモデル

ゴンベルツモデルは次のように表される。

$$q(t) = Q \exp(-\exp(-B(t-t_p))) \quad (1)$$

変数 B は最大発熱速度定数 μ_{\max} に比例する量であり、 $\mu_{\max} = B/e$ の関係がある (e は自然対数の底) (Table 2)。このモデルでは、前半で急激に発熱し、後半でゆるやかに最大値 Q に達する (Fig.1(a)-1)。発熱速度 $q'(t)$ では、ピークに達する時間 t_p の前で傾斜が大きくピークの後では小さい非対称的な形状をとり (Fig.1(b)-1)、発熱が半分終了する時間 $t_{1/2}$ より前に発熱速度のピークに達する ($t_{1/2} > t_p$)。

式 (1) の微分型 $q'(t)$ (発熱速度) を、 t_p を中心に時間反

転させることで、次のようなモデルが新たに考えられる。

$$q(t) = Q (1 - \exp(-\exp(B(t-t_p)))) \quad (2)$$

この場合、発熱速度はゆるやかにピークに達し、その後、急激に減少する。したがって $t_{1/2} < t_p$ となる (Fig.1(a)-2, (b)-2)。これを便宜上、「反転ゴンベルツモデル」とする。

2.2.2 ロジスティックモデル

$$q(t) = \frac{Q}{1 + \exp(-B(t-t_p))} \quad (3)$$

このモデルでは、発熱速度 $q'(t)$ がピークを中心にして左右対称である。したがって、最大速度に達する時間と、発熱量が最大速度に達する時間が等しく($t_{1/2} = t_p$)、時間反転させても同一の形状となる。変数 B は $\mu_{\max} = B/4$ の関係がある (Table 2)。

2.2.3 ヒルモデル

$$q(t) = \frac{Qt^n}{t_{1/2}^n + t^n} \quad (4)$$

n は協同性の指数で、 $n > 1$ の場合、 $t_{1/2} > t_p$ である。このモデルを、発熱が半分終了する時間 $t_{1/2}$ を中心に時間反転させた「反転ヒルモデル」をTable 1に示す。このモデルでは式中に t_p を明示的に含まないため、時間反転の中心を $t_{1/2}$ とした。

Table 2 Relationship between the microbial calorimetric parameters of the growth models and the derived parameters thereof.

Model	$t_{1/2}$	t_p	V_{max}	μ_{max}
Gompertz	$t_p - \frac{\ln(\ln 2)}{B}$	-	$\frac{QB}{e}$	$\frac{B}{e}$
reversed Gompertz	$t_p + \frac{\ln(\ln 2)}{B}$	-	$\frac{QB}{e}$	$\frac{B}{e}$
Logistic	t_p	$t_{1/2}$	$\frac{QB}{4}$	$\frac{B}{4}$
Hill	-	$\left(\frac{n-1}{n+1}\right)^{\frac{1}{n}} t_{1/2}$	$\frac{Q(n^2-1)}{4nt_{1/2}\left(\frac{n+1}{n-1}\right)^{\frac{1}{n}}}$	$\frac{n^2-1}{4nt_{1/2}\left(\frac{n+1}{n-1}\right)^{\frac{1}{n}}}$
reversed Hill	-	$\left(2 - \left(\frac{n-1}{n+1}\right)^{\frac{1}{n}}\right) t_{1/2}$	$\frac{Q(n^2-1)}{4nt_{1/2}\left(\frac{n+1}{n-1}\right)^{\frac{1}{n}}}$	$\frac{n^2-1}{4nt_{1/2}\left(\frac{n+1}{n-1}\right)^{\frac{1}{n}}}$
Richards	$t_p - \frac{\ln \frac{2^{d-1}-1}{d-1}}{B}$	-	$QBd^{\frac{d}{1-d}}$	$Bd^{\frac{d}{1-d}}$
reversed Richards	$t_p + \frac{\ln \frac{2^{d-1}-1}{d-1}}{B}$	-	$QBd^{\frac{d}{1-d}}$	$Bd^{\frac{d}{1-d}}$

V_{max} is the maximum heat-evolution rate, and μ_{max} is the maximum heat-evolution rate constant.

