

基于反向传播人工神经网络的酱牛肉中金黄色葡萄球菌的生长模型

范志文¹, 光翠娥^{*1}, 干建平²

(1. 食品科学与技术国家重点实验室, 江南大学, 江苏 无锡 214122; 2. 黄冈师范学院 经济林木种质改良与资源综合利用湖北省重点实验室/大别山特色资源开发湖北省协同创新中心, 湖北 黄冈 438000)

摘要: 探讨了反向传播神经网络模型预测酱牛肉中金黄色葡萄球菌生长情况的准确性。收集不同温度(15、25、36℃)和不同初始接菌量(10^2 、 10^3 、 10^4 CFU/mL)组合条件下金黄色葡萄球菌在酱牛肉中的生长数据, 借助 Python 和 Matlab 软件, 筛选出拟合效果最佳的网络结构, 构建起反向传播神经网络模型, 同时建立起修正的 Gompertz 模型作对比。通过平方根误差、偏差因子和准确因子分别检验两个模型的准确性。结果显示: 网络结构为 2-35-30 的模型拟合效果最佳, 反向传播神经网络模型与修正的 Gompertz 模型误差均在可接受范围内; 与修正的 Gompertz 模型相比, 反向传播神经网络误差更小, 能更加准确预测金黄色葡萄球菌在酱牛肉中的生长情况。

关键词: 人工神经网络; 金黄色葡萄球菌; 预测模型

中图分类号: TS 201.3 文章编号: 1673-1689(2020)07-0083-08 DOI: 10.3969/j.issn. 1673-1689.2020.07.012

Growth Model of *Staphylococcus aureus* in Sauced Beef Based on the Back Propagation Artificial Neural Network

FAN Zhiwen¹, GUNAG Cuie^{*1}, GAN Jianping²

(1. State Key Laboratory of Food Science and Technology, Jiangnan University, Wuxi 214222, China; 2. Hubei Key Laboratory of Economic Forest Germplasm Improvement and Resources Comprehensive Utilization/Hubei Collaborative Innovation Center for the Characteristic Resources Exploitation of Dabie Mountains, Huanggang Normal College, Huanggang 438000, China)

Abstract: This study investigated the accuracy of back propagation artificial neural network model for prediction of the growth of *Staphylococcus aureus* in sauced beef. The data of *Staphylococcus aureus* growing in sauced beef were collected at different temperatures (15, 25, 36 °C) with different initial inoculations (10^2 , 10^3 , 10^4 CFU/mL). With the softwares of Python and MATLAB, the network structure with the best fitting effect was screened out and the back propagation neural network model was constructed. At the same time, the modified Gompertz model was established for the comparison. The accuracy of the two models was tested using square root error, bias and accuracy factors. The results showed that the model with the network structure of 2-35-30 had the best fitting. The errors generated in the back propagation neural network model and the modified Gompertz

收稿日期: 2018-09-10

* 通信作者: 光翠娥(1976-), 女, 博士, 副教授, 硕士研究生导师, 主要从事食品营养与功能因子研究。E-mail: quang1226@hotmail.com

model were within an acceptable range. Compared with that of the modified Gompertz model, the error of back propagation neural network was smaller and it could be used to predict the growth of *Staphylococcus aureus* in sauced beef with higher accuracy.

Keywords: artificial neural network, *Staphylococcus aureus*, prediction model

酱牛肉是我国历史悠久的佳肴,因色泽鲜嫩、味道鲜美,营养价值高而深受人们喜爱。酱牛肉的制作大多采用传统手工制作,导致酱牛肉在生产、加工、运输、销售过程中极易被食源性病原菌污染,从而引发食品安全问题,给消费者的健康带来不可估量的安全隐患。金黄色葡萄球菌广泛存在于自然界中,是造成细菌性食物中毒的主要原因,极易造成食品污染^[1]。曹军等^[2]人对无锡市场的酱卤肉进行监测,1 186 件熟制品中有 61 件检出金黄色葡萄球菌,检出率高达 5.14%;许振伟等^[3]人对上海市场所监测的 396 份散装熟食肉制品进行金黄色葡萄球菌及肠毒素分析,样品中金黄色葡萄球菌阳性数 70 份检出率为 17.70%;2015 年在三门峡市监测的 60 份网店食品中,30 份自制熟肉中金黄色葡萄球菌 3 份,检出率为 10.00%^[4]。由此可见酱卤肉制品中金黄色葡萄球菌的污染比较严重。

