



냉장돈육 가공과정 온도와 시간에서의 Wild-type *Salmonella* spp.의 성장특성 및 예측모델

송주연 · 김용수¹ · 홍종해² · 박경진*

군산대학교 식품영양학과, ¹한국보건산업진흥원 품질향상팀, ²강원대학교 수의학과

Growth and Predictive Model of Wild-type *Salmonella* spp. on Temperature and Time during Cut and Packaging Processing in Cold Pork Meats

Ju Yeon Song, Yong Soo Kim¹, Chong Hae Hong², and Gyung Jin Bahk*

Department of Food and Nutrition, Kunsan National University, Gunsan, Jeonbuk 573-701, Korea

¹Quality Improvement Team, Korea Health Industry Development Institute, Cheongwon, Chungbuk 363-700, Korea

²Department of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, School of Veterinary Medicine, Kangwon National University, Chunchon, Kangwon 200-701, Korea

(Received August 23, 2012/Revised October 17, 2012/Accepted January 20, 2013)

ABSTRACT - This study presents the influence on growth properties determined using a novel predictive growth model of wild-type *Salmonella* spp. KSC 101 by variations in the temperature and time during cut packaging in cold, uncooked pork meat. The experiment performed for model development included an arrangement of different temperatures (0°C, 5°C, 10°C, 15°C, and 20°C) and time durations (0, 1, 2, and 3 hours) that reflect actual pork-cut and packaging processes. No growth was observed at 0°C and 5°C, whereas some growth was observed at 10°C, 15°C, and 20°C, with a mean increase of only 0.34 log CFU/g. The growth observed at 20°C was more robust than that observed at 15°C, but the difference was not statistically significant ($p > 0.05$). However, compared with PMP (Pathogen Modeling Program), the wild-type *Salmonella* spp. KSC 101 showed a more rapid growth. We used the Gompertz 4 parameter equation as the primary model, and the exponential decay formula as the secondary model. The estimated R^2 values were 0.99 or higher. The developed model was evaluated by comparison of the experimental and predictive values, and the values were in agreement with the ± 0.5 log CFU/g, although the RMSE (Root mean square error) value was 0.103, which indicates a slight overestimation. Therefore, we suggest that the developed predictive growth model would be useful as a tool for evaluating sanitation criteria in pork cut-packaging processes.

Key words: predictive growth model, wild-type *Salmonella* spp., cold pork meat

살모넬라는 오래 전부터 축산물로 인한 식중독의 대표적인 병원성미생물이며^{1,2)}, 국내에서도 축산물의 안전성을 위협하는 중요한 미생물학적 위해요인으로 보고되고 있다³⁾. 최근 이러한 병원성미생물에 대한 관리를 강화하여 식품의 안전성을 확보하기 위하여 국내 축산물 생산공정에 HACCP을 확대 적용하고⁴⁾ 있으나, 오염된 미생물을 살균 처리하는 공정이 없는 포장육 생산공정과 같은 단순가공 공정에서의 병원성미생물 관리는 여전히 어려운 실정이다.

이와 같은 문제점을 해결하고, 식품의 안전성 확보를 위한 기술로써 생산가공 환경조건에서 주요 병원성미생물의 성장과 생존, 사멸 등을 수학적 방법으로 연구하는 예측미생물학(Predictive microbiology)관련 연구가 활발하며⁵⁾, 그 중요성이 크게 대두되고 있다⁶⁾. 예측미생물학은 식품의 원재료에서 제조, 유통, 보관, 판매, 소비까지의 전 과정에서 병원성 및 부패미생물의 변화를 정량적으로 해석하여, 성장, 생존과 사멸을 예측함으로써 현장에서 이들 오염 미생물을 효과적으로 제어하는데 그 목적이 있다⁷⁾. 따라서 예측미생물학은 식품에서의 병원성 미생물의 성장과 사멸에 영향을 미치는 pH, Aw, NaCl 함량 등과 같은 내부적인 요인과 온도, 시간, 포장상태 등의 외부적인 요인을 고려하여, 이들 요인간의 조합과 상관성 규명에 수학적

*Correspondence to: Gyung Jin Bahk, Department of Food and Nutrition, Kunsan National University 1170-Daehakro, Gunsan, Jeonbuk 573-701, Korea
Tel: 82-63-469-4640, Fax: 82-63-466-2085
E-mail: bahk@kunsan.ac.kr

