

紫外线照射下微生物生存模型的参数化

Aikaterini A. Tsantari, Konstantinos K. Delibasis, Harilaos G. Sandalidis, and Nestor D Chatzidiamantis, *Member, IEEE*

摘要

本研究旨在通过实验测量识别并参数化 33 种基本微生物在 UVC 暴露下的最优生存曲线。我们汇总了这些微生物的已发表数据, 包括 UVC 剂量及其相应的存活率, 以估计四个突出生存模型参数: 单目标 (ST)、多目标 (MT)、线性二次 (LQ) 和两阶段衰减 (TSD) 模型。通过与实验数据相比选择均方误差 (MSE) 最低的那个来确定每个微生物的最佳拟合模型。我们的分析表明, MT 模型是最常适用的, 准确拟合了 33 种微生物中的 21 种。TSD 模型仅对三种有效, 而 LQ 模型虽然在较低剂量时偶尔适用, 但由于在较高剂量下表现不可靠, 经常被排除。评估的模型, 特别是 MT 模型, 展示了强大的预测能力, 可用于 UVC 表面灭活微生物。然而, 在较高剂量时使用 LQ 模型应谨慎, 因其可能存在的局限性。

Index Terms

微生物, 参数化, 生存模型, 紫外线 C 照射

I. 介绍

Ultraviolet (UV) 辐射涵盖 100 到 400 纳米的波长范围, 并分为四个子类别: UVA (315-400 纳米)、UVB (280-315 纳米) 和 UVC (100-280 纳米) [1]。特别是 UVC, 对人体有害, 会造成皮肤和眼睛损伤以及癌症 [2]。紫外线光谱中的特定波长可以消毒空气和表面。这一应用被称为紫外线杀菌照射 (UVGI), 主要利用 UVB 和 UVC 波段 (200-320 纳米) [3]。

UVC 辐射被蛋白质、RNA 和 DNA 吸收, 导致细胞损伤。这种吸收诱导突变, 通常会导致微生物的失活或死亡。微生物失活是指失去繁殖或增殖的能力, 而不一定破坏其遗传物质, 使该生物体无害化 [4]。在部分休眠期间, 微生物可以重新激活, 在 UVC 暴露后利用各种细胞机制 [5] 启动增殖。当接收到足够的辐射剂量时, 即所谓的致死剂量, 就会发生微生物死亡。尽管失活机制适用于所有微生物, 包括真菌、细菌或病毒, 但它们对紫外线照射的敏感性可能会有很大差异。因此, 不同微生物之间的致死剂量或暴露时间可能有所

Aikaterini A. Tsantari and Nestor D. Chatzidiamantis are with the Department of Electrical and Computer Engineering, Aristotle University of Thessaloniki, 54124 Thessaloniki, Greece e-mails{ktsantari,nestoras}@auth.gr.

Konstantinos K. Delibasis and Harilaos G. Sandalidis are with the Department of Computer Science and Biomedical Informatics, University of Thessaly, Papasiopoulou 2-4, 35 131, Lamia, Greece. e-mails{kdelimpasis,sandalidis}@uth.gr.

不同 [6]。因此，UVC 辐射在消毒某种微生物时的有效性不仅取决于曝光时间，还取决于特定受影响的基因组区域 [7]。

微生物在表面的生存受多种因素影响，包括微生物的类型、结构和化学组成。因此，同一科属内的微生物，如 Sars-CoV-1 和 Sars-CoV-2，表现出类似的致死剂量 [7], [8]。环境条件，例如温度、相对湿度和表面材质也起到重要作用 [9]–[11]，其中相对湿度对病毒和细菌的影响不同，而其对真菌的影响则较小 [3]。表面的特性，包括颜色、质地和密度，在决定光子吸收或反射的程度上至关重要，从而影响它吸收的辐射量 [2], [11]。此外，在实际应用中正确布置房间内的光源是至关重要的 [12]。最后，必须认识到空间内的微生物分布是动态的，并且会变化 [13]。

对于某些微生物，不同剂量的紫外线辐射会导致其细胞群落不同程度的减少。生存模型是生存率与辐射剂量之间的数学表达式。给定一个参数化的生存模型用于一种微生物，就可以计算出该微生物在特定范围内的任何辐射剂量下的存活分数（等同于减少量）。此模型的曲线通常在 y 轴上以对数尺度绘制。曲线的形状取决于所选择的表达它的数学公式 [3]。

总体而言，紫外线 C 辐射下微生物的生存模型是提升消毒方法的安全性、效率和可持续性的不可或缺的工具。在研究中，它们有助于理解紫外线损伤机制，并促进紫外线 C 技术的创新。此外，它们还帮助设计紫外线 C 暴露的安全规程以及制定应急情况下的去污策略，在各个领域和应用中都至关重要。