预测微生物学是运用微生物学、数学、统计学及计算机学建立数学模型,用数学语言预测和描述食源性微生物在特定环境条件下的生长和死亡规律的学科^[5-6]。由 Whiting 等^[7]提出的基于变量类型的分类方法将预测微生物数学模型分为一级模型、二级模型和三级模型,其中一级模型描述了微生物数量与时间的函数关系。在众多初级模型中,Gompertz 方程能有效描述微生物生长,在腐败细菌生长动力学研究中被广泛使用^[8-11]。但由于模型中的参数是凭经验建立并无实际意义,使得模型在复杂的环境因子中很难确切地进行预测^[12-13]。

人工神经网络是模拟大脑神经网络的结构和功能,将多个处理单元相互连接,进行自组织、自适应、自学习,从而模拟人类的学习、认知、智能的过程^[14]。误差反向传播神经网络是一种单向传播的多层前馈网络,它采用典型的有教师学习方式来进行预测和分类问题的处理。一个训练好的反向传播神经网络,能够逼近任何自变量和因变量之间的函数

关系^[15]。不需要考虑自变量是否满足正态性及变量间独立等条件,可识别变量间复杂的非线性关系,尤其是用现有统计方法无法达到目的或效果不好时,采用此模型往往收到很好的效果^[16-17]。作者将预测微生物学应用到酱牛肉制品中,利用人工神经网络建立模型,揭示金黄色葡萄球菌的生长变化规律,为酱牛肉中的金黄色葡萄球菌控制提供依据,从而降低食源性疾病发生的可能性。

1 材料与方法

1.1 菌种与材料

金黄色葡萄球菌:(CMCC26003):北纳创联生物技术有限公司产品;酱牛肉:市售;Baird-Parker 平板、亚碲酸钾卵黄菌增液:上海谷研实业有限公司产品。

1.2 仪器与设备

CHP-80 培养箱:上海市三发科学仪器有限公司产品;DSX-280B 手提式压力蒸汽灭菌器:上海申安医疗器械厂产品;GZX-9070 MBE 电热鼓风干燥箱:上海博讯实业有限公司医疗设备厂产品;SF-CJ-1A 净化工作台:上海三发科学仪器有限公司产品。

1.3 实验方法

1.3.1 菌种的活化和酱牛肉的预处理 在无菌条件下将 4 ℃冷藏的冻干菌粉去除标签,用体积分数 75%乙醇擦拭管壁,将 0.3 mL 左右无菌水注入冻干管中,吹打,充分溶解成菌悬液。取 0.2 mL 菌悬液加入 50 mL 的灭菌营养肉汤在 36 ℃下培养 48 h,然后进行平板划线分离置于 36 ℃培养箱中培养,传代 2 次。

酱牛肉的预处理:将酱牛肉除去筋骨,分割成约 1 cm³ 的小块,置于培养皿中,每份 10 g,灭菌,用无菌封口膜密封培养皿贮藏待用。

1.3.2 不同温度下生长曲线的测定 挑取一环金黄色葡萄球菌菌落,浸入装有 10 mL 灭菌生理盐水

试管中振荡,制成浓度为 $10^7 \sim 10^8$ CFU/mL 的菌悬液。用生理盐水稀释菌悬液,制成染菌浓度分别为 10^2 、 10^3 、 10^4 CFU/mL 的菌悬液,取不同接种浓度的菌液 1 mL 匀喷洒在处理好的酱牛肉中,分别置于 15、25、36 °C 下培养。其中 36 °C 下 2 h 取样测量一次,25 °C 下 3 h 取样一次,15 °C 下 12 h 取样一次。每次 10 g 样品置于装有 90 mL 无菌生理盐水的锥形瓶中振荡,依次进行 10 倍稀释。选取 2 个稀释度适宜的样品,每次吸取 2 个 100 μ L 样品加入 Baird-Parker 平板中,用涂布棒涂布^[18]。倒置于 36 °C 培养箱中培养 24~48 h。

1.3.3 反向传播神经网络的建立 反向传播神经网络是一种基于在误差面上寻找最小误差原理设计的算法,它通过激活函数产生输出信号,据定义的损失函数计算真实值和预测值之间的误差来进行权值的修正^[19]。第一层为输入层,含有 3 个神经元,分别代表温度、接菌量及保存时间;第二层为隐含层,用于处理输入信息与输出结果的非线性关系;第三层为输出层,含有一个神经节点,代表输入层设定条件下的细菌量。