모델을 이용하는 것이다. 2000년대 이후 예측미생물학 연구는 이론적, 응용적인 측면에서 급성장하였고, 식품 내 병원성미생물의 성장과 사멸을 예측하는 수학적 모델을 도입한 컴퓨터 프로그램도 이미 실용화되고 있으며⁸⁾, 자료 확보 및 모델개발에 대한 국제적인 협조와 공유를 위하여 ComBase라는 대형 데이터베이스 시스템이 운영되고 있다^{9,10)}. 반면 환경 내 존재하는 여러 요인에 대한 다양성과 변이성을 설명할 수 있는 확률적 통계 모델의 활용과 미생물 자체의 생리적 특성을 충분히 반영하기에는 여전히 미흡한 상태이다^{6,11)}. 그러나 이러한 제한점에도 불구하고 축산식품 등 식품업계의 위생관리 강화 등 현장에서의 활용은 점차 확대 될 것으로 예상된다.

과거 예측미생물 모델개발의 실험연구가 미생물 성장의 최적조건에서 대부분 수행되었지만 최근에는 대상식품을 작업조건과 유사한 조건으로 하여 예측모델이 개발되고 있으며¹²⁾, 국내에서도 주요 식품군에 대한 예측미생물관련 모델 개발 연구가 수행되었다^{13,14,15,16)}. 그러나 축산물을 대상으로 하는 살모넬라 예측모델 개발 연구도 많이 이루어져 왔지만¹⁷⁾, 원료인 돈육 자체를 대상으로 한 현장중심의 살모넬라 성장예측모델은 찾아보기 어려우며, 특히 포장돈육공정에서 분리한 야생균주(wild-type)를 이용한 것과 공정시간에 맞추어 단시간에서의 성장특성을 연구한 사례는 아직 없는 것으로 파악되었다.

따라서 본 연구에서는 멸균처리공정이 없는 돈육 가공공정을 대상으로 작업장에서 직접 분리한 야생균주인 *Salmonella* spp. KSC101를 작업장의 온도와 시간을 주요 변수로 하여, 이들 현장에서의 *Salmonella* spp. KSC101의 성장 특성을 파악하고, 이를 수학적으로 예측할 수 있는 모델을 개발하고자 하였다.

재료 및 방법

시험균주

성장실험에 사용된 균주는 포장돈육 가공작업장 (강원도 소재)에서 직접 분리, 동정한 wild-type의 *Salmonella* spp.를 사용하였다. 분리균주는 GNI card를 사용하여 Vitek (Vitek Jr. System, bioMerieux Vitek, Inc., Hazelwood, USA)으로 판정한 결과 citrate는 양성이고, sorbitol은 분해하였으나 sucrose는 분해하지 않았으며, lysine과 ornithine decarboxylase는 양성으로, 대조균으로 사용한 *S. typhimurium* ATCC 14028과 일치했으나, arginine은 음성으로 차이를 보여 *Salmonella* spp.로 동정되었고, *Salmonella* spp. KSC101로 명명하였다. 분리된 균주는 10% glycerol을 첨가한 tryptic soy broth (TSB: Difco, Detroit, MI, USA)에 넣어 -70°C의 급속냉동고(VWR 4503C, VWR Co., USA)에 동결 보존하여 사용하였다.

시험균액의 제조

동결 보존된 분리균주를 냉장온도에서 녹인 후 TSB에 접종하여 25°C에서 24시간 동안 전배양하고 tryptic soy agar (TSA: Difco, Detroit, MI, USA)에 도말하여 24시간 배양하였다. 평판상에 성장한 균을 백금이로 멸균생리식염수에 현탁하여 4°C에서 10,000 × g로 5분 동안 원심분리하여 cell pellet를 얻고 이를 salt peptone (0.85% NaCl, 0.05% Bacto peptone)으로 2회 세척한 후 0.1% peptone water 3 l에 용해시켜 활성배양액을 제조하였다. Colorimeter (DR100 Colorimeter, HACH Co., USA)를 이용하여 제조된 배양액의 균수를 $5.0 \times 10^7 \sim 1.0 \times 10^8$ cfu/m로 조절하였다. 이 배양액을 1.0×10^4 cfu/m로 희석하여 시험균액으로 하였다.

