

## Mathematical models of predictive microbiology: potential application in seafood industries

Esmail Abdollahzadeh\*

Corresponding Author, Assistant Prof., Dept. of Genetics and Biotechnology, International Sturgeon Research Institute, National Fisheries Science Research Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Rasht, Iran.  
E-mail: [abdollahzadeh@rocketmail.com](mailto:abdollahzadeh@rocketmail.com)

---

### Article Info

**Article type:**  
Full Length Research Paper

**Article history:**  
Received: 10.11.2023  
Revised: 10.28.2023  
Accepted: 11.05.2023

**Keywords:**  
Food safety,  
Predictive models,  
Primary models

---

### ABSTRACT

Predictive microbiology is the research field of food microbiologists who try to predict microorganism's behavior in the food matrix with employing mathematical models. The predictive food microbiology is a diverse research field with various concepts and applications. Predictive microbiology can be considered as a scientific branch of food microbiology that tries to quantify the behavior of microbes in the food environment. This quantitative evaluation can be done in the form of a mathematical equation. A mathematical model is a description of a real system using mathematical equations. The use of predictive microbiology models has a long history in the fisheries and canning industries. In this regard, describing the kinetics of bacterial death with the help of heat and removing *Clostridium botulinum* is one of the common functions of these models. Although the first predictive models were presented in the 20th century, the great development of this research field has mainly been occurred in the last decades with the emergence of computer software. Various prediction models are able to predict the growth, inactivation and growth probability of bacteria in food under diverse environmental conditions. In this study, three main categories of predictive models (primary, secondary, and tertiary models) are introduced, and the software used in this field is also explained.

---

Cite this article: Abdollahzadeh, Esmail. 2024. Mathematical models of predictive microbiology: potential application in seafood industries. *Journal of Utilization and Cultivation of Aquatics*, 13 (1), 19-30.



© The Author(s).

DOI: 10.22069/japu.2023.21815.1826

Publisher: Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources

---

## مدل‌های ریاضیاتی میکروبیولوژی پیشگو: پتانسیل استفاده در صنایع شیلاتی

اسماعیل عبدالله‌زاده\*

نویسنده مسئول، استادیار بخش ژنتیک و بیوتکنولوژی، انستیتو تحقیقات بین‌المللی ماهیان خاویاری، مؤسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، رشت، ایران. رایانامه: [abdollahzadeh@rocketmail.com](mailto:abdollahzadeh@rocketmail.com)

اطلاعات مقاله	چکیده
<p>نوع مقاله: مقاله کامل علمی- پژوهشی</p> <p>تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۰۷/۱۹</p> <p>تاریخ ویرایش: ۱۴۰۲/۰۸/۰۶</p> <p>تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۰۸/۱۴</p>	<p>میکروبیولوژی پیشگویی زمینه تحقیقاتی میکروبیولوژیست‌های غذایی است که با کمک مدل‌های ریاضیاتی سعی در پیشگویی رفتار میکروارگانیسم‌ها در محیط غذایی دارند. حیطه میکروبیولوژی پیشگویی در غذا، یک زمینه تحقیقاتی وسیع با مفاهیم و کاربردهای مختلف است؛ اما میکروبیولوژی پیشگویی را می‌توان به عنوان یک شاخه علمی از میکروبیولوژی غذایی دانست که سعی در ارزیابی کمی رفتار میکروب‌ها در محیط غذایی دارد. این ارزیابی کمی می‌تواند در قالب یک معادله ریاضیاتی باشد. در واقع یک مدل ریاضی توصیفی از یک سیستم واقعی با استفاده از معادله‌های ریاضیاتی است. استفاده از مدل‌های میکروبیولوژی پیشگویی تاریخچه طولانی در صنایع شیلاتی و صنایع کنسروسازی دارد. در واقع توصیف کنتیک مرگ باکتریایی با کمک حرارت و حذف باکتری کلاستریدیوم بوتولینیوم یکی از کارکردهای مرسوم این مدل‌هاست. هر چند اولین مدل‌های پیشگو در قرن بیستم ارایه شد اما توسعه زیاد این زمینه تحقیقاتی عمدتاً در دهه‌های اخیر همگام با پیدایش نرم‌افزارهای کامپیوتری بوده است. مدل‌های مختلف پیشگو قادرند رشد، غیرفعال‌سازی و احتمال رشد باکتری‌ها را در غذا تحت شرایط محیطی مختلف پیشگویی کنند. در مطالعه حاضر سه دسته اصلی مدل‌های پیشگو (مدل‌های اولیه، ثانویه و نوع سوم) معرفی شده و در کنار آن نرم‌افزارهای مورد استفاده در این زمینه مورد بررسی قرار می‌گیرد.</p>

استناد: عبدالله‌زاده، اسماعیل (۱۴۰۳). مدل‌های ریاضیاتی میکروبیولوژی پیشگو: پتانسیل استفاده در صنایع شیلاتی. نشریه بهره‌برداری و پرورش آبزیان، ۱۳ (۱)، ۳۰-۱۹.