受这些益处的启发，本研究全面回顾了现有文献和关于 UVC 剂量及其对应的一些关键微生物存活分数的实验数据。然后我们考察了四种常用的细胞存活模型：单目标 (ST)、多目标 (MT)、线性二次 (LQ) 以及两阶段衰减 (TSD) 模型，并估计了每种模型对于 33 种不同微生物的参数。最后，我们基于相对于实验数据的均方误差 (MSE) 确定最佳拟合模型。我们认为，拟合模型及其参数在与公共卫生和传染病控制相关的表面消毒方面具有潜在的应用价值。据我们所知，在学术医学文献中尚无人进行过此类分析。因此，本研究旨在填补先前研究中未充分探索的这一空白。

II. UVC 消毒研究

各种调查研究了使用紫外线 C 辐射灭活微生物的情况。一些研究涉及实际环境中的测量，例如 [11], [12], [14]–[16]，而另一些则侧重于实验室条件下进行的实验测量，如 [6], [17]–[20]。所有这些研究都集中在评估微生物的存活率上，以 10 为底数的对数尺度量化。例如，1 个对数单位的减少相当于初始微生物种群 [21] 的 {90% 减少 (0.1 生存)}。常见的减少水平详见表 I。测量涉及计数最初存在的菌落形成单位 (CFU) 以及暴露后剩余的数量。

从多个已发表的研究中，表 II 总结了在特定距离和持续时间下暴露于特定剂量的 UVC 辐射后观察到的一些关键微生物减少情况，以及相应的参考文献。一些调查准备了类似的表格；因此，并非所有信息都再次显示。最后，有些研究没有报告从光源的距离或运行时间；因此，仅标注了一个破折号。

表 I
微生物菌落减少的对数测量。

存活 分数	日志 减少	百分比 减少	生存 百分比
0.1	1 log	90%	10%
0.01	2 log	99%	1%
0.001	3 log	99.90%	0.10%
0.0001	4 log	99.99%	0.01%
0.00001	5 log	99.999%	0.001%
0.000001	6 log	99.9999%	0.0001%

微 organisms 灭活的紫外线波长中最常见的是 222 纳米和 254 纳米。最近的研究 [17], [18] 表明, 222 纳米辐射对人体的危害较小, 因为它只穿透表面, 并不会穿透皮肤细胞或眼睛外层的细胞壁。然而, 它仍然保持其杀菌效果, 因此建议在公共场所使用 [18]。相反, 小于 240 纳米 (远 UVC 波段) 的波长通过光子与氧分子的相互作用产生臭氧, 导致有害影响和严重的空气污染 [2], [5], [7]。

如表 II 所示, 并由 [7] 证实, 冠状病毒比大肠杆菌细菌表现出更高的紫外线辐射抗性, 需要更大的辐射剂量才能灭活。此外, [17] 指出 222 纳米特别有效对抗细菌芽孢, 而 254 纳米对真菌孢子和菌丝的效果更好。

类似的表格已在文献中根据实验室测量或在真实世界环境中进行的实验评估进行了记录 [7], [11], [15], [19]。具体来说, [11] 和 [15] 提供了包括枯草芽孢杆菌 *ATCC6633*、空肠弯曲菌 *ATCC43429*、柠檬酸杆菌多样亚种、大肠杆菌、肺炎克雷伯菌、嗜肺军团菌 *ATCC33152*、志贺氏痢疾杆菌、宋内志贺菌 *ATCC9290*、金黄色葡萄球菌 *ATCC25923* 和粪肠球菌 *ATCC29212* 在内的各种常见微生物的测量数据。此外, 有关微生物空气消毒和涉及动物细胞的测量数据可在 [19] 中获得。虽然空气净化与表面净化有相似之处, 但两者都与水净化显著不同 [2], [22]。

值得注意的是, 参考了 [15] 的研究发现, 这些研究探索了使用 DIALux 模拟器对面罩进行理论灭菌研究的消毒方法。该研究表明, 需要特定辐射剂量来对口罩进行消毒所需的时间, 并讨论了离源最近的区域并不总是接收到最高剂量, 因此也不是最有效的消毒区。材料属性, 包括反射系数和散射系数, 可以影响这一现象。

III. 生存模型

微生物生存的数学建模通常假设每个微生物有一个或多个必须被击中的靶点, 以实现其完全失活, 从而发展出相应的模型, 如 ST、MT 和 LQ 模型。一个靶点是 DNA 分子中对紫外线辐射敏感的区域, 其暴露可能导致细胞死亡 [24]。最简单的生存模型是一靶点的 ST 模型。它的数学表达式为