시료 돈육 및 실험 설계

돈육은 일반 마트에서 냉장육 상태로 두께 0.5 cm, 가로, 세로 각각 5 cm의 크기로 구입하여, 표면온도는 냉장돈육 가공공정에서의 동일한 온도를 유지하기 위하여 5°C의 냉장상태로 보관 한 후 사용하였다. 냉장돈육 가공공정에서 오염된 *salmonella*가 5°C 냉장 보관된 돈육에서 어느 정도 증식하는지를 알아보기 위하여 영향요인으로 설정된 온도는 작업장 실내온도인 10°C ~ 20°C를 고려하여¹⁸⁾ 0°C, 5°C, 10°C, 15°C, 20°C로 하였고, 시간 역시 작업시간을 고려하여¹⁸⁾ 0, 1, 2, 3시간으로 하였다. 이들 요인에는 factorial design (5 × 4 × 3 × 2)을 적용하였고, 실험은 3회 이상 반복하였으며, duplicate로 실시하였다.

접종 및 균수 측정

접종은 냉장보관된 돈육을 1 l의 시험균액에 침지하여 100 rpm으로 30분 동안 shaking하면서 돈육에 시험균을 접종하였으며, 이 후 표면에 견고하게 접종되지 않은 균을 제거하기 위하여 멸균 증류수를 이용하여 1회 세척하고 clean bench에서 건조시킨 후 조건별로 배양하였다. 이때 일부 돈육은 배양시키지 않고 바로 시험하였으며 이를 계수하여 초기균수로 이용하였다. 각 조건별로 배양한 돈육을 멸균백에 넣고 0.1% BPW (Bacto peptone water)로 10배 희석하여 stomacher를 사용하여 균질화 하였다. 각각의 시료로부터 균질화된 용액 100 μl를 취하여 xylose lysine deoxycholate (XLD) agar (Difco, Becton Dickinson and Company Sparks, USA) 표면에 easySpiral® Plater (Inter-science, Co., 30, ch. du bois des arpent 78860 Saint Nom France)를 이용하여 plating한 후 35°C에서 24시간 배양한 후 균수를 산출하였다. 산출된 모든 data는 SAS (ver 8.1, Statistical Analysis System, Cary, NC, USA) GLM 분석에 의하여 통계적인 유의성을 검증하였다($p < 0.05$).

성장곡선의 fitting과 parameter 산정 및 모델 검증

접종 실험 결과(Table 1, Fig. 1)를 바탕으로 curve fitting

Table 1. The growth of wild-type *Salmonella* spp. KSC101 on cold pork exposed at 0°C, 5°C, 10°C, 15°C, and 20°C

Time (hr)	Population (mean ± SD, log CFU/g)*				
	0°C	5°C	10°C	15°C	20°C
0	3.34 ± 0.04 ^A	3.34 ± 0.04 ^A	3.34 ± 0.04 ^A	3.34 ± 0.04 ^A	3.34 ± 0.04 ^A
1	3.23 ± 0.10 ^A	3.24 ± 0.40 ^A	3.25 ± 0.52 ^A	3.25 ± 0.09 ^A	3.26 ± 0.10 ^A
2	3.23 ± 0.07 ^A	3.24 ± 0.09 ^A	3.29 ± 0.13 ^A	3.44 ± 0.27 ^B	3.47 ± 0.06 ^B
3	3.22 ± 0.12 ^A	3.27 ± 0.15 ^A	3.45 ± 0.10 ^B	3.64 ± 0.11 ^C	3.68 ± 0.08 ^C

*Different letters for values in same column indicate statistically significant differences ($p < 0.05$).