DOI: 10.22069/japu.2023.21815.1826



© نویسندگان.

ناشر: دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

## مقدمه

امروزه مدل‌های پیشگو به‌عنوان یک ابزار ضروری جهت حمایت از تصمیم‌سازی در حوزه ایمنی غذایی مطرح هستند؛ چرا که این مدل‌ها قادرند پاسخ‌های بسیار سریعی را برای پرسش‌های مطرح در حوزه بهداشت مواد غذایی فراهم سازند. همچنین مدل‌های پیشگو می‌توانند به عنوان یک ابزار مفید همگام با سیستم‌های خود کنترلی مانند برنامه‌های تجزیه و تحلیل خطر و کنترل نقاط بحرانی (HACCP) به کار روند. در حال حاضر سیاست‌های کلان بین‌المللی ایمنی غذایی بر توسعه مطالعات ارزیابی کمی ریسک میکروبی استوار هستند که خود به میزان زیادی توسط به‌کارگیری مدل‌های پیشگو حمایت می‌شوند. مدل‌سازی پیشگویی هنوز در مراحل توسعه و رشد خود قرار دارد اما در همین زمان نیز به عنوان یک ابزار مهم به‌منظور بهبود کیفیت و ایمنی غذایی مبدل شده‌اند (۱، ۲).

علی‌رغم پیشرفت‌های صورت گرفته در صنایع غذایی و فرآیندهای عمل‌آوری، امروزه خطرات میکروبی همچنان به همراه برخی از محصولات غذایی است. از این‌رو ارزیابی، کنترل، کاهش و یا حذف این خطرات برای کمیسیون‌های مختلف و دولت‌ها دارای اهمیت است. میکروبیولوژی پیشگویی از مدل‌های ریاضیاتی برای تخمین رفتار میکروب‌ها در غذا بهره می‌برد. از این نظر به‌کارگیری این دانش برای صنایع غذایی می‌تواند برای تضمین کیفیت، ارزیابی ریسک و ایمنی غذایی بسیار مهم باشد (۳).

خوشبختانه امروزه تحقیقات میکروبیولوژی پیشگویی در طیف وسیعی از ماتریکس‌های مختلف غذایی (جامد، مایع) انجام شده است. به عنوان مثال، Abdollahzadeh و همکاران (۴) باکتری لیستریا مونوسیژنر جداسازی شده از محصولات شیلاتی را در شرایط محیطی مختلف (نمک طعام، pH و

اسیدلاکتیک) مدل‌سازی و مدل نوع دوم را با بررسی ۱۵۰۰ نمودار رشد میکروبی جهت توصیف کینتیک باکتری‌ها ارائه نمودند. Abdollahzadeh و همکاران (۵) اثر اسانس دارچین و نانوذرات اکسید روی را بر سوبه‌های لیستریا جداسازی شده از محصولات شیلاتی را مدل‌سازی نمودند. در پژوهشی دیگر بر روی این پاتوژن مهم غذایی، Hansen و همکاران (۶) اثر استفاده از نمک را بر سوبه‌های مقاوم به حرارت لیستریا مونوسیژنر را در محیط گوشت و محصولات شیلاتی مورد بررسی قرار دادند. علاوه بر باکتری لیستریا، مدل‌های ریاضیاتی برای مدل‌سازی رشد باکتری استافیلوکوکوس ارئوس در محیط گوشت پخته شده (۷)؛ باکتری سالمونلا در سالمی (۸) و باکتری اشریشیا کلی در فیله ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان (۹) مورد استفاده قرار گرفته است. با توجه به گسترش روزافزون استفاده از این مدل‌های ریاضیاتی، در پژوهش حاضر مهم‌ترین مدل‌های میکروبیولوژی پیشگویی که کاربردهای گسترده‌ای در صنایع غذایی و محصولات شیلاتی دارند معرفی می‌گردند. با توجه به دشواری استفاده از مدل‌های ریاضیاتی، به نرم‌افزارهای کاربرپسند میکروبیولوژی پیشگویی اشاره شده است.

**چارچوب میکروبیولوژی پیشگویی:** حیطه میکروبیولوژی پیشگویی در غذا، یک زمینه تحقیقاتی وسیع با مفاهیم و کاربردهای مختلف است؛ اما میکروبیولوژی پیشگویی را می‌توان به عنوان یک شاخه علمی از میکروبیولوژی غذایی دانست که سعی در ارزیابی کمی رفتار میکروب‌ها در محیط غذایی دارد. این ارزیابی کمی می‌تواند در قالب یک معادله ریاضیاتی باشد. در واقع یک مدل ریاضی توصیفی از یک سیستم واقعی با استفاده از معادله‌های ریاضیاتی است. بنابراین مدل پایه به صورت شکل ۱ خواهد بود.