表 II
微生物消毒研究。

*: 具体表格提供了关于特定微生物存活情况的详细信息。

微生物	紫外光源	剂量	对数减少	曝光时间	源距离	参考文献
Coronaviruses	UV	3.7 mJ/cm ²	1log	-	-	[20]
Sars-CoV	240-280 nm	1445 mJ/m ²	2log	6 min	3 cm	[14]
Sars-CoV	254 nm	4016 μ W/cm ²	8log	2 h	3 cm	[22]
Sars-CoV-1	15 W UVC	36144 J/m ²	5log	20 min	0.15 m	[8]
Sars-CoV-2	254 nm	30 mJ/cm ²	full inactivation	-	various	[12]
Coronaviruses	UVA, UVC	*	*	-	-	[19]*
Coronaviruses	UVC	*	*	-	-	[7]*
Rotavirus	254 nm	25 mJ/cm ²	3log	-	-	[20]
Adenovirus	254 nm	140 mJ/cm ²	3log	-	-	[20]
Vaccinia	15 W 254 nm	90 J/m ²	3log	0-30 s	0.3 m	[23]
Lassa	15 W 254 nm	90 J/m ²	97%	0-30 s	0.3 m	[23]
Ebola	15 W 254 nm	90 J/m ²	4log	0-30 s	0.3 m	[23]
Influenza A	222 or 254 nm	6 mJ/cm ²	non detectable	-	-	[17]
Spores and Bacteria	254 nm	*	*	-	-	[11]*
Viruses, Spores, Bacteria, Yeasts	253.7 nm	*	4log	-	-	[16]*
Clostridium difficile spore	254 nm	38.5 mJ/cm ²	4log	-	-	[12]
Staphylococcus aureus (MRSA)	222 nm	6 mJ/cm ²	4log	-	-	[17]
	254 nm	12 mJ/cm ²	non detectable	-	-	[17]
Pseudomonas aeruginosa	222 nm	6 or 24 mJ/cm ²	2log or 3log	-	-	[17]
	254 nm	6 mJ/cm ²	non detectable	-	-	[17]
Escherichia coli	222 nm	6 or 24 mJ/cm ²	2log or 3log	-	-	[17]
	254 nm	6 mJ/cm ²	non detectable	-	-	[17]
Salmonella enterica s.en.s	222 nm	12 or 36 mJ/cm ²	2log or non detectable	-	-	[17]
	254 nm	24 mJ/cm ²	3log	-	-	[17]
Campylobacter jejuni	222 or 254 nm	6 mJ/cm ²	non detectable	-	-	[17]
Clostridium sporogenes	222 nm	36 mJ/cm ²	non detectable	-	-	[17]
	254 nm	72 mJ/cm ²	non detectable	-	-	[17]
Clostridiodes difficile	222 nm	50 mJ/cm ²	non detectable	-	-	[17]
	254 nm	30 mJ/m ²	non detectable	-	-	[17]
Candida albicans	222 or 254 nm	72 mJ/cm ²	non detectable	-	-	[17]
Aspergillus niger	222 nm	500 mJ/m ²	non detectable	-	-	[17]
	254 nm	250 mJ/cm ²	non detectable	-	-	[17]
Trichophyton rubrum	222 nm	72 mJ/cm ²	non detectable	-	-	[17]
	254 nm	36 mJ/cm ²	non detectable	-	-	[17]

$$S = e^{-D/D_0}, \quad (1)$$

其中 D 是剂量变量, D_0 是将细胞存活率减少 e^{-1} 倍所需的剂量。辐射发射假定为泊松分布 [25]。生存曲线通常在半对数图上绘制。将 $\alpha = -1/D_0 < 0$ 代入, (1) 式变换为

$$S = e^{\alpha D}, \quad (2)$$

其中系数 α 对每种微生物取不同的值。MT 模型 [3], [24], [26] 由数学表达式给出

$$S = 1 - (1 - e^{-D/D_0})^\beta, \quad (3)$$

其中 β 代表每个单元必须击中的目标数量以使该单元失效 [24], [26]。该模型特别适用于暴露于高和低线性能量转移 (LET) 辐射的微生物, 如 UVC 光子, 具体取决于 β [24] 的值。在后一种情况下, 当 $\beta > 1$ 时, 在生存曲线的低剂量区域会出现一个肩部 [25]。对于此模型, 系数 α 再次定义为商 $-1/D_0$ 。因此, (3) 表示为

$$S = 1 - (1 - e^{\alpha D})^\beta. \quad (4)$$

本文中接下来分析的模型是 LQ, 其表达式如下:

$$S = e^{-\alpha D - \beta D^2}. \quad (5)$$

此曲线也表现出非线性, 受系数比 α/β 的影响。因此, LQ 模型可以被视为前两种模型的组合。根据 [25], LQ 模型通常具有与 MT 模型相似的形式——特别是在少数实验点上, 这也在下面针对各种微生物的曲线中得到了证实。