은 SigmaPlot (Ver 10.0, Systat Software, San Jose, CA, USA) Dynamic fitting 프로그램 중 Sigmoidal non-linear regression에서 다음의 식(1)과 같이 Gompertz 4 parameter 식을 이용하여 각각의 온도에서 시간에 대하여 fitting 하여 1차 모델로 사용하였다.

$$Y = Y_0 + a \cdot \exp(-\exp(-(X - X_0)/b)) \quad (1)$$

위의 식에서 Y = cell number (log CFU/g)이며, Y_0 = log initial number of cells (parameter 1, log CFU/g), a = difference between initial and final cell numbers (parameter 2, log CFU/g), X_0 = the time at which the absolute growth rate is maximum (parameter 3, hr), b = the relative growth rate at X_0 (parameter 4, log (CFU/g)/hr), X = time (hr)이다. Fitting 결과 산출된 a , X_0 , b 변수들을 이용, 균의 증식 정도를 알

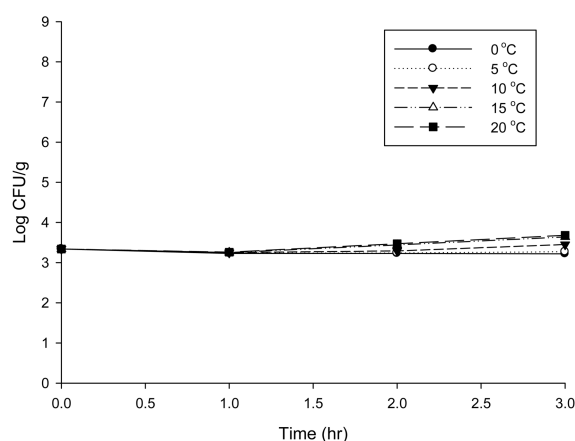


Fig. 1. The growth of wild-type *Salmonella* spp. KSC101 on cooling pork meats stored at 0°C, 5°C, 10°C, 15°C, and 20°C after inoculated at 3.4 log CFU/g.

아보기 위한 lag time (LT), exponential growth rate (EGR), generation time (GT)는 Mckellar 등¹⁹⁾을 참조하여 다음과 같이 산출하였다(Table 2).

$$LT = X_0 - b \quad (2)$$

$$EGR = (a \cdot b) / \exp(1) \quad (3)$$

$$GT = (\text{Log}(2) \cdot \exp(1)) / (a \cdot b) \quad (4)$$

또한 2차 모델을 개발하기 위하여 식(1)의 4개의 parameter 중 초기 균수인 Y_0 를 제외하고, 나머지 3개 변수 a ,

Table 2. Estimated growth parameters (equation 1, 2, 3, 4) of wild-type *Salmonella* spp. KSC101 inoculated on cold pork surface

Temperature (°C)	a^* (log CFU/g)	X_0^{**} (time (hr))	b^{***} (log CFU/g)/hr	R^2	Lag time (hr)	Generation time (hr)	Exponential growth rate (log(CFU/g)/hr)
0	-	-	-	-	-	-	-
5	-	-	-	-	-	-	-
10	0.2209	2.7613	0.2234	0.8191	2.5379	0.8276	0.3638
15	0.3494	1.9697	0.2364	0.9518	1.7333	0.5536	0.5437
20	0.3849	1.9515	0.2403	0.9683	1.7112	0.5109	0.5893

* a = difference between initial and final cell numbers

** X_0 = the time at which the absolute growth rate is maximum

*** b = the relative growth rate at X_0

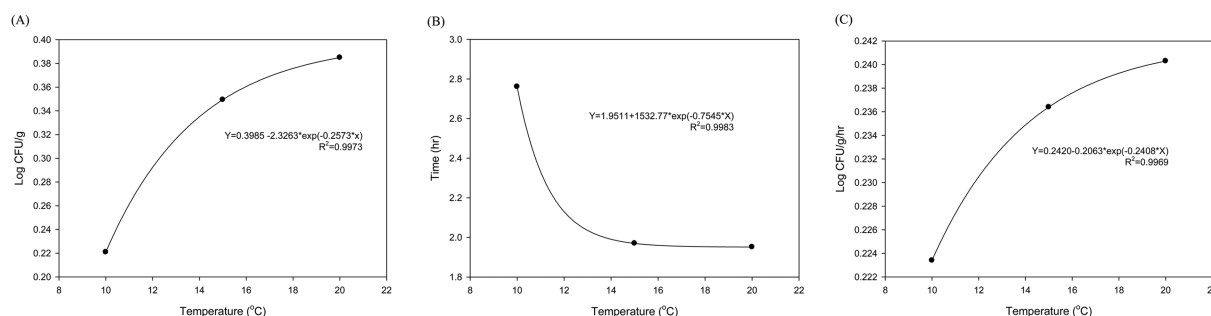


Fig. 2. Fitted nonlinear regression models (equation (5)) for effect of temperatures (x) on a (A), X_0 (B) and b (C) values of Gompertz function (equation (1)) of wild-type *Salmonella* spp. KSC101 on cold pork surface.