1) 训练集的选取 反向传播神经网络在使用前对它进行训练,根据训练数据调整神经网络中的权值矩阵,直到迭代一定的次数后停止学习。对于 1 个参数,至少要 10 个以上训练样本,训练集太小,无法被网络学习^[20]。本实验 3 个参数有 117 个样本满足要求。在输入前将样本随机打乱,并按照 8:8:1 的比例随机分配到训练、测试和验证集中。

2) 数据归一化 不同评价指标的量纲常处于不同的数量级,为消除特征数据之间的量纲影响,引入归一化。原始数据经归一化处理后,各指标处于同一数量级,范围在 0~1 内。计算如公式(1):

$$t' = \frac{(t - t_{\min})}{(t_{\max} - t_{\min})} \quad (1)$$

式中: t' 为归一化数值; t 为实际测定值; $t_{\min}$ 为实际测定中最小的一组数值; $t_{\max}$ 为实际测定中最大的一组数值。

3) 隐藏层个数和神经元节点数的确定 隐藏层结点数取决于输入、输出的非线性程度,节点数如过多会导致过拟合现象,降低模型的准确性。根据样本容量选择隐藏层数测试范围为 1~3,其中,隐藏层个数为 1 时,第一层神经元个数为 10~30,步长为 2,共 15 个网络模型;隐藏层为 2 时,第一层神经

元个数为 20~40,第二层神经元为 10~35,步长为 5,共 30 个网络模型;隐藏层为 3 时,第一层、第二层神经元个数分别为 20~35,第三层神经元为 10~25,步长为 5,共 64 个网络模型。比较验证集上均方误差(MSE)的大小来确定隐藏层个数和神经元节点数,每个网络结构进行 3 次平行测试,结果取平均值。

4) 模型参数的确定 利用 Python 软件建立反向传播神经网络。为防止反向更新时梯度消失,采用 Relu 为网络结构隐藏层的激活函数,归一化的结果在 0~1 之间,输出层的激活函数采用 Sigmoid,Dropout 概率为 0.5,学习率为 0.001,每一轮迭代次数为 1 500,每 5 个样本更新一次梯度。其中公式(2)为 Relu 函数,公式(3)为 Sigmoid 激活函数:

$$R(x) = \max(0, x) \quad (2)$$

$$s(x) = \frac{1}{(1 + e^{-x})} \quad (3)$$

式中: x 为神经元单元的输出值。

1.3.4 修正的 Gompertz 模型的建立 利用 Matlab 软件分析不同温度和初始接菌量下金黄色葡萄球菌在酱牛肉中的生长数据,建立生长模型。修正的 Gompertz 模型被广泛应用于拟合微生物量与时间之间的关系。修正的 Gompertz 模型^[21]如公式(4):

$$\lg(N_t) = \lg(N_0) + \lg\left(\frac{N_{\max}}{N_0}\right) \times \exp\left(\frac{e \times \mu_{\max}}{\lg\left(\frac{N_{\max}}{N_0}\right)} \times (t_{\log} - t + 1)\right) \quad (4)$$

式中: $\lg(N_t)$ 为 t 时刻细菌的对数值; $\lg(N_0)$ 为初始细菌的对数值; $\lg(N_{\max})$ 为稳定期时最大细菌数的对数值; $t_{\log}$ 为延滞期; $\mu_{\max}$ 为最大比生长速率。

1.3.5 模型的评估与验证 采用 MSE、平方根误差(RMSE)、偏差因子(B_f)和准确因子(A_f)来评价模型的可靠性。其中:

$$MSE = \frac{\sum_{i=1}^n (\text{obs} - \text{pre})^2}{N} \quad (5)$$

$$RMSE = \frac{\sum_{i=1}^n (\text{obs} - \text{pre})^2}{n} \quad (6)$$

$$B_f = 10^{\frac{\sum_{i=1}^n \lg\left(\frac{\text{pre}}{\text{obs}}\right)}{n}} \quad (7)$$

$$A_f = 10^{\frac{\sum_{i=1}^n \left| \lg\left(\frac{\text{pre}}{\text{obs}}\right) \right|}{n}} \quad (8)$$

式中:pre 为用模型拟合出的生长数据,即预测值;obs 为实际实验中所测的数据值,即实际值; n 为样本数量。

MSE 评价数据变化程度,值越小,说明模型拟合实验数据的能力强;RMSE 衡量预测准确度,说明模型预测值的离散程度; A_f 衡量预测值和实际值之间的接近程度, $A_f > 1$,越接近于 1 表示模型越准确; B_f 表示预测值和实际值之间的偏差, $B_f > 1$,说明预测值偏高, $B_f < 1$,说明预测值偏低。