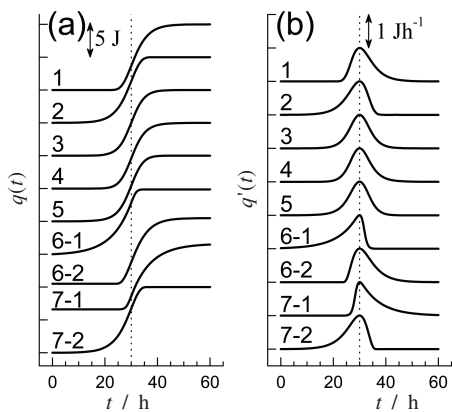


Fig.1 Theoretical growth curves of the seven models tested. (a) Integral forms $q(t)$ and (b) differential forms $q'(t)$. Seven curves are simulated by (1) Gompertz, (2) reversed Gompertz, (3) Logistic, (4) Hill, (5) reversed Hill, (6-1, 6-2) Richards, and (7-1, 7-2) reversed Richards model, respectively, using the following values in common: $Q = 10 \text{ J}$, $t_p = 30 \text{ h}$, $V_{max} = 1.0 \text{ J h}^{-1}$ and $\mu_{max} = 0.10 \text{ h}^{-1}$. The other values were (5, 6) $n = 12$, (6-1, 7-1) $d = 12$, and (6-2, 7-2) $d = 0.80$.

2.2.4 リチャーズモデル

$$q(t) = Q \left(1 + (d-1) \exp(-B(t-t_p)) \right)^{1/(1-d)} \quad (5)$$

変数 d は形状を表すパラメータである。最大発熱速度定

数 μ_{max} は変数 B と d によって表される (Table 2)。このモデルでは、 d の値によって $t_{1/2}$ と t_p の大小関係が変わる。 d の値が大きいと、ゆっくりと発熱速度のピークに達し、その後急激に減少する (Fig.1(a)6-1, (b)6-1)。この場合、 $t_{1/2} < t_p$ である。他方、 d の値が小さいとその逆になる (Fig.1(a)6-2, (b)6-2)。

「反転リチャーズモデル」を Table 1 に、その例を Fig.1(a)7-1, -2 および (b)7-1, -2 に示す。 $q(t)$ や $q'(t)$ の形状に対する d の値の大小の効果は、リチャーズモデルとは逆になる。同一のサーモグラムをリチャーズモデルと反転リチャーズモデルで解析した場合、 d の値は概ね反比例する (後述)。

2.3 モデルの妥当性の判定

781 種の測定データから発熱速度曲線 $q'(t)$ を求め、それぞれについて、7 種のモデルを用いて各パラメータの最適値を最小自乗法で評価した*。実測値への適合度を、赤池情報量規準 (Akaike's Information Criterion, AIC)¹⁷⁾ を用いて評価した。AIC は次のように表される。

$$AIC = N \ln \left(\frac{RSS}{N} \right) + 2(p+1) + \frac{2(p+1)(p+2)}{N-p-2} \quad (6)$$

ここで N は各実測値のデータ数、 p はモデル式中のパラメータの個数、 RSS は理論値と実測値の残差平方和を表す。AIC の値が小さいほど、そのモデルの実測値への適合度が高い。

3. 結果と考察

3.1 モデルの実測値への適合度の評価

微生物熱測定の結果の例を Fig.2 (a ~ f それぞれの下の

実線1)に示す。発熱開始後、発熱速度が急にピークに達し、その後ゆるやかに減衰するもの(d, f) ($t_p < t_{1/2}$), 逆に、ゆるやかにピークに達して急に減衰するもの(b, e) ($t_p > t_{1/2}$), またピークに対して概ね対称のもの(a, c) ($t_p \approx t_{1/2}$), など、様々な形状の発熱過程が見られた。781の実測データそれぞれについて、Table 1の7種のモデルに基づいて解析を行い、AICを評価した。各実測値について、最も良い適合度を示したモデルに基づき、Table 3に示す最適値によって描いた理論曲線をFig.2(a~fの実線2)に示す。Fig.2(a)では、リチャーズモデルの適合度が最も高く、次いでロジスティック、反転リチャーズ、ヒル、反転ヒル、ゴンベルツ、および反転ゴンベルツモデルの順であった。このような適合度の順位を781種の実測データそれぞれについて評価した。