然而, 一些微生物表现出不同的生存模式: 虽然大部分对辐射敏感, 但有一小部分更具抗性。这导致了初始快速的种群下降, 随后是较慢的减少。在这种情况下, 上述模型与实验观察结果不符。一个更合适的模型是 TSD [3]

$$S = f_1 e^{-k_1 D} + f_2 e^{-k_2 D}, \quad (6)$$

其中 k_1 和 k_2 是其他模型中 D_0 的两个互逆等价物, 参数 f_1 和 f_2 是在 $[0, 1]$ 中的正数, 推广了标准 TSD 模型, 在该模型中 $f_2 = 1 - f_1$, 其中 f_1 是人群的敏感部分。

IV. 生存模型参数化

生存模型可以使用特定于每种类型微生物的实验测量值进行参数化 [7], [11]。在 [11] 中, 这些测量数据从文献中收集, 并在一个医院房间的不同距离处通过实验验证, 包括有无直接视线 (LOS) 到源的区域。类似地, 在 254 纳米下进行了一项关于 SARS-CoV-2 的研究, 这是消毒的首选波长之一 [7]。特别是对于 ST 模型, 微生物的第 i 个实验测量值 $(D_i, S_i), i = 1, \dots, N$ 应满足模型方程。通过对这些表达式应用对数变换并采用基于表格的形式主义, 我们得到以下方程:

$$\mathbf{D}\alpha = \mathbf{S}_L, \quad (7)$$

其中, $\mathbf{D} = [D_1, \dots, D_N]^T$ 是点剂量的列矩阵, $\mathbf{S}_L = -[\ln S_1, \dots, \ln S_N]^T$ 是相应对数存活率的列矩阵, 而 α 是未知模型参数。

方程 (7) 通过线性最小二乘法求解了 α , 相当于从左侧乘以 $\mathbf{D}^T$ 。 α 的最终计算公式如下所示:

$$\alpha = \frac{\sum_{i=1}^N D_i S_{L_i}}{\sum_{i=1}^N D_i^2}, \quad (8)$$

其中, N 是每种微生物的实验数据总数。

参数 α 和 β 按照以下方式进行估计用于 MT 模型。首先, 我们将证明下列引理。

引理 1. 剂量 D 较大时, MT 模型生存概率对数的梯度与每个细胞的目标数量 β 无关。

证明. 通过对公式 (4) 中 S 的对数关于 D 求导, 我们得到

$$\frac{d}{dD} \ln S = \frac{\beta(1 - e^{-D/D_0})^\beta}{D_0(e^{-D/D_0} - 1) \left(1 - (1 - e^{-D/D_0})^\beta\right)}. \quad (9)$$

容易证明

$$\lim_{D \rightarrow \infty} \frac{d(\ln S)}{dD} = -\frac{1}{D_0} = a, \quad (10)$$

从而完成证明。 $\square$

通过上述引理, 我们可以对实验数据点

$$\log S_i = \alpha D_i + c, \quad (11)$$

应用线性回归以估计 $\log S$, $\alpha = -\frac{1}{D_0}$ 的梯度, 前提是相应的剂量位于曲线肩部之外。最后, 每个细胞的目标数量由 $\beta = e^c$ [24] 获得。

此外, 对于 LQ 模型, 需要通过最小化与 N 实验测量值 (D_i, S_i) 的误差来计算每个微生物的 (5) 中的常数 α 和 β 。通过将 (5) 应用于每个实验测量并取对数, 我们可以将线性方程 (关于 α, β) 重写为矩阵形式

$$\mathbf{D} \cdot \mathbf{P} = \mathbf{S}_L, \quad (12)$$

其中 $\mathbf{P} = [\alpha, \beta]^T$, $\mathbf{D}$ 是剂量的两列矩阵, 每一行是 (D_i, D_i^2) , 而 $\mathbf{S}_L$ 是负对数生存率的列矩阵:

$$\mathbf{D} = \begin{bmatrix} D_1 & D_1^2 \\ D_2 & D_2^2 \\ \vdots & \vdots \\ D_N & D_N^2 \end{bmatrix}, \quad \mathbf{S}_L = - \begin{bmatrix} \ln S_1 \\ \ln S_2 \\ \vdots \\ \ln S_N \end{bmatrix}. \quad (13)$$

使用最小二乘法进行简单的线性回归来求解此系统并估计参数 α 和 β 的最终值。

最后, 对于 TSD 模型, 需要估计四个参数: f_1 、 k_1 、 f_2 和 k_2 。为此, 使用了最小二乘法和迭代的高斯-牛顿算法。

V. 结果

上述方法应用于 33 种微生物的实验测量。为了选择每种微生物的最佳生存模型, 计算了每个模型的测量值与模型预测值之间的均方误差 (MSE)。实现最小 MSE 的模型被选为每种特定微生物的合适模型。