$X0$, b 역시 SigmaPlot (Ver 10.0, Systat Software, San Jose, CA, USA) Dynamic fitting 프로그램에서 다음의 식(5)와 같이 변수들의 변화(Fig. 2)를 바탕으로 최종적으로 Exponential decay, single 3 parameter equation을 이용하여 온도별로 fitting 하였다(Fig. 2).

$$Y = A + B * \exp(-C * X) \quad (5)$$

X = temperature (°C), A , B , C = parameters이다. 본 연구에서 개발된 모델에 대해 우선적으로 PMP (Pathogen Modeling Program, Ver 7.0, USDA, ERS) ⁸⁾를 이용한 결과와 비교 하였으며, Sara 등²⁰⁾의 방법과 최근의 Puerta-Gomez 등²¹⁾의 방법을 적용하여 R²와 RMSE (Root mean square error)값을 바탕으로 개발된 예측모델의 정확성 수준을 검증하였다.

결과 및 고찰

냉장돈육에서의 Wild-type *Salmonella* spp. 성장

돈육에 접종된 wild-type *Salmonella* spp. KSC101에 대한 성장은 Table 1과 Fig. 1에서 보는 바와 같이 냉장돈육 가공공정시간으로 설정한 3시간 이내의 짧은 시간에 있어 성장은 크지 않았다(Fig. 1). 특히, 0°C와 5°C에서의 성장은 통계적으로 차이가 없었으며($p > 0.05$), 0°C에서는 오히려 감소하는 경향이 나타났으며, 5°C의 경우에도 3시간 시점에서나 약간 증가하는 것으로 나타났지만 초기균수보다 낮아 성장은 이루어지지 않았다고 볼 수 있다. 하지만 10°C에서는 3시간에서 약간의 성장이 있었으며, 15°C와 20°C에서는 2시간부터 성장이 약간씩 나타나기 시작했으나 역시 그 증가수준은 평균 0.34 log CFU/g정도였다. 하지만 이러한 증가 수준은 동일조건의 집단내 결과를 바탕으로 하였을 때 통계적으로는 유의하였다($p < 0.05$) (Table 1, Fig. 1). 본 연구에서의 결과는 Mann 등²²⁾이 Fresh ground와 boneless pork chop에 standard type *Salmonella* cultures를 접종하여 4.4, 7.2, 10°C와 실온(22-23.3°C)에서 성장을 측정 한 결과와 유사한 경향을 나타내고 있지만, 본 연구에서의 wild-type의 경우는 10°C에서도 약간의 성장을 나타내었고, 20°C에서는 약간 낮은 성장을 보여 주고 있는데, 이러한 차이는 실험대상 균주의 차이로 인한 결과로 생각할 수 있다.

냉장돈육 가공공정조건에서 *Salmonella* spp. 성장 특성 및 예측모델

야생균주 *Salmonella* spp. KSC101의 0, 5, 10, 15, 20°C에서 관찰된 성장 결과는 Sigmoidal non-linear regression 식인 Gompertz 4 parameter에 의해 fitting 되었다(Table 2). 성장이 발생하지 않은 0과 5°C에서는 적절한 fitting이 발생하지 않았으며, 성장이 발생한 10, 15, 20°C에서 fitting 결과에 대한 R²값은 10°C에서 가장 낮은 0.8191이었고, 15°C와 20°C에서는 각각 0.9518, 0.9683으로 높게 나타났

다. 즉, 10°C에서 추정된 성장곡선은 신뢰성이 낮은 수준이라고 볼 수 있다.