7種のモデルのうち、リチャーズモデルは全データの半数に近い377の実測値について適合度が1位であった。最小値が0、最大値が1となるようにデータ毎に標準化したAICの、モデル別の平均値、各モデルの適合度の順位、および順位の頻度をTable 4に示す。反転リチャーズモデルも適合度1位の割合が多く、リチャーズモデルとあわせて全体の93%を占めた。リチャーズモデルとその反転モデルの標準化AICの平均値は、それぞれ0.10および0.08であるのに対して、これらの次に適合度が高かったロジスティックモデルでは0.37であり、リチャーズモデルとその反転モデルが他のモデルより顕著に優れていた。また、ロジスティックモデル、ヒルモデル、またはゴンベルツモデルが最も適していた場合でも、リチャーズモデルとその反転モデルとのAICの差はわずかであり、RSSの値ではむしろリチャーズモデル等の方が優れている場合が大半であった。

一般に、パラメータの数が増えるほど、実験値に対する理論曲線の適合はよくなる。そのためAICの値は、モデル関数におけるパラメータが多くなるほど不利となるように定義されている。すなわち、リチャーズモデルおよびその反転モデルは、他のモデルよりパラメータが一つ多いが、AICによる比較においてもこれらは他のモデルに比べて適合度が高い。このことは、これらのモデルに含まれる、形状を表すパラメータ d の寄与が大きいことを示すと考えられる。リチャーズモデルと反転リチャーズモデルの適合度は同程度に高く、同じサーモグラムを両モデルで解析した

*成長曲線そのものに対応する、発熱総量の経時変化 $q(t)$ を用いて解析することも可能であるが、この場合、測定されるシグナル $g(t)$ がきわめて小さくなる反応後期の領域に統計的な重みがかかるという不合理が生じるため、ここでは $g(t)$ に概ね比例する量である $q'(t)$ を用いて解析した。

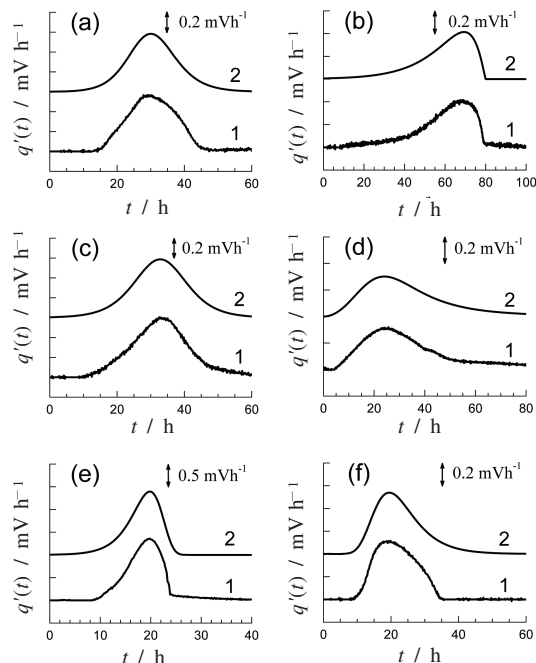


Fig.2 Typical microbial-calorimetric data and simulated curves drawn with the respective best-fit models. (a)-1~(f)-1: Experimental data; and (a)-2~(f)-2: simulated curves. Process of food putrefaction: (a) pork without NaCl, (b) bean curd refuse with 1.7% NaCl, (e) asari clam with 0.06% NaCl, (f) bean curd refuse with 0.058% NaCl. Process of carbon source assimilation by soil microbes: (c) ribose was added to orchard soil without NaCl, and (d) glucose was added to forest soil with 3.0% NaCl. Best-fit models were (a) Richards, (b) reversed Richards, (c) Logistic, (d) Hill, (e) reversed Gompertz and (f) Gompertz model, respectively.