2 结果与讨论

2.1 反向传播神经网络的建立

人工神经网络数据分为训练集、验证集和测试集,为获得最优的神经网络结构,需确定隐含层的层数和神经元节点数。依次将训练数据代入隐含层为 1~3、节点数为 10 到 35 的不同的隐藏层网络中,选择验证集上 MSE 最小时的节点数作为最优结构。隐藏层数 1、2、3 分别对应的 MSE 值为 0.012 0、0.002 6、0.002 9,由此可知当隐藏层数为 2 时,MSE 值最小,预测效果优于隐藏层数为 1 和 3 的模型,故确定该模型的隐藏层数为 2。从表 1 可看出,当第一层、第二层神经元节点分别为 35、30 时,MSE 值最小,模型预测效果最好。因此最终的反向传播神经网络模型结构为 2-35-30,网络模型结构见图 1。

表 1 不同神经元个数的 MSE 值

Table1 MSE value of different neurons

第一层神经元节点数	第二层神经元节点数	MSE
20	10	0.004 2
20	15	0.002 2
20	20	0.002 9
20	25	0.005 0
20	30	0.003 4
20	35	0.003 6
25	10	0.002 9
25	15	0.006 5
25	20	0.005 8
25	25	0.002 1
25	30	0.003 5
25	35	0.001 6
30	10	0.003 7
30	15	0.002 6
30	20	0.001 5
30	25	0.001 9

第一层神经元节点数	第二层神经元节点数	MSE
30	30	0.002 6
30	35	0.002 1
30	10	0.002 6
35	15	0.001 8
35	20	0.002 6
35	25	0.002 5
35	30	0.001 2
35	35	0.002 2
40	10	0.003 1
40	15	0.002 1
40	20	0.002 6
40	25	0.001 5
40	30	0.001 7
40	35	0.001 6