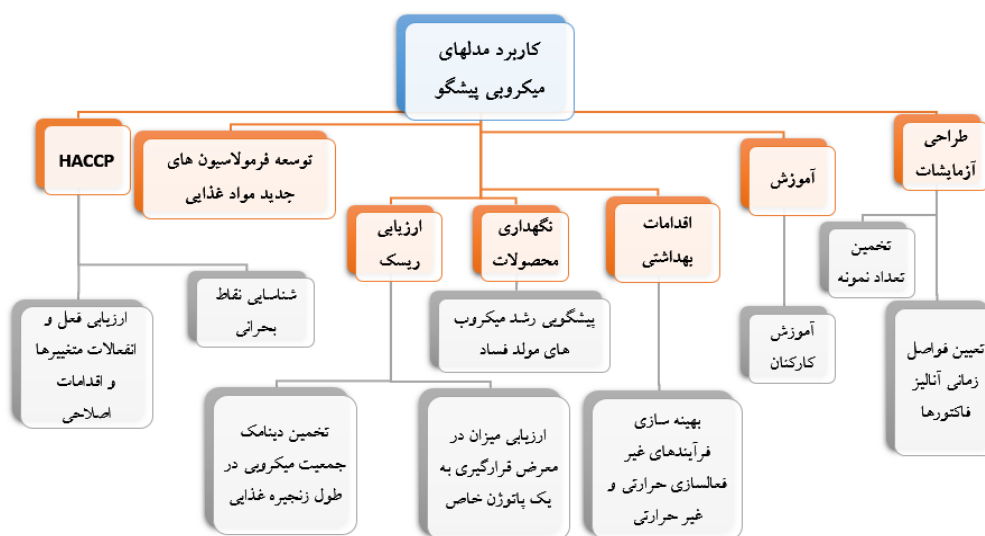


شکل ۱- مدل پایه ریاضیاتی میکروبیولوژی پیشگویی.

پیشگویی به عنوان یک ابزار سریع مؤثر، پیش‌بینی می‌شود که کاربردهای آن روز به روز افزایش یابد (۱).

با شیوع اپیدمی‌ها و مسمومیت‌های غذایی دولت‌های محلی و ارگان‌های نظارتی اولویت‌های خود را بر روی تحقیقات غذایی در جهت بهبود ایمنی غذایی معطوف ساخته‌اند. برخی از پتانسیل‌های کاربرد میکروبیولوژی پیشگویی در شکل ۲ خلاصه شده است.

خوشبختانه با پیشرفت‌های اخیر و توسعه نرم‌افزارهای کاربرپسند، این مدل‌ها به ابزار جدید و قدرتمندی برای تخمین سریع اثرات فرمولاسیون مختلف مواد غذایی و شرایط نگهداری بر رفتار میکروارگانیسم‌ها تبدیل شده‌اند. مدل‌های پیشگو می‌توانند به صورت مؤثری در سراسر زنجیره غذایی از مواد خام تا محصول نهایی مورد استفاده قرار گیرند. هرچند که فاصله بین توسعه علمی و کاربرد صنعتی علوم همواره به عنوان یک چالش مطرح بوده است. اما با توجه به شناخته شدن میکروبیولوژی



شکل ۲- کاربرد مدل‌های میکروبیولوژی پیشگو در صنایع غذایی.

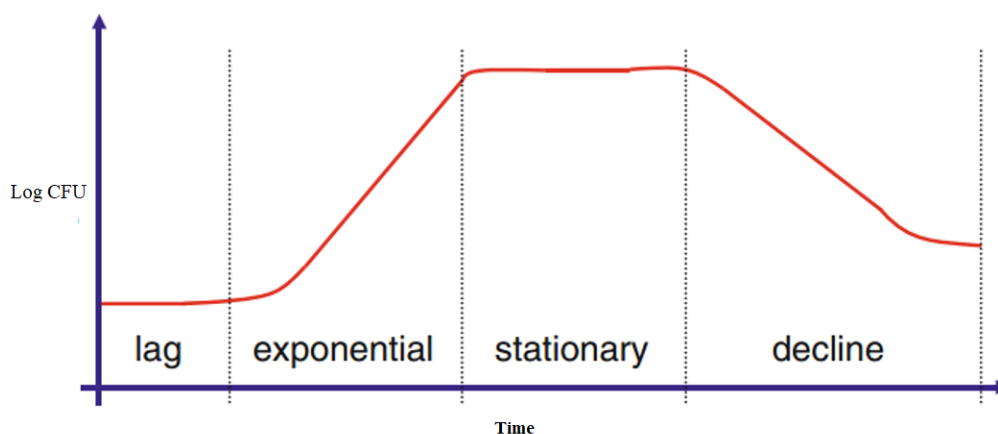
اسپورزایی، مدل‌های تجربی و مدل‌های مکانیستیکی نیز وجود دارند (۱۰). به‌طور خلاصه مدل‌های اولیه به توصیف کینتیک یک منحنی با کمک تعداد محدودی پارامتر می‌پردازد به‌طوری‌که که قادر باشد به‌طور دقیق منحنی رشد یا مرگ را توصیف نماید. در مقابل مدل‌های ثانویه به توصیف اثر پارامترهای

طبقه‌بندی مدل‌های پیشگو: بر اساس ساختار می‌توان مدل‌های پیشگو را به مدل‌های اولیه، ثانویه و مدل‌های نوع ثالث تقسیم‌بندی نمود. این نوع تقسیم‌بندی بیش‌تر بر پایه هدف نهایی و نوع پیشگویی انجام شده استوار است. علاوه بر مدل‌های کتیک، مدل‌های احتمالی (پروبالیستیک) جهت تخمین تولید سم یا

رابطه با یک یا چند فاکتور محیطی مانند دما، اسیدیته و یا فعالیت آبی تغییر می‌کند (۱۱، ۱۲).