場合の d の値は概ね反比例の関係にあった。すなわち、すべてのサーモグラムそれぞれについて、リチャーズモデルと反転リチャーズモデルで評価した d の値を d_R および d_{rR} として両者の積を求めると、 $d_R d_{rR} = 3.7 \pm 0.1$ (平均値と標準偏差)であり、両モデルはこの値を介して実質的に同等であった。したがって微生物熱測定データから成長曲線モデルを用いてパラメータを正確に求めたい場合、単純にリチャーズモデルを用いればよいと考えられる。

ゴンベルツモデルとヒルモデル、およびそれらの反転モデルは、モデル自体が t_p と $t_{1/2}$ の大小関係などの形状を規定しているために、様々な形状をとる実測値に対して適合度の分布のばらつきが大きく、平均すると成績が悪かったと考えられる。他方、ロジスティックモデルは適合度がきわ

Table 3 Values of the microbial calorimetric parameters evaluated from the best-fit growth models.

Curves in Fig.2	Best-fit model	Q / mV	t_p / h	$t_{1/2}$ / h	V_{max} / mV h ⁻¹	μ_{max} / h ⁻¹	B / h ⁻¹	d	n
a	Richards	10.7 ± 0.1*	30.0 ± 0.1*	30.5	0.584	0.0545	0.201 ± 0.004*	1.75 ± 0.05*	
b	reversed Richards	11.8 ± 0.1	69.3 ± 0.1	62.1	0.414	0.0351	0.072 ± 0.001	0.54 ± 0.01	
c	Logistic	6.10 ± 0.02	32.8 ± 0.03	32.8 ± 0.03*	0.293	0.0481	0.192 ± 0.001		
d	Hill	10.7 ± 0.04	24.1	30.2 ± 0.1	0.301	0.0281			3.03 ± 0.01*
e	reversed Gompertz	11.2 ± 0.1	19.8 ± 0.02	18.7	1.39	0.124	0.338 ± 0.003		
f	Gompertz	8.70 ± 0.10	19.5 ± 0.1	21.7	0.539	0.0620	0.168 ± 0.002		

* Values after ± are estimated standard errors evaluated from the fit.

Table 4 Mean values of the rank of fitness of the growth models to the 781 experimental data.

Model	Mean value of normalized AIC	Mean of rank	Number of curves						
			Rank 1	Rank 2	Rank 3	Rank 4	Rank 5	Rank 6	Rank 7
Richards	0.10 ± 0.14*	1.92 ± 1.02*	377	153	190	61	0	0	0
reversed Richards	0.08 ± 0.10	1.94 ± 1.02	348	220	126	87	0	0	0
Logistic	0.37 ± 0.23	4.32 ± 1.01	1	60	128	94	497	1	0
Hill	0.42 ± 0.28	4.37 ± 1.66	33	113	112	125	78	315	5
reversed Hill	0.56 ± 0.33	4.84 ± 1.51	0	58	91	221	84	203	124
reversed Gompertz	0.63 ± 0.36	5.17 ± 1.87	14	100	82	63	63	202	257
Gompertz	0.68 ± 0.38	5.45 ± 1.84	8	77	52	130	59	59	396

* Values after ± are standard deviations.

めて良いものも悪いものも少なく、平均するとリチャーズモデルとその反転モデルに次ぐ成績を得た。これは発熱速度の経時変化 $q'(t)$ の実測値の多くが、粗視的にはピークを中心に対称形であることによるものと考えられる。