鉴于上述情况, 表 III 展示了每个微生物所达到的 MSE 以及估计参数值的选定生存模型。此外, 图 1 描绘了三种微生物的 ST、MT 和 LQ 模型曲线。值得注意的是, $-x \log_{10}$ 指的是 10^{-x} 存活。

表 III

最终模型选择及每种微生物对应的参数。

¹: 为这些微生物选定的模型并未产生最小的均方误差。

*: TSD 模型最适合这种微生物, 使均方误差最小化; 更多详情请见表 IV。

微生物	最小均方误差	生存模型	α	β
Bacillus subtilis ATCC6633 ¹	2	MT	-0.1202	-0.1953
Bacillus subtilis WN626 ¹	0.3338	MT	-4.3699	-0.7311
Campylobacter jejuni ATCC 43429	1.7647	LQ	1.0734	0.1581
Citrobacter diversus	0.2233	MT	-1.1186	3.2711
Citrobacter freundii	0.0004986	MT	-0.5756	0.5756
Escherichia coli ATCC 11229	0.9507	MT	-1.7403	9.4513
Escherichia coli ATCC 11303	0.8724	MT	-1.0368	1.7909
Escherichia coli ATCC 25922	2.1554	MT	-2.7631	13.355
Escherichia coli K12 IFO3301	0.0097	LQ	1.0288	0.0013
Escherichia coli O157:H7 ATCC 43894	0.048	MT	-1.7168	0.2342
Escherichia coli O157:H7 CCUG 29193	0.3507	MT	-2.0115	4.6532
Escherichia coli O157:H7 CCUG 29197	2.285	LQ	0.2944	0.31
Escherichia coli O157:H7 CCUG 29199	1.1096	LQ	2.9215	4.7497
Escherichia coli O157:H7*	0.0032	TSD	-	-
Klebsiella pneumoniae	0.0474	MT	-0.867	8.2247
Legionella pneumophila ATCC 43660	0.1398	MT	-1.1015	0.9628
Legionella pneumophila ATCC33152A	0.0043	MT	-1.193	-0.0363
Legionella pneumophila ATCC33152B	4.14×10^{-30}	ST	-1.4391	-
Pseudomonas stutzeri	0.0178	LQ	0.0112	0.0001
Salmonella e.s. E.s. Typhimurium ¹	0.0022	MT	-0.1919	-2.3026
Salmonella spp.*	0.0028	TSD	-	-
Salmonella typhi ATCC 19430	0.456	LQ	0.9444	0.0204
Salmonella typhi ATCC 6539	0.0362	MT	-1.5762	1.8876
Salmonella typhimurium hf ¹	1.7651	MT	-0.9528	-1.1116
Salmonella typhimurium	0.7957	LQ	0.0396	0.000021423
Shigella dysenteriae ATCC29027*	0.492	TSD	-	-
Shigella sonnei ATCC9290	0.005	MT	-1.3869	2.1489
Staphylococcus aureus ATCC25923	2.2527	MT	-1.0236	0.9481
Streptococcus faecalis ATCC29212 ¹	0.6274	MT	-1.5064	7.9895
Streptococcus faecalis se	2.7061	MT	-1.4107	4.6598
Vibrio natriegens	0.1369	LQ	0.0509	0.0002
Yersinia ruckeri ¹	0.8602	MT	-1.7105	-1.0526
Sars-CoV-2 ¹	0.8296	MT	-0.2911	-2.4176

在某些微生物中, 例如 SARS-CoV-2, LQ 模型实现了最低的均方误差。然而, 这个模型对于较大剂量是不充分的, 因为它对应于对数尺度上的二次多项式。在这种特定情况下, 该多项式可能随着剂量的增加而表现出上升趋势。容易验证 LQ 模型的极值点出现在:

$$l = -\frac{\alpha}{2\beta} \quad (14)$$

对于 $l > 0$ 和 $l < D_{\max}$ 的微生物, 在实际消毒场景中考虑的最大剂量为 $D_{\max}$ 时, 模型生存曲线表现出上述上升行为。因此, 在这种情况下丢弃了 LQ 模型。为了使 LQ 模型呈凹形且可接受, 它必须满足 $l < 0$ 和 $-\beta < 0$ 或等价地 $\beta > 0$ 。因此, 为这些微生物选择了下一个最佳模型 (按均方误差计算)。