**مدل‌های اولیه:** تاکنون مدل‌های اولیه متعددی جهت تخمین پارامترهای کینتیکی معرفی شده‌اند. به‌طور معمول اکثر مدل‌ها فاز تاخیر، فاز رشد لوگاریتمی و نهایتاً تا فاز ایستایی را مدل‌سازی می‌کنند و مدل‌سازی فاز مرگ کمتر مورد توجه قرار گرفته است (شکل ۳).

محیطی بر مقادیر پارامترهای مدل اولیه می‌پردازد. نوع سوم آن که می‌توان متکامل‌ترین نوع مدل دانست به‌طور معمول یک بسته نرم‌افزاری است که کاربران می‌توانند از آن جهت پیشگویی استفاده کنند. بنابراین مدل‌سازی در سطح اولیه به توصیف تغییرات جمعیت میکروبی در طول زمان می‌پردازد و مدل‌های ثانویه نشان می‌دهند که چگونه ویژگی‌های مدل اولیه در



شکل ۳- شماتیک چهار فاز مختلف منحنی رشد باکتری در محیط کشت.

معادله گمپرتز اصلاح شده (و مجدد پارامتری شده) به‌صورت معادله ذیل بیان می‌شود.

معروف‌ترین مدل‌های اولیه مورد استفاده شامل معادله اصلاح شده گومپرتز، مدل بارانی و روبرت، مدل روسو و مدل خطی سه فازی بوچانان است.

$$\log x = A + C \exp \left\{ -\exp \left[ 2.71 \left( \frac{R_g}{C} \right) (t_{lag} - t) + 1 \right] \right\}$$

مدل بارانی و روبرت: مدل بارانی به صورت ذیل تعریف می‌گردد.

که در این معادله، A برابر لوگاریتم جمعیت اولیه میکروبی (log cfu/ml)، C افزایش تراکم جمعیت (log cfu/ml)،  $R_g$  نرخ رشد (log cfu/h) و  $t_{lag}$  مدت زمان فاز تاخیر (h) است.

$$y = y_0 + \frac{\mu}{\ln(10)} \times A - \frac{1}{\ln(10)} \times \ln \left( 1 + \frac{e^{\mu A} - 1}{10^{(y_{max} - y_0)}} \right)$$

بوده و  $\mu$  میزان رشد ویژه باکتری ( $\text{day}^{-1}$ ) است. میزان  $A$  از طریق معادله ۲ به دست می‌آید.

$$A = t + \frac{1}{\mu} \times \ln \left( 1 + \frac{e^{-\mu t} + q_0}{1 + q_0} \right)$$

$t_{\text{lag}}$  ( $t_{\text{lag}}$ ) و از معادله ۳ به دست می‌آید.

$$t_{\text{lag}} = \frac{\ln \left( 1 + \frac{1}{q_0} \right)}{\mu}$$

تراکم جمعیت می‌باشد.

$$\begin{cases} \ln(N) = \ln(N_0), & t \leq \text{lag} \\ \ln(N) = \ln(N_{\text{max}}) - \ln \left[ 1 + \left( \frac{N_{\text{max}}}{N_0} - 1 \right) \exp(-\mu \max(t - \text{lag})) \right], & t > \text{lag} \end{cases}$$

و برای فاز ایستایی معادله ذیل را خواهیم داشت:

$$t > t_{\text{max}}; N_t = N_{\text{max}}$$

که در اینجا،  $t$  زمان سپری شده،  $N_0$  جمعیت اولیه و  $N_{\text{max}}$  حداکثر جمعیت و  $\mu$  نرخ رشد می‌باشد.

**مدل‌های ثانویه:** این مدل‌ها تغییرات پارامترهای مدل‌های اولیه مانند نرخ رشد باکتریایی و زمان تاخیر را به عنوان تابعی از فاکتورهای محیطی پیشگویی می‌کنند. یکی از معروف‌ترین مدل‌های ثانویه مدل **Ratkowsky** می‌باشد. این مدل نرخ رشد ویژه باکتری را به صورت خطی به دما ارتباط می‌دهد:

$$\mu_{\text{max}} = \mu_{\text{max Ref}} \times \frac{(T + T_{\text{min}})^2}{(T_{\text{ref}} + T_{\text{min}})^2}$$

مدل چندجمله‌ای ارائه‌شده توسط **Abdollahzadeh** و همکاران (۴) ارتباط بین نرخ رشد باکتری لیستریا مونوسیتوژنز را با غلظت نمک طعام (کم‌تر از ۵ درصد) و pH به شرح ذیل نشان می‌دهد.