한편 Table 2에서 보는 바와 같이 Gompertz 4 parameter에 의해 fitting 된 결과를 바탕으로 식(2), (3), (4)에 의해 추정된 lag time (LT), generation time (GT)과 exponential growth rate (EGR)에 대한 값을 보면, 10°C에서 LT는 2.54 시간, GT는 0.83 시간, EGR은 0.36 logCFU/g/hr로 다른 온도 15°C와 20°C에 비해 아주 낮은 수준을 나타내고 있으며, 이는 그 만큼 성장이 느리다는 것을 의미하는 것으로 볼 수 있다. 15°C와 20°C의 경우 10°C의 경우보다는 낮은 LT와 짧은 GT, 그리고 높은 EGR값을 바탕으로 10°C의 경우보다는 빠른 성장을 보여 주고 있지만, 15°C와 20°C사이의 비교에서는 큰 차이가 없는 것이 특징이라 할 수 있다. 즉, 15°C와 20°C의 경우 10°C에서보다 성장은 모두 빠르지만 15°C와 20°C 두 온도에 있어 비록 20°C에서 LT가 낮고, GT가 짧고, EGR이 높지만 15°C와는 큰 차이가 없다고 볼 수 있다.

PMP를 이용하여 20°C에서의 *Salmonella* spp.의 성장 결과 LT는 6.8 hr, GT는 1.0 hr로 본 연구에서 사용한 야생균주 보다 훨씬 긴 LT와 GT를 나타내고 있는데, 이는 표준균주와 야생균주 그리고 broth와 냉장돈육의 차이로 인한 것으로 볼 수 있다. 즉, 이는 사전에 낮은 온도에서 생육했던 야생균주의 특성으로 환경유래 균주의 경우 LT는 그 균이 사전에 생육했던 온도 조건에 영향을 받는 것으로 판단된다고 볼 수 있다.

Table 2에서 제시한 Gompertz 4 parameter a , $X0$, b 각각에 대한 식(5) 즉, A , B , C 에 대한 2차 모델은 Fig. 2와 같다. 3개 변수 a , $X0$, b 에 대해 추정된 Exponential decay 모델 모두 R²값이 0.99이상으로 높게 나타나, 이들 2차 모델에 대한 신뢰수준은 높다고 볼 수 있으며, 이들 2차 모

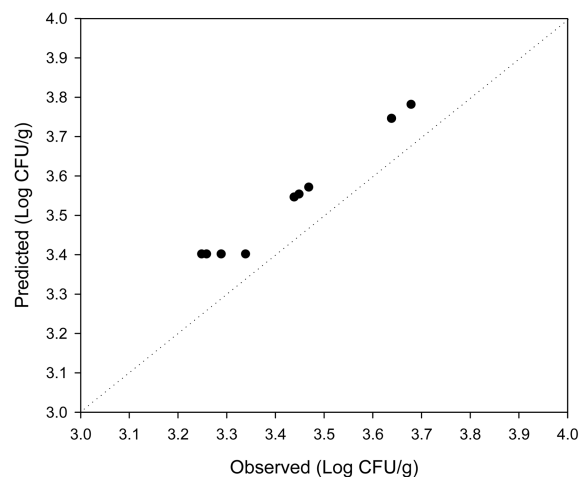


Fig. 3. Predicted versus observed growth values for wild-type *Salmonella* spp. on pork surface at 10°C, 15°C and 20°C. Dotted lines represent central points.

델을 식(1)의 각각의 변수에 대입하면 최종적으로 냉장돈육 가공공정의 특정온도에서 시간에 따른 wild-type *Salmonella* spp. KSC101의 성장 정도를 추정할 수 있는 예측모델이 된다.

본 연구에서 개발한 모델을 통해 추정된 예측값과 실험값과의 비교는 Fig. 3과 같다.

모델에 대한 검증은 우선적으로 Sarah 등²⁰⁾의 방법을 적용한 실험값과 예측값의 비교를 통하여 실시하였다. 그 결과는 Fig. 3에서 보는 바와 같이 실험값과 예측값이 중앙 라인을 중심으로 $\pm 0.5 \log \text{cfu/g}$ 이내에서 위치하고 있어, 미생물 성장 측정에서 불확실성을 고려한 Sarah 등²⁰⁾의 정의에 따라 수행된 개발 모델의 신뢰성은 높은 것으로 확인된다. 하지만 RMSE 추정결과 값이 0.103으로 나타나, Fig. 3에서도 보는 바와 같이 평균적으로 약 0.103 log CFU/g 정도 양(+)의 방향으로 초과예측(over estimate)되어 있는 것으로 볼 수 있는데, 이는 10°C 온도에서의 성장곡선에 대한 R²값이 낮다는 것을 바탕으로 할 때 10°C의 성장추정에 대한 불확실성, 냉장돈육 가공공정을 고려한 짧은 시간에서 성장 분석이 이루어졌다는 점과 야생 균주의 본래의 생육특성 등 복합적인 것에 기인한 것으로 추정될 수 있으나, 그 정확한 원인은 보다 정밀한 측정실험에서 수행되어야 할 과제이면서, McMeekiein, 등⁶⁾의 제시에서처럼 mechanic change 등에 대한 예측모델분야에서 해결하여야 할 중요한 목표이다.