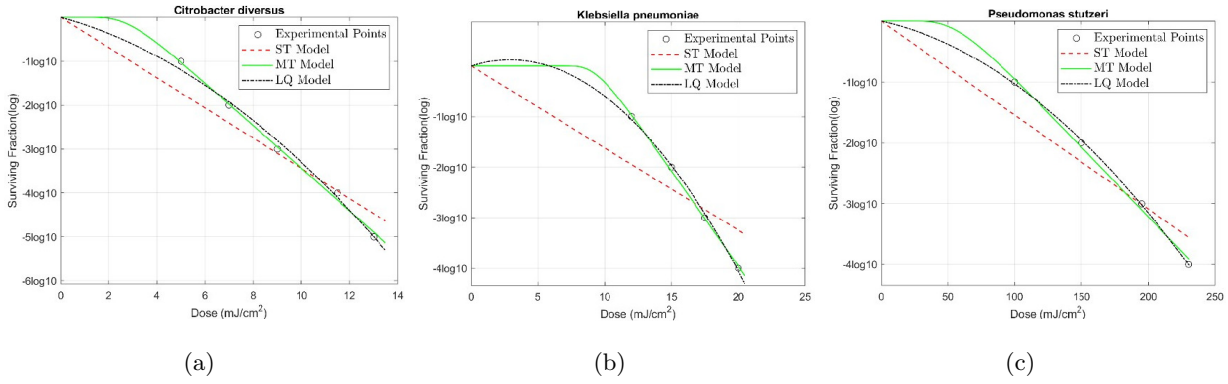


图 1. 三种微生物的生存模型。

在表 III 中，这些微生物用脚注符号标记：“¹”。图 2 说明了 LQ 模型对于 SARS-CoV-2 似乎更适用于剂量低于 40 mJ/cm^2 的情况；然而，仅依赖此模型会导致对更高暴露量的不准确结果。因此，选择了 MH 模型，如表 III 的最后一行所示。

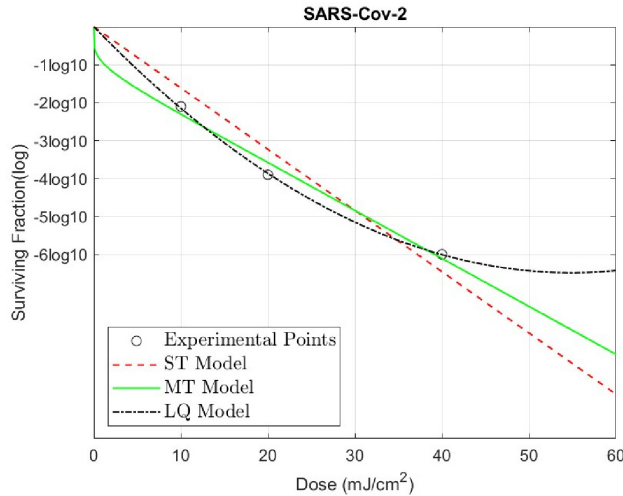


图 2. 存活模型对于 SARS-CoV-2。

最后，最常见的模型是 MT 模型，在本研究考虑的 33 种微生物中的 21 种中被识别。三种微生物的表现更适合用 TSD 模型来描述。然而，这种模型不适合其他微生物。这三种微生物在表 III 中标注了脚注符号：“*”，而相应的参数和最佳 TSD 模型达到的 MSE 则提供在表 IV 中。图 3 展示了大肠杆菌 *O157*、沙门氏菌属和志贺氏痢疾杆菌 ATCC29027 的生存模型及其最优参数化，证实了 TSD 模型的适用性。测量期间的环境条件以及辐射时细胞周期的具体阶段对测量结果产生了重大影响，从而也影响了得到的生存曲线 [25]。本研究采用的测量数据来源于文献资料；因此，这些参数未被特别强调。

表 IV
TSD 模型的三个微生物参数。

微生物	最小均方误差	f_1	k_1	f_2	k_2
<i>Escherichia coli</i> O157.H71	0.0032	47.2702	1.1317	-9.1698	-0.0245
<i>Salmonella</i> spp.	0.0028	15.6008	0.4940	-9.1255	-0.0145
<i>Shigella dysenteriae</i> ATCC29027	0.0084	7.4598	0.4342	-7.8082	-0.1233