که در اینجا،  $y$  تعداد باکتری با واحد  $\log_{10}(\text{cfu/ml})$  در زمان  $t$  (روز) است،  $y_0$  و  $y_{\text{max}}$  به ترتیب تعداد اولیه و تعداد نهایی باکتری‌ها با واحد  $\log_{10}(\text{cfu/ml})$

میزان  $q_0$  که پارامتری از ویژگی فیزیولوژیکی اولیه سلول‌های میکروب است که از طریق میزان زمان

**مدل روسو:** در معادله روسو  $t_{\text{lag}}$  زمان تاخیر،  $\mu_{\text{max}}$  نرخ رشد و  $N_0$  جمعیت اولیه باکتری و  $N_{\text{max}}$  حداکثر

**مدل خطی سه فازی:** مدل خطی سه فازی بوچانان در قالب سه معادله مجزا تعریف می‌شود:

برای زمان تاخیر

$$t < t_{\text{lag}}; N_t = N_0$$

برای زمان بعد از فاز تاخیر تا زمان حداکثر جمعیت میکروبی (فاز رشد نمایی)

$$t_{\text{lag}} < t < t_{\text{max}}; N_t = N_0 + \mu (t - t_{\text{lag}})$$

که در اینجا،  $T_{\text{min}}$  دمای حداقل رشد،  $T_{\text{ref}}$  و  $\mu_{\text{max Ref}}$  به ترتیب دما و حداکثر رشد ویژه باکتری است.

$$\mu = z0 + a \times NaCl + b \times pH + c \times NaCl^2 + d \times pH^2$$

(for NaCl < 5%)

همچنین جهت ارتباط نرخ رشد باکتری با غلظت‌های اسیدلاکتیک تفکیک نشده معادله ذیل ارائه شد (۴).

$$\mu = a - b / (1 + c \times x)^{\frac{1}{d}}$$

طبعاً استفاده از این مدل‌های ریاضیاتی بدون استفاده از نرم‌افزارهای کاربرپسند کار دشواریست؛ بنابراین برای این منظور از نرم‌افزارهای کاربرپسند استفاده می‌شود. اگرچه در بسیاری از پژوهش‌های میکروبیولوژی پیشگویی، ماتریکس مورد مطالعه محیط کشت میکروبی (و نه محیط غذایی) بوده است، اما از مدل‌های اولیه و ثانویه در مطالعات میکروبی فرآورده‌های شیلاتی مانند ماهی و میگو نیز استفاده زیادی شده است. جدول ۱ به مهم‌ترین مطالعات انجام شده در فرآورده‌های شیلاتی با استفاده از مدل‌های پیشگو می‌پردازد.

جدول ۱- پژوهش‌های انجام شده در خصوص استفاده از مدل‌های پیشگو در فرآورده‌های دریایی.

ردیف	نوع محصول شیلاتی	هدف/پاتوزن مورد مطالعه	فاکتورهای مورد مطالعه	منبع
۱	ماهی کاد بسته‌بندی‌شده	<i>Photobacterium phosphoreum</i> و <i>Shewanella putrefaciens</i>	دی‌اکسیدکربن و نرخ رشد باکتری	(۱۳)
۲	ماهی <i>Boops boops</i>	<i>Pseudomonas</i> spp. و <i>Shewanella putrefaciens</i>	دما، نرخ رشد، عمر ماندگاری	(۱۴)
۳	ماهی سی‌باس نگهداری شده در یخ <i>Dicentrarchus labrax</i>	شمارش کلی میکروارگانیسم‌ها، باکتری‌های سرمادوست، سودوموناس، آنروموناس، انتروباکتریاسه، فوتوباکتیریوم، کلستریدیوم	زمان نگهداری در یخ، مدل رشد میکروبی	(۱۵)
۴	فیله ماهی سیم سر طلایی	باکتری‌های لاکتیک اسید	بسته‌بندی اتمسفر اصلاح شده، دما، دی‌اکسیدکربن، نرخ رشد باکتری، عمر ماندگاری	(۱۶)
۵	ماهی سالمون بسته‌بندی‌شده در اتمسفر اصلاح‌شده	<i>Photobacterium phosphoreum</i>	دی‌اکسیدکربن، دما، نرخ رشد باکتری	(۱۷)
۶	کوفته ماهی	<i>Listeria monocytogenes</i>	پلی‌لیزین هیدروکلراید، نرخ رشد، کنتیک مرگ حرارتی، دما	(۱۸)
۷	اویستر	شمارش کلی میکروارگانیسم‌ها و <i>Vibrio parahaemolyticus</i>	دما، نرخ رشد/نرخ مرگ	(۱۹)
۸	ماهی تن خام	<i>Aeromonas hydrophila</i>	دما، نرخ رشد، مدت زمان فاز لاگ	(۲۰)
۹	میگو	<i>Pseudomonas</i> و <i>Carnobacterium</i>	نرخ رشد، دما	(۲۱)
۱۰	ماهی سیم	sulphide non-producer bacteria و sulphide-producer bacteria	نرخ رشد و دما	(۲۲)
۱۱	کپور علفخوار	شمارش کلی میکروارگانیسم‌ها	نرخ رشد	(۲۳)
۱۲	قرن‌آلای رنگین‌کمان (شکم خالی و کامل)	شمارش کلی میکروارگانیسم‌های مزوفیل، باکتری‌های سرمادوست، سودوموناس، آنروموناس، انتروباکتریاسه و باکتری‌های اسید لاکتیک	دمای نگهداری، نرخ رشد، عمر ماندگاری	(۲۴)