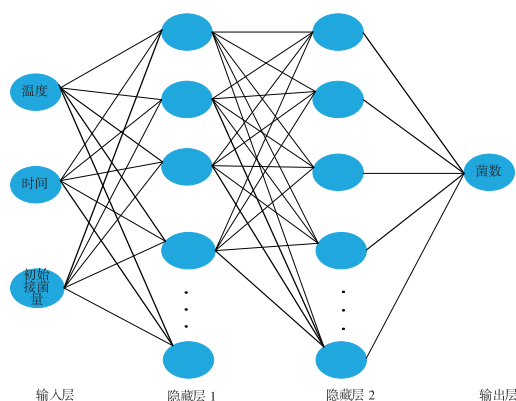


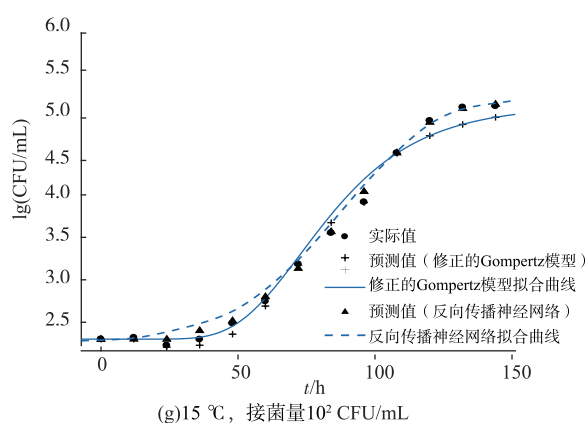
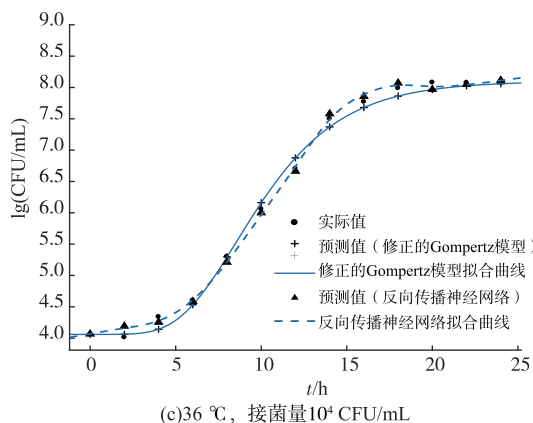
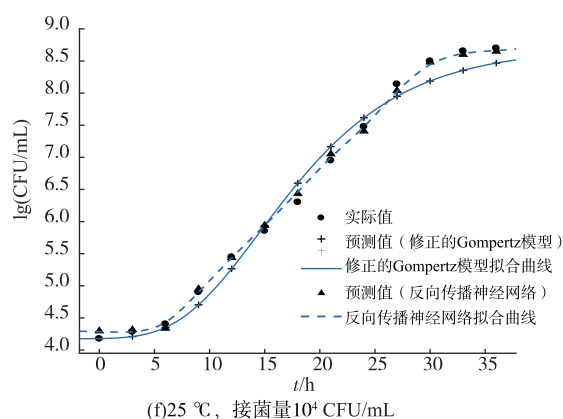
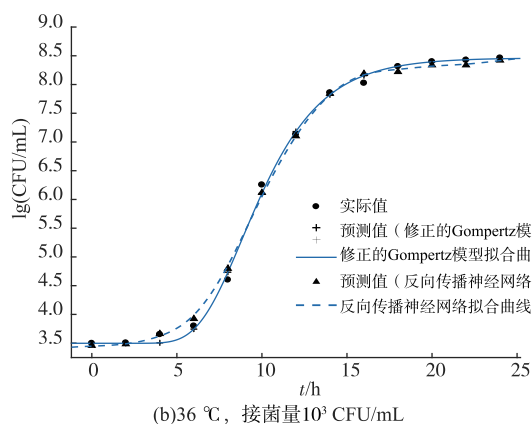
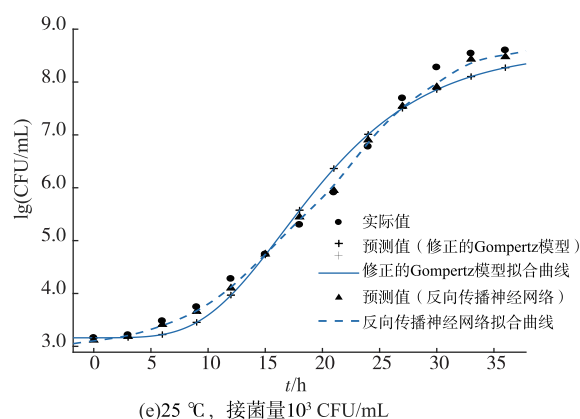
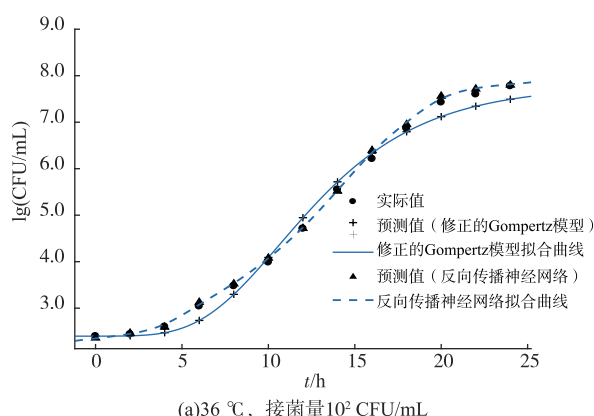
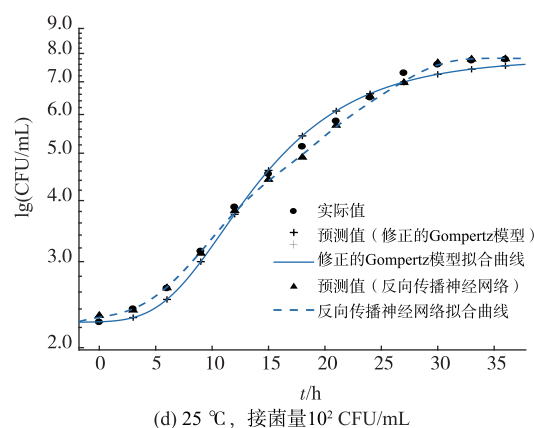
图 1 预测酱牛肉中金黄色葡萄球菌生长的人工神经网络结构图

Fig. 1 Artificial neural network structure for predicting the growth of *Staphylococcus aureus* in sauced beef