3.2 シミュレーションへの応用

熱測定による微生物活性の測定の利点の一つは、上記の成長曲線モデルに基づいて求めたパラメータを用いて、特定の条件における微生物活性を予測し得ることである。²⁾食品や土壤に、塩化ナトリウムなどの微生物活性抑制物質を加えると、その濃度の増大に伴って、 $t_{1/2}$ 、 t_p 、および μ_{max} が系統的に変化する。その依存性から、殺菌的モデルからは最小生育阻止濃度MICが、また、静菌的モデルからは代謝活性を50%抑制する濃度 K_i など、抑制効果の特徴付けるパラメータを評価できる。^{1-4), 18-22)}これらの値を用いると、特定の抑制物質濃度における腐敗の程度の経時変化などの予測やシミュレーションをすることができる。²⁾ゴンベルツモデルとロジスティックモデル、それらの反転モデルには、 t_p など抑制物質濃度に系統的に依存するパラメータのみが含まれ、これらのモデルを用いた場合、各パラメータの評価からシミュレーションまでを一貫して行うことができる。

他方、リチャーズモデルには形状を表すパラメータ d が、またヒルモデルには協同性の指数 n が含まれる。したがって、リチャーズモデルやヒルモデルに基づいてシミュレ

ーションを行うには、 d や n が抑制物質濃度に依存しないか、または系統的に依存する性質を持つ必要がある。

この点について検討した例として、塩化ナトリウム共存系でのアサリおよびおからの腐敗過程³⁾をリチャーズモデルおよびヒルモデルで解析し、 d と n の値の塩化ナトリウム濃度依存性を求めた結果をFig.3に示す。 d や n の値は、塩化ナトリウム濃度に対して、一意的に解釈可能な系統的依存性を示さず、したがってリチャーズモデルやヒルモデルによるシミュレーションは困難であることがわかった。

以上のことから、各種パラメータの決定からシミュレーションまでを一つのモデルを用いて簡便に行いたい場合には、ロジスティックモデルが適していると考えられる。

4. 結語

微生物熱測定データの解析では、発熱の初期段階のみを用いる方法もある^{3,20,21)}が、本研究では発熱の開始から終了までを一つの関数で表現するいくつかの成長曲線を対象として、それらの一般的な適合性を検討した。発熱過程の形状をモデル自身が規定するゴンベルツモデルやヒルモデル、それらの「反転」モデルのいずれも適合度が低い一方で、単純な形状のロジスティックモデルが比較的良好な適合度を示すことは、発熱過程 $q(t)$ が粗視的にはシグモイダルであるが、測定対象とする試料と条件によってさまざまな形状

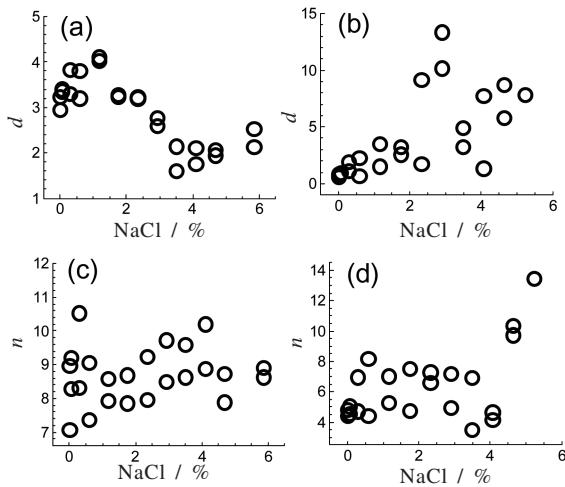


Fig.3 Dependence of the shape parameter d of the Richards model and of the cooperativity parameter n of the Hill model on the sodium chloride concentration as a stressor of microbial activity. (a) and (c) : Asari clam putrefactive curves at 25 °C and (b) and (d) : bean curd refuse putrefactive curves at 30 °C.

をとることを示している。今回対象としたモデルで最もよい結果を得たりチャーズモデルに含まれるパラメータ d の解釈や、これを含めたシミュレーションを行うには、微生物相の解析を含めた新規モデルの開発が必要と考えられる。