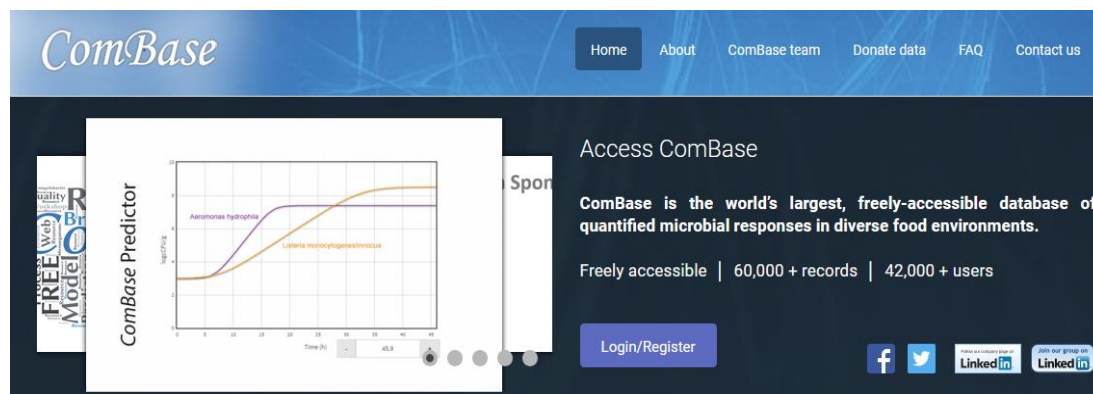
نرم‌افزارهای مفید در میکروبیولوژی پیشگویی: به صورت کلی می‌توان نرم‌افزارهای میکروبیولوژی پیشگویی را به دو دسته نرم‌افزارهای با دسترسی آزاد و نرم‌افزارهای لایسنس‌دار تقسیم‌بندی نمود. خوشبختانه تعداد مناسبی از این نرم‌افزارها با کارکرد مطلوب جهت مدلسازی به صورت رایگان در اختیار میکروبیولوژیست‌های غذایی قرار گرفته است (جدول ۲).

جدول ۲- لیست مهم‌ترین نرم‌افزارهای مورد استفاده در میکروبیولوژی پیشگویی.

نام نرم‌افزار	سطح دسترسی	استفاده‌کنندگان
Baseline	دسترسی آزاد، در بستر اینترنت	صنایع، محققان، اساتید و دانشجویان
ComBase	دسترسی آزاد، در بستر اینترنت	صنایع، محققان، اساتید، دانشجویان و دولت
Dairy Products Safety Predictor	تجاری، در بستر اینترنت	صنایع
Food Spoilage and Safety Predictor	دسترسی آزاد، قابل دانلود	صنایع، محققان، اساتید و دانشجویان
GInaFit	رایگان، قابل دانلود	صنایع، محققان، اساتید، دانشجویان و دولت
Listeria Meat Model	تجاری، قابل دانلود	صنایع غذایی و دولت‌ها
Sym'Previous	تجاری، در بستر اینترنت	صنایع، محققان، اساتید، دانشجویان و دولت

است (شکل ۵). عضویت در این پایگاه و استفاده از آن رایگان است.

نرم‌افزار **Combase**: یکی از نرم‌افزارهای بسیار قوی در میکروبیولوژی پیشگویی که خدمات خود را به صورت آنلاین ارائه می‌کند نرم‌افزار Combase