본 연구는 냉장돈육에서의 식중독 원인균인 *Salmonella* spp.에 대한 효과적인 위생관리를 위하여 온도-시간관계 측면에서 포장돈육공정 환경하에서의 wild-type *Salmonella* spp. KSC101의 성장예측 모델을 제시하였다. 특히, 배지를 이용하지 않고 돈육에 직접 접종하여 모델을 개발하는 최근의 예측미생물학의 경향을 적용한 것과 돈육가공공정에서 분리한 야생균주를 이용하여 분석한 점에 있어 그 성장 정도가 훨씬 빠르다는 것을 제시하였다는 점에 의미가 있다고 할 수 있다. 본 연구의 결과는 추후 냉장돈육 가공공정에서 위생관리기준 설정에 대한 과학적 근거자료로도 활용할 수 있을 것이다.

요 약

본 연구에서는 멸균처리공정이 없는 돈육 포장공정을 대상으로 작업장에서 직접 분리한 야생균주인 *Salmonella* spp. KSC101를 작업장의 온도와 시간을 주요 변수로 하여, 이들 현장에서의 *Salmonella* spp. KSC101의 성장 특성을 파악하고, 이를 수학적으로 예측할 수 있는 모델을 개발하였다. 돈육포장공장 현장을 반영하여 온도는 0, 5, 10, 15, 20°C로, 시간은 0, 1, 2, 3시간으로 하였으며, 0°C와 5°C에서는 성장이 발생하지 않았으며, 10°C, 15°C, 20°C에서는 약간의 성장이 있었으나 증가수준은 평균 0.34 log

CFU/g정도였고, 20°C에서 성장율이 더 높았으나 15°C와는 통계적으로는 유의하지 않았다($p < 0.05$). 하지만 PMP와 비교시 야생균주인 *Salmonella* spp. KSC101의 성장이 더 빠른 것으로 나타났다. 이들 실험결과를 바탕으로 1차 모델은 Gompertz 4 parameter식을, 2차 모델은 Exponential decay식을 이용하여 성장예측모델을 개발하였으며, R²값은 0.99이상으로 나타났다. 개발된 모델에 대한 검증으로 RMSE를 이용하였으며, 값이 0.103으로 양(+)의 방향으로 약간 초과 예측하는 것으로 나타났으나, 최종적으로 실험값과 예측값이 $\pm 0.5 \log \text{cfu/g}$ 내에서 일치하고 있어, 본 연구에서 개발된 모델은 추후 냉장돈육 포장공정에서 위생관리기준 설정에 대한 과학적 근거자료로 활용할 수 있을 것이다.

감사의 글

본 연구는 2011년 농림수산식품부 생명산업기술개발사업 기획과제(20113104)의 지원을 받아 연구되었으며, 이에 감사 드립니다.

참고문헌

1. Benschop, J., Stevenson, M. A., and Dahl, J.: Towards incorporating spatial risk analysis for *Salmonella* sero-positivity into the Danish swine surveillance programme. *Prev. Vet. Med.*, **83**, 347-359 (2008).
2. Little, C.L., Richardson, J.F., and Owen, R.J.: *Campylobacter* and *Salmonella* in raw red meats in the United Kingdom: prevalence, characterization and antimicrobial resistance pattern, 2003-2005. *Food Microbiol.*, **25**, 538-543 (2008).
3. Korea Food & Drug Administration (KFDA): Preventive foodborne disease in Korea. Available from: <http://fm.kfda.go.kr>. (2012).
4. Animal, Plant and Fisheries Quarantine and Inspection Agency (QIA): Sanitary control for livestock products - HACCP in Korea. Available from: http://www.qia.go.kr/livestock/clean/livestock_idea_haccp.jsp. (2012).
5. Van Impe, J. F., Poschet, F., Geeraerd, A. H., Vereecken, K. M.: Towards a novel class of predictive microbial growth models. *Int. J. Food Microbiol.*, **100**, 97-105 (2005).
6. McMeekin, T., Oiley, J., Ratkowsky, D., Corkrey, R., Ross, T.: Predictive microbiology theory and application: is it all about rates?. *Food Control.*, (In press) (2012).
7. Bahk, G.J.: The possibility of predictive modeling for using microbial risk assessment from the literature experimental data. *Food Sci. Biotechnol.*, **18**, 137-142 (2009).
8. USDA Food Safety & Inspection Service (FSIS): Predictive Microbiology Information Portal. Available from: <http://portal.arserrc.gov/PMIPHome.aspx>. (2012).
9. Baranyi, J. and Tamplin, M. L.: ComBase: a common database on microbial responses to food environments. *J. Food*