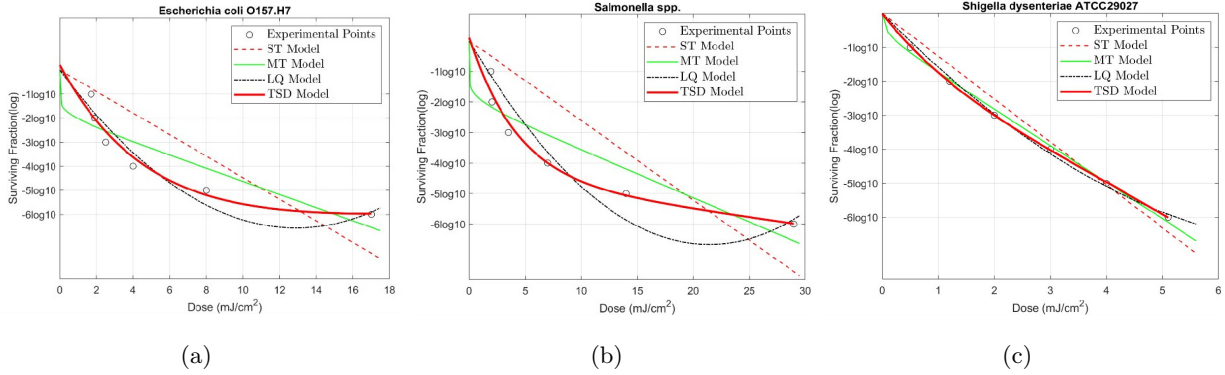


图 3. 表 IV 中三种微生物的生存模型，TSD 模型拟合效果最佳。

VI. 讨论

本研究旨在通过实验测量确定和参数化 33 种基础微生物在 UVC 暴露下的最优生存曲线。通过对已发表的 UVC 剂量和相应存活分数数据进行分析，我们估计了四个广泛使用的生存模型的参数：ST、MT、LQ 和 TSD。我们通过选择相对于实验数据具有最小 MSE 的模型来识别每种微生物的最佳拟合模型。

我们的研究结果表明，MT 模型最为常用且准确地代表了 33 种研究微生物中的 21 种。TSD 模型最适合三种微生物，但对剩余的微生物则不适用。虽然 LQ 模型在较低剂量时有时能够提供良好的拟合效果，但由于其在较高剂量下的不可靠行为，通常会被舍弃。总之，评估的模型，尤其是 MT 模型，为使用 UVC 光进行微生物表面灭菌提供了强大的预测能力。然而，在较高剂量下使用 LQ 模型时应谨慎行事，因为存在潜在不准确性的风险。

运用所展示的模型进行表面消毒，便于根据施加的紫外线剂量预测每种微生物的存活比例。这些模型可以整合到模拟器中，以实现三维空间中去污过程的真实可视化。其中一个这样的模拟器是 LaUV，它是一种设计用于研究消毒过程的先进工具。LaUV 精确确定了三维空间中光子的轨迹，并考虑了它们在表面上的反射、空气分子散射以及最终被吸收 [27]。

模拟器还能够分析可能影响消毒的各种因素，例如房间内 UVC 剂量的具体放置位置以及不同材料的反射率或粗糙度的变化。因此，这种方法允许进行更加现实和全面的消毒研究。