2.2 酱牛肉中金黄色葡萄球菌生长的修正 Gompertz 和人工神经网络模型拟合曲线

图 2 为不同温度(15、25、36℃)和初始菌数(10^2 、 10^3 、 10^4 CFU/mL) 组合条件下金黄色葡萄球菌在酱牛肉中生长的一级模型和人工神经网络模型拟合曲线。可以看出,随着培养时间的延长,金黄色葡萄球菌的浓度也随之增加,且遵循 S 形曲线,培养一定时间后金黄色葡萄球菌的生长都趋于稳定。以修正的 Gompertz 模型为基础,得到组合条件下酱牛肉中金黄色葡萄球菌的生长动力学参数最大比生长速率 $\mu_{\max}$ 和延滞期 t_{lag} ,如表 2 所示。而神经网络没有确定的函数表达式,无法得到 $\mu_{\max}$ 和 t_{lag} 的值,只能从图中直观表现出细菌的生长状态。从表 2 可以看

出,同一初始接菌量条件下,随着温度升高, $\mu_{\max}$ 逐渐增大,15℃(0.052 4、0.023 1、0.013 7 h⁻¹)<25℃(0.359 1、0.244 9、0.148 8 h⁻¹)<36℃(0.489 5、0.445 9、0.295 8 h⁻¹),而延滞期 t_{lag} 的大小随着温度上升呈现下降趋势,15℃(49.67、47.74、46.62 h)>25℃(8.589 4、7.511 0、7.293 0 h)>36℃(6.482 0、6.255 1、5.202 0 h)这说明温度越高金黄色葡萄球菌的生长速度越快,延滞期越短;同一温度条件下,最大生长速率和延滞期均随着初始接菌量浓度的增加而降低,但变动的幅度小于不同温度组合条件下的最大生长速率



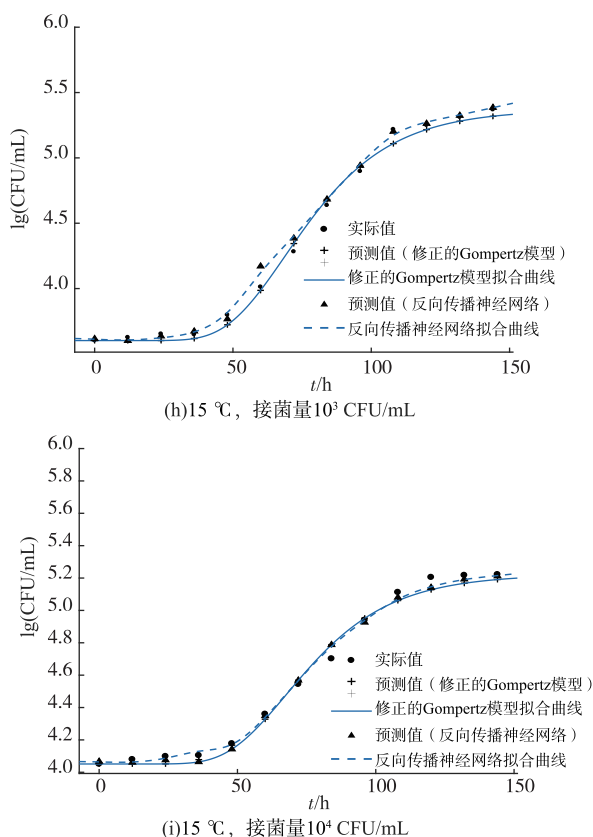


图2 不同温度和初始接菌量条件下金黄色葡萄球的生长
Fig. 2 Growth of *Staphylococcus aureus* under different temperatures and initial inoculation conditions

和延滞期的数值,这说明不同温度和初始接菌量浓度均影响了酱牛肉中的金黄色葡萄球菌的生长,但温度的影响更大。

2.3 模型评估

2.3.1 模型评估 在利用训练数据建模的过程中,

传统模型和人工神经网络模型都获得较好的拟合度, RMSE、 A_f 及 B_f 均在理想范围。与人工神经网络模型相比,传统模型偏差较大,由表3可以看出,反向传播神经网络模型的 RMSE 值均比传统模型的 RMSE 值小,这些在 A_f 及 B_f 上也表现出来,反向传播神经网络模型与修正的 Gompertz 模型的 A_f 均大于 1 且反向传播神经网络模型的 A_f 相比更接近 1,说明前者预测的更接近实际值;从得到的 B_f 值看出,反向传播神经网络模型与修正的 Gompertz 模型的预测值均在真实值附近上下波动,由修正的 Gompertz 模型得到的预测值比实际值偏小,由反向传播神经网络模型得到的预测值偏差更小,说明该模型的预测效果较修正的 Gompertz 模型更好。