- Prot.* **67**, 1967-1971 (2004).
10. ComBase. Combined database for predictive microbiology. Available from: <http://www.combase.cc/>. (2012).
 11. McMeekin, T. A., Olley, J., Ratkowsky, D. A., Ross, T.: Predictive microbiology: towards the interface and beyond. *Int. J. Food Microbiol.*, **73**, 395-407 (2002).
 12. Nauta, M. J.: Modelling bacterial growth in quantitative microbiological risk assessment is it possible? *Int. J. Food Microbiol.*, **73**, 297-301 (2002).
 13. Ding, T., Wang, J., Forghani, F., Ha, S.D., Chung, M.S., Bahk, G.J., Hwang, I.G., Abdallah, E., Oh, D.H.: Development of predictive models for the growth of *Escherichia coli* O157:H7 on cabbage in Korea. *J. Food Sci.*, **77**, 257-263 (2012).
 14. Park, S.Y., Choi, J.W., Chung, D.H., Kim, M.G, Lee, K.H., Kim, K.S., Bahk, G.J., Bae, D.H., Park, S.K., Kim, K.Y., Kim, C.H., Ha, S.D.: Predictive modeling for the growth of *Listeria monocytogenes* in Sesame leaf. *Food Sci. Biotechnol.*, **16**, 238-242 (2007).
 15. Jin, S.S., Jin, Y.G., Yoon, K.S., Woo, G.J., Hwang, I.G., Bahk, G.J., Oh, D.H.: Predictive modeling of the growth and survival of *Listeria monocytogenes* using a response surface model. *Food Sci. Biotechnol.*, **15**, 715-720 (2006).
 16. Hong, C.H., Sim, W.S., Chun, S.J., Kim, Y.S., Oh, D.H., Ha, S.D., Choi, W.S., Bahk, G.J.: Predictive growth model of native isolated *Listeria monocytogenes* on raw pork meats as a function of temperature and time. *Kor. J. Food Sci. Technol.*, **37**, 850-855 (2005).
 17. Jimenez, S.M., Caliusco, M.F., Tiburzi, M. C.: Predictive models for reduction of *Salmonella Hadar* on chicken skin during single and double sequential spraying treatments with acetic acid. *J. Appl. Microbiol.*, **103**, 528-535 (2007).
 18. Oh, D.H., Rahman, S.M.E., Kim J.M., Bahk, G.J.: The statistics probability analysis of pork-cutting processing conditions for microbial risk assessment. *J. Fd Hyg. Safety.*, **24**, 63-68 (2009).
 19. McKellar, R.C., Lu X.: Modeling microbial responses in food. CRC press, FL, USA. pp. 23-24 (2004).
 20. Sarah, S.M., Schaffner, D.W.: Development of model to predictive growth of *Clostridium perfringens* in cooked in cooked beef during cooling. *J. Food Prot.*, **68**, 336-341 (2005).
 21. Puerta-Gomez, A.F., Moreira, R.G., Kim, J., Castell-Perez, E.: Modeling the growth rates of *Escherichia coli* and *Salmonella Typhimurium* LT2 in baby spinach leaves under slow cooling. *Food Control.*, **29**, 11-17 (2013).
 22. Mann, J.E., Smith, L., Brashears, M.M.: Validation of time and temperature values as critical limits for *Salmonella* and background flora growth during the production of fresh ground and boneless pork products. *J. Food Prot.*, **67**, 1389-1393 (2004).