参考文献

- [1] A. Vavoulas, H. G. Sandalidis, N. D. Chatzidiamantis, Z. Xu, and G. K. Karagiannidis, "A survey on ultraviolet C-band (UV-C) communications," *IEEE Commun. Surveys Tuts.*, vol. 21, no. 3, pp. 2111–2133, 3rd Quart. 2019.
- [2] J. Turner and A. V. Parisi, "Ultraviolet radiation albedo and reflectance in review: The influence to ultraviolet exposure in occupational settings," *Int. J. Environ. Res. Public Health.*, vol. 15, no. 7, pp. 1507–1527, 2018.
- [3] W. Kowalski, *Ultraviolet Germicidal Irradiation Handbook*. New York, NY, USA: Springer-Verlag, 2010.
- [4] J. Lelieveld, F. Helleis, S. Borrmann, Y. Cheng, F. Drewnick, G. Haug, T. Klimach, J. Sciare, H. Su, and U. Pöschl, "Model calculations of aerosol transmission and infection risk of COVID-19 in indoor environments," *Int. J. Environ. Res. Public Health.*, vol. 17, no. 21, 2020, Art. no. 8114.
- [5] N. Demeersseman, V. Saegeman, V. Cossey, H. Devriese, and A. Schuermans, "Shedding a light on ultraviolet-c technologies in the hospital environment," *J. Hosp. Infect.*, vol. 132, pp. 85–92, 2023.
- [6] B. Wang, R. Mortazavi, and F. Haghighat, "Evaluation of modeling and measurement techniques of ultraviolet germicidal irradiation effectiveness - towards the design of immune buildings," *Indoor Built Environ.*, vol. 18, no. 2, pp. 101–112, 2009.
- [7] M. Raeiszadeh and B. Adeli, "A critical review on ultraviolet disinfection systems against COVID-19 outbreak: Applicability, validation, and safety considerations," *ACS Photonics*, vol. 7, no. 11, pp. 2941–2951, 2020.
- [8] P. Arguelles, "Estimating UV-C sterilization dosage for COVID-19 pandemic mitigation efforts," 2020, preprint, April.
- [9] R. Bhardwaj and A. Agrawal, "How coronavirus survives for days on surfaces," *Phys. Fluids*, vol. 32, no. 11, 2020.
- [10] P. Vasickova, I. Pavlik, M. Verani, and A. Carducci, "Issues concerning survival of viruses on surfaces," *Food Environ. Virol.*, vol. 2, no. 1, pp. 24–34, 2010.
- [11] M. Lindblad, E. Tano, C. Lindahl, and F. Huss, "Ultraviolet-c decontamination of a hospital room: Amount of UV light needed," *Burns*, vol. 46, no. 4, pp. 842–849, 2020.
- [12] S. B. Botta, F. de Sá Teixeira, F. S. Hanashiro, W. W. de Araújo, A. Cassoni, and M. C. B. da Silveira Salvadori, "Ultraviolet-c decontamination of a dental clinic setting: Required amount of UV light," *Braz. Dent. Sci.*, vol. 23, no. 2, 2020.
- [13] C. H. Thatcher and B. R. Adams, "Modeling specular and diffuse reflection of UV leds for microbial inactivation in air ducts," *Chem. Eng. Sci.*, vol. 263, 2022, Art. no. 118105.
- [14] Y. Cao, W. Chen, M. Li, B. Xu, J. Fan, and G. Zhang, "Simulation based design of deep ultraviolet LED array module used in virus disinfection," in *2020 21st Int. Conf. on Electron. Packag. Technol. (IEEE ICEPT)*, Guangzhou, China, Aug. 2020.
- [15] A. Baluja, J. Arines, R. Vilanova, J. Cortiñas, C. Bao-Varela, and M. T. Flores-Arias, "UV light dosage distribution over irregular respirator surfaces: Methods and implications for safety," *J. Occup. Environ. Hyg.*, vol. 17, no. 9, pp. 390–397, 2020.
- [16] B. Ngom, M. Thiam, M. F. Mbaye, M. Sow, K. Hann, and M. Wade, "Design and realization of a UV-C based disinfection tool monitored by mobile application," *Open J. Appl. Sci.*, vol. 12, no. 01, pp. 155–163, 2022.
- [17] K. Narita, K. Asano, K. Naito, H. Ohashi, M. Sasaki, Y. Morimoto, T. Igarashi, and A. Nakane, "Ultraviolet c light with wavelength of 222 nm inactivates a wide spectrum of microbial pathogens," *J. Hosp. Infect.*, vol. 105, no. 3, pp. 459–467, 2020.
- [18] M. Buonanno, D. Welch, I. Shuryak, and D. J. Brenner, "Far-UVC light (222 nm) efficiently and safely inactivates airborne human coronaviruses," *Sci. Rep.*, vol. 10, 2020, Art. no. 10285.
- [19] F. Chiappa, B. Frascella, G. P. Vigezzi, M. Moro, L. Diamanti, L. Gentile, P. Lago, N. Clementi, C. Signorelli, N. Mancini, and A. Odone, "The efficacy of ultraviolet light-emitting technology against coronaviruses: A systematic review," *J. Hosp. Infect.*, vol. 114, pp. 63–78, 2021.

- [20] M. Heßling, K. Hönes, P. Vatter, and C. Lingenfelder, “Ultraviolet irradiation doses for coronavirus inactivation – review and analysis of coronavirus photoinactivation studies,” *GMS Hyg. Infect. Control*, vol. 15, 2020.
- [21] Wikipedia, “Log reduction,” online; Accessed: 2025-04-23. [Online]. Available: https://en.wikipedia.org/wiki/Log_reduction/
- [22] M. E. R. Darnell, K. Subbarao, S. M. Feinstone, and D. R. Taylor, “Inactivation of the coronavirus that induces severe acute respiratory syndrome, sars-cov,” *J. Virol. Methods*, vol. 121, no. 1, pp. 85–91, 2004.
- [23] J. L. Sagripanti and C. D. Lytle, “Sensitivity to ultraviolet radiation of lassa, vaccinia, and ebola viruses dried on surfaces,” *Arch. Virol.*, vol. 156, pp. 489–494, 2011.
- [24] Radiology Key, “Cell survival curves,” online; Accessed: 2025-04-23. [Online]. Available: <https://radiologykey.com/5-cell-survival-curves/>
- [25] S. J. McMahon, “The linear quadratic model: Usage, interpretation and challenges,” *Phys. Med. Biol.*, vol. 64, no. 1, 2018, Art. no. 01TR01.
- [26] T. Nomiya, “Discussions on target theory: Past and present,” *J. Radiat. Res.*, vol. 54, no. 6, pp. 1161–1163, 2013.
- [27] M. S. Baltadourou, K. K. Delibasis, G. N. Tsigaridas, H. G. Sandalidis, and G. K. Karagiannidis, “LaUV: A physics-based UV light simulator for disinfection and communication applications,” *IEEE Access*, vol. 9, pp. 137 543–137 559, 2021.