2.3.2 模型验证 结合在 22、29 °C 条件下获得的实验数据,对建立的反向传播神经网络模型进一步验证其准确性,结果如表4所示。从表中可以看出,验证值与预测值的误差均在可接受范围,说明建立的反向传播神经网络模型可预测金黄色葡萄球菌在酱牛肉中的生长。

3 结 语

作者建立的预测模型适合预测多种环境条件下金黄色葡萄球菌在酱牛肉中的生长情况。在预测准确性方面,反向传播神经网络优于修正的 Gompertz 模型。这是因为修正的 Gompertz 模型是经验模型,通常需要进行校准避免误差的不确定性,当影响金黄色葡萄球菌的生长因素增多时,传统模

表2 修正的 Gompertz 模型拟合得到的金黄色葡萄球菌生长参数

Table 2 Growth parameters of *Staphylococcus aureus* obtained by modified Gompertz model

温度/°C	初始接菌量/ (CFU/mL)	$\lg N_0$	$\lg(N_{\max}/N_0)$	$\mu_{\max}/h^{-1}$	$t_{\lg}/h$
36	10^2	2.397 9	5.380 3	0.489 5	6.482 0
	10^3	3.497 6	4.965 1	0.445 9	6.255 1
	10^4	4.058 8	4.041 6	0.295 8	5.202 0
25	10^2	2.255 3	5.523 1	0.359 1	8.589 4
	10^3	3.161 4	5.440 7	0.244 9	7.511 0
	10^4	4.176 1	4.522 9	0.148 8	7.293 0
15	10^2	2.301 0	2.744 3	0.052 4	49.67
	10^3	3.602 1	1.767 1	0.023 1	47.74
	10^4	4.051 2	1.170 9	0.013 7	46.62

表 3 修正的 Gompertz 模型与反向传播神经网络比较与评价

Table 3 Comparison and assessment of modified Gompertz model with back propagation neural network

模型	温度/℃	初始接菌量/ (CFU/mL)	R^2	$\lg(N_{\max}/N_0)$	A_f	B_f
修正的 Gompertz	36	10^2	0.990 4	0.213 1	1.475 9	0.844 6
		10^3	0.998 5	0.227 5	1.138 4	0.983 6
		10^4	0.995 7	0.237 7	1.226 4	0.914 0
	25	10^2	0.975 5	0.325 2	1.540 7	0.847 0
		10^3	0.965 8	0.379 3	1.580 1	0.818 9
		10^4	0.984 2	0.222 2	1.348 2	0.842 4
	15	10^2	0.973 3	0.165 4	1.218 8	0.856 6
		10^3	0.994 5	0.046 3	1.108 2	0.950 2
		10^4	0.990 4	0.042 3	1.087 9	0.974 5
反向传播神经网络	36	10^2	0.998 2	0.012 0	1.166 2	1.133 3
		10^3	0.997 8	0.013 8	1.197 6	0.995 0
		10^4	0.997 5	0.014 4	1.167 6	1.002 9
	25	10^2	0.997 3	0.020 1	1.226 7	0.891 2
		10^3	0.996 9	0.303 1	1.296 6	0.860 9
		10^4	0.996 3	0.038 9	1.168 9	1.028 7
	15	10^2	0.996 4	0.039 1	1.083 4	1.024 7
		10^3	0.993 2	0.040 1	1.096 7	1.061 5
		10^4	0.992 4	0.048 2	1.072 7	0.974 5

表 4 反向传播神经网络模型验证的拟合度指标

Table 4 Goodness of fit of verified back propagation neural network models

温度/℃	R^2	RMSE	A_f	B_f
22	0.989 4	0.235 8	1.107 8	0.920 1
29	0.995 9	0.157 0	1.365 7	1.048 9

型会变得复杂,准确率也会降低,因此很难准确地反映环境因素对生长预测的影响。虽然反向传播神经网络模型无法给出最大比生长速率和延滞期,但该模型在存在不确定数据和测量误差的情况下,会比经验模型产生更准确地预测。在通用性方面,修正的 Gompertz 模型局限性很大,多个影响因素需要

多次建模,而反向传播神经网络只需要在模型的输入值中添加所研究的影响因素即可实现预测,大大提高了模型的适用性。由于酱牛肉的生产、运输、销售过程中温度并非一成不变,在以后的研究中可以考虑在波动温度条件下运用人工神经网络模型来实现更加精确的预测。

参考文献:

- [1] 徐晓可, 吴清平, 张菊梅, 等. 食品中金黄色葡萄球菌多重 PCR 检测方法的研究 [J]. 食品与生物技术学报, 2011, 30(1): 84-89.
- [2] 曹军, 俞彩娥, 朱静霞. 酱卤肉类熟制品中金黄色葡萄球菌污染状况分析[J]. 中国卫生监督杂志, 2009, 16(1): 60-63.
- [3] 许振伟, 韩奕奕, 孟瑾, 等. 熟食肉制品中金黄色葡萄球菌风险评估基础研究[J]. 包装与食品机械, 2012, 30(5): 40-43.
- [4] 杨洁, 张帅清, 刘栋楠, 等. 2015 年三门峡市食品致病菌监测结果分析[J]. 实用预防医学, 2017, 1(24): 787-789.
- [5] 李秋鹏. 食品预测微生物学三级模型的研究进展[J]. 农产品加工(学刊), 2013, 17(9): 54-56.

- [6] RODRIGUEZ F P, DIAZ A V. Predictive Microbiology in Foods[M]. Berlin: Springer, 2013.
- [7] WHITING R C, BUCHANAN R L. Predictive food microbiology[J]. **Trends in Food Science and Technology**, 1994, 4(1): 6-11.
- [8] CHOWDHURY B R, CHAKRABORTY R, CHAUDHURI U R. Validity of modified Gompertz and Logistic models in predicting cell growth of *Pediococcus acidilactici* H during the production of bacteriocin pediocin AcH[J]. **Journal of Food Engineering**, 2007, 80(4): 1171-1175.
- [9] KEERATIPIBUL S, PHEWPAN A, LURSINSAP C. Prediction of coliforms and *Escherichia coli* on tomato fruits and lettuce leaves after sanitizing by using artificial neural networks[J]. **LWT Food Science and Technology**, 2011, 44: 130-138.
- [10] SLOGO A P, ROSENTHAL A, CAMARGO L M Q. Modeling the growth of lactic acid bacteria in sliced ham processed by high hydrostatic pressure[J]. **Food Science and Technology**, 2009, 42(1): 303-306.
- [11] KODOGIANNIS V S, PACHIDIS T, KONTOGIANNI E, et al. An intelligent based decision support system for the detection of meat spoilage[J]. **Engineering Applications of Artificial Intelligence**, 2014, 34: 23-36.
- [12] BALSAC E, ALONSOLONSO A A, BANAGA J R. An iterative identification procedure for dynamic modeling of biochemical networks[J]. **BioMed Central**, 2010, 4(1): 33-46.
- [13] LOGIST F, HOUSKA B, DIEHL M, et al. Robust multi-objective optimal control of uncertain chemical processes[J]. **Chemical Engineering Science**, 2011, 66(20): 4670-4682.
- [14] ORAWAN C, PANWADEE S, BANDIT S. Application of artificial neural networks on growth prediction of *Staphylococcus aureus* in milk[J]. **International Food Research Journal**, 2016, 23(1): 415-418.
- [15] HAJMEER M, BASHEER I, CLIVER D O. Survival curves of *Listeria monocytogenes* in chorizos modeled with artificial neural networks[J]. **Food Microbiology**, 2006, 23(6): 561-570.
- [16] JEANNE MARIE MEMBRÉ, LAMBERT R J W. Application of predictive modelling techniques in industry: from food design up to risk assessment[J]. **International Journal of Food Microbiology**, 2008, 128(1): 10-15.
- [17] Liu H L, Yang F C, Lin H Y. Artificial neural network to predict the growth of the indigenous *Acidithiobacillus thiooxidans* [J]. **Chemical Engineering Journal**, 2008, 137(2): 231-237.
- [18] 中华人民共和国国家食品药品监督管理总局. 食品安全国家标准, 食品微生物学检验金黄色葡萄球菌检验: GB4789.10-2016[S]. 北京: 中国标准出版社, 2016.
- [19] ARGYRI A A, PANAGOU E Z, TARANTILIS P A, et al. Rapid qualitative and quantitative detection of beef fillets spoilage based on fourier transform infrared spectroscopy data and artificial neural network[J]. **Sens Actuators B**, 2010, 145: 146-154.
- [20] 李丽霞, 王彤, 范逢曦. BP 神经网络设计探讨[J]. **现代预防医学**, 2005, 32(2): 128-130.
- [21] ZWIETERING M H, JONGENBURGER I, ROMBOUTS F M, et al. Modeling of the bacterial growth curve[J]. **Applied and Environmental Microbiology**, 1990, 56(6): 1875-1881.