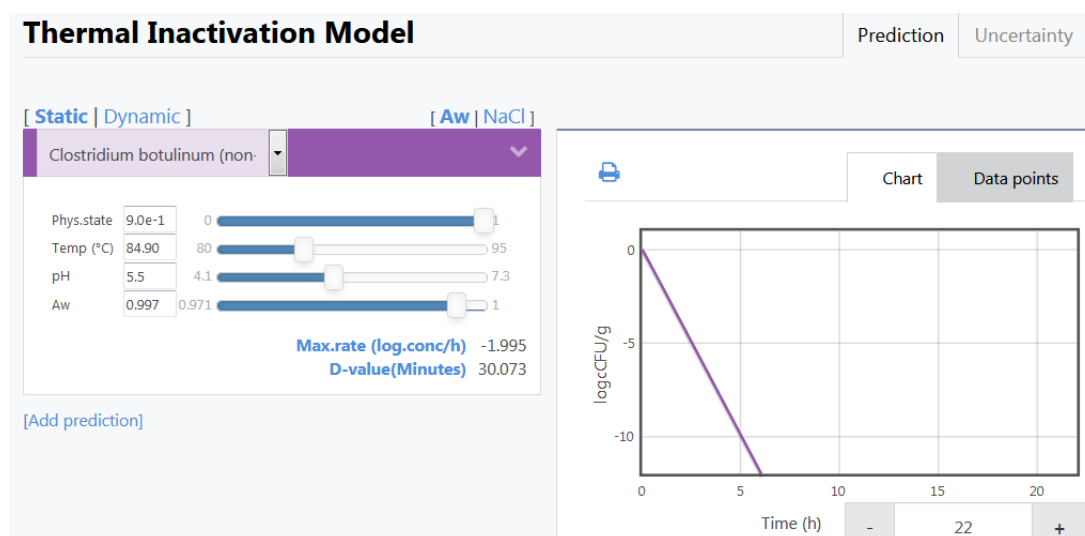


شکل ۴- نمای پایگاه و نرم‌افزار Combase با بیش از ۴۲ هزار کاربر.

در واقع ابزار پیشگو یک مدل‌ساز سطح ثانویه است که به محقق اجازه می‌دهد تحت شرایط محیطی خاصی رشد بیش از ۱۵ پاتوژن مهم غذایی (مانند لیستریا، استافیلوکوکوس، کلستریدیوم و ...) را پیش‌گویی کند.

پس از عضویت در این پایگاه سه ابزار پیشگو، مدل‌های غذایی و DMFit در اختیار کاربر قرار می‌گیرد. ابزار اول یعنی پیشگو خود دارای سه بخش رشد، غیرفعال‌سازی حرارتی و بازماندگی غیر حرارتی است.

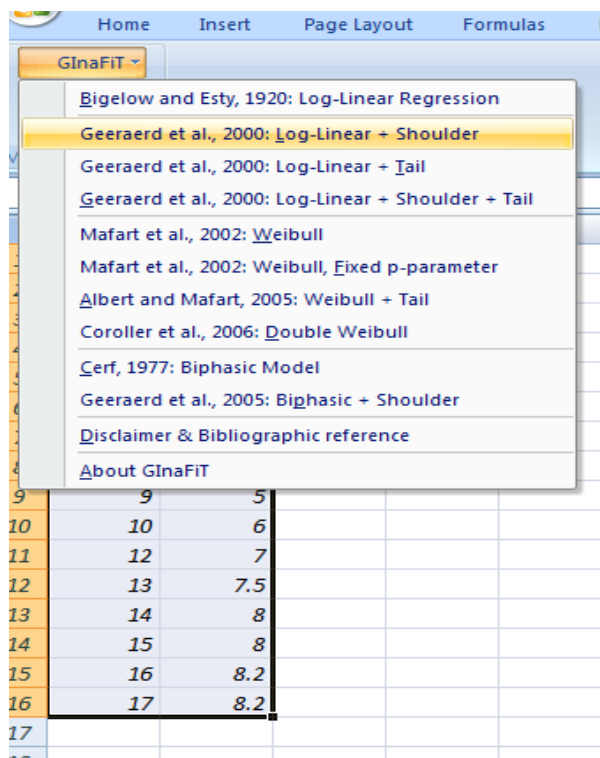




شکل ۵- مدل غیرفعال‌سازی حرارتی ابزار پیشگو برای باکتری *Clostridium botulinum*

مطلوبی برای محاسبه فاکتورهای کینتیکی باکتری در شرایط غیرفعال‌سازی (حرارتی یا غیر حرارتی) مورد استفاده قرار گیرد. شکل ۶ ابزارهای مورد دسترس این افزونه و مدل‌های مربوطه را نشان می‌دهد.

نرم‌افزار **GInaFIT**: این نرم‌افزار توسط دانشگاه Katholieke Universiteit Leuven ابزار GInaFIT در سال ۲۰۰۳ ارائه شد. این افزونه قابلیت نصب بر روی نرم‌افزار اکسل را دارا بوده و می‌تواند به نحو



شکل ۶- نمای کلی افزونه GInaFIT نصب شده در محیط اکسل.

و همکاران (۵) کنتیک مرگ باکتری لیستریا مونوسی‌توزنز را تحت تأثیر اسانس دارچین و نانوذرات اکسید روی در محیط مایع با کمک سیستم استنتاج عصبی-فازی مورد بررسی قرار دادند. در پژوهشی که اخیراً توسط Metekia و Ulusoy (۲۶) انجام شده است، از سیستم استنتاج عصبی-فازی جهت بررسی اثر عصاره اسپیرولینا بر روی باکتری‌های سرمادوست و مزوفیل فیله ماهی تیلاپیا استفاده شد که نتایج داده‌های آزمایشگاهی با مدل‌های شبکه عصبی مصنوعی در تطابق بود.

### توصیه‌های ترویجی

اگرچه تاریخچه پیدایش میکروبیولوژی پیشگویی به پژوهش‌های انجام شده توسط بیگلو در سال‌های ۱۹۲۱ و ۱۹۲۰ و همچنین کارهای استی و مایر در سال ۱۹۲۲ برمی‌گردد، اما تاکنون کاربرد صنعتی این مدل‌های بیش‌تر در صنایع کنسروسازی (جهت توصیف کنتیک مرگ باکتریایی) نمود داشته است. موارد ذیل می‌تواند به عنوان فیلدهای کاری جهت استفاده بهینه از این مدل‌ها در عرصه تحقیقات و صنعت باشد:

- ۱- توسعه فرمولاسیون‌های نوین و ایمن غذایی متکی بر مدل‌های پیشگو
- ۲- استفاده در آنالیز خطر و کنترل نقاط بحرانی در کارخانه‌ها
- ۳- تخمین مدت عمر ماندگاری و پیشگویی رشد میکروارگانیسم‌های مولد فساد در محصولات شیلاتی
- ۴- آموزش کارکنان و همچنین طراحی آزمایش‌ها

نرم‌افزار FSSP: نرم‌افزار FSSP توسط دانشگاه DTU توسعه داده شده و در واقع نمایی از مدل‌های نوع سوم را به نمایش می‌گذارد. در این نرم‌افزار می‌توان مدل‌های عمده فساد میکروبی را مورد بررسی قرار داد. به عنوان مثال می‌توان میزان رشد باکتری‌های لاکتوباسیل در محصولات شیلاتی سرد شده و گوشت را تخمین زد. همچنین امکان استفاده از مدل‌های پیشگو جهت تخمین رشد باکتری لیستریا مونوسی‌توزنز کشت داده شده هم‌زمان با باکتری‌های لاکتیک اسید در فرآورده‌های شیلاتی وجود دارد.

### هوش مصنوعی و کاربردهای آن در صنایع غذایی:

هوش مصنوعی یک تکنولوژی نوپدید است که طی دهه‌های اخیر در صنایع غذایی کاربرد یافته است. این تکنولوژی دارای کاربردهای مختلفی در صنایع غذایی است. یکی از کاربردهای آن در بررسی کیفیت مواد غذایی است. از این‌رو هوش مصنوعی نیز همانند مدلسازی پیشگویی میکروبی سعی در بررسی کیفیت غذا از طریق ابزارهای نوین دارد. در پژوهشی که اخیراً توسط Mavani و همکاران (۲۵) چاپ شده است به مبانی سیستم‌های هوش مصنوعی و کاربردهای آن در صنایع غذایی اشاره شده است. هوش مصنوعی با سایر سیستم‌ها مانند بینی الکترونیکی، زبان الکترونیکی، سیستم دید کامپیوتری و طیف‌سنجی مادون قرمز به کار رفته است. امروزه از سیستم‌های هوش مصنوعی برای بررسی ایمنی غذایی نیز استفاده شده است. یکی از نمونه‌های پرکاربرد هوش مصنوعی در پژوهش‌های میکروبی معطوف به استفاده از منطق فازی و سیستم استنتاج عصبی-فازی سازگار (انفیس) می‌باشد. به‌عنوان مثال، Abdollahzadeh

## منابع

1. Abdollahzadeh, E. (2016). The prevalence of serotypes and virulence genes of *Listeria monocytogenes* in seafood products and studying the effect of ZnO nanoparticles on isolated strains. Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources. PhD thesis. 184p. [In Persian]
2. Pouillot, R., & Lubran, M. B. (2011). Predictive microbiology models vs. modeling microbial growth within *Listeria monocytogenes* risk assessment: what parameters matter and why. *Food Microbiology*, 28 (4), 720-726.
3. Chen, Q., Zhao, Z., Wang, X., Xiong, K., & Shi, C. (2022). Microbiological predictive modeling and risk analysis based on the one-step kinetic integrated Wiener process. *Innovative Food Science & Emerging Technologies*, 75, 102912.
4. Abdollahzadeh, E., Hosseini, H., Ojagh, S. M., Koushki, M. R., & Moghaddam, L. A. (2021). Secondary modeling and strain variability of *Listeria monocytogenes* isolated from seafood and clinical samples at various environmental conditions using high-throughput turbidity method. *Applied Food Biotechnology*, 8 (3), 225-236.
5. Abdollahzadeh, E., Ojagh, S. M., Hosseini, H., Irajian, G., & Ghaemi, E. A. (2017). Predictive modeling of survival/death of *Listeria monocytogenes* in liquid media: Bacterial responses to cinnamon essential oil, ZnO nanoparticles, and strain. *Food Control*, 73, 954-965.
6. Hansen, T. B., Abdalas, S., Al-Hilali, I., & Hansen, L. T. (2021). Predicting the effect of salt on heat tolerance of *Listeria monocytogenes* in meat and fish products. *International Journal of Food Microbiology*, 352, 109265.
7. Castillejo-Rodriguez, A. M., Gimeno, R. G., Cosano, G. Z., Alcalá, E. B., & Pérez, M. R. (2002). Assessment of mathematical models for predicting *Staphylococcus aureus* growth in cooked meat products. *Journal of Food Protection*, 65 (4), 659-665.
8. Werlang, G. O., Vieira, T. R., Cardoso, M., & de Freitas Costa, E. (2021). Application of a predictive microbiological model for estimation of *