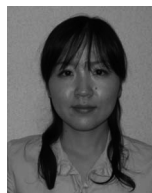
文献

- 1) 坂宮章世, 田中晶善, 熱測定 **36**, 31 (2009).
- 2) 田中晶善, 坂宮章世, FFI ジャーナル **214**, 28 (2009).
- 3) 田中晶善, 坂宮智樹, 栗冠真紀子, 三宅英雄, 深田はるみ, 妹尾啓史, 栗冠和郎, 高橋克忠, 日本海水学会誌 **60**, 132 (2006).
- 4) 坂宮章世, 近藤沙紀, 三宅英雄, 妹尾啓史, 田中晶善, 熱測定 **35**, 134 (2008).
- 5) 高橋克忠, 防菌防黴 **24**, 313 (1996).
- 6) 高橋克忠, 食品工業 **43**, 1 (2000).
- 7) 高橋克忠, 熱測定 **18**, 9 (1991).
- 8) 高橋克忠, 非破壊検査 **48**, 202 (1999).
- 9) K. Koga, Y. Nishizawa, Y. Matsumoto, T. Hara, and K. Takahashi, *Bicontrol. Sci.* **9**, 21 (2004).
- 10) 古賀邦正, 熱測定 **31**, 117 (2004).
- 11) C. P. Winsor, *Proc. Natl. Acad. Sci* **18**, 1 (1932).
- 12) H. Fujikawa and Y. Kano, *Biocontrol Sci.* **14**, 83 (2009).
- 13) S. Ono, K. Hiromi, and K. Takahashi, *J. Biochem.* **57**, 799 (1965).

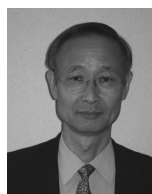
- 14) K. Takahashi, *Thermochim. Acta* **163**, 71 (1990).
- 15) K. Takahashi, *Tokai J. Exp. Clin. Med.* **15**, 387 (1990).
- 16) A. O. Antoce, L. D. Dinu, K. Takahashi, *Roum. Biotechnol. Lett.* **6**, 43 (2001).
- 17) S. López, M. Prieto, J. Dijkstra, M. S. Dhanoa, J. France, *Int. J. Food Microbiol.* **96**, 289 (2004).
- 18) O. A. Antoce, N. Pomohaci, V. Antoce, H. Fukada, K. Takahashi, H. Kawasaki, N. Amano, and T. Amachi, *Biocontrol Sci.* **1**, 3 (1996).
- 19) A. Katarao, H. Okuno, K. Takahashi, *Agric. Biol. Chem.* **52**, 2279 (1988).
- 20) F. Okada, A. Kobayashi, N. Fujiwara, and K. Takahashi, *Biocontrol Sci.* **3**, 79 (1998).
- 21) O. A. Antoce, V. Antoce, N. Mori, S. Yasui, A. Kobayashi and K. Takahashi, *Netsu Sokutei* **25**, 2 (1998).
- 22) O. A. Antoce, V. Antoce, N. Pomohaci, I. Namolosanu, and K. Takahashi, *Biocontrol Sci.* **3**, 7 (1998).

要旨

食品の腐敗過程, および, 土壌微生物による炭素源の酸化過程を測定したサーモグラムを, ギンペルツ, ロジスティック, ヒルおよびリチャーズの各成長曲線モデルに基づいて解析し, 一般にどのモデルが微生物熱測定の結果の解析に適しているかを検討した。約800種のサーモグラムから発熱速度の経時変化を求め, それらに対する各モデルの適合度を, 赤池情報量規準 (AIC) によって判定したところ, 発熱が半分終了する時間 $t_{1/2}$, 最大発熱速度定数 μ_{max} , および μ_{max} に達する時間 t_p など, 発熱過程を特徴付けるパラメータを正確に求めるにはリチャーズモデルを用いるのが適切と考えられた。このモデルに含まれる, 形状を表すパラメータ d が, これらの値を正確に評価することに寄与しているものと考えられた。



坂宮 章世 Akiyo K. Sakamiya
三重大学生物資源学研究所, Graduate school of Bioresources, Mie University,
E-mail: akiyoks@bio.mie-u.ac.jp
分野: ミクロカロリーメトリーの微生物活性測定への応用



田中 晶善 Akiyoshi Tanaka
三重大学生物資源学研究所, Graduate school of Bioresources, Mie University,
E-mail: akiyoshi@bio.mie-u.ac.jp
分野: 熱測定のバイオ系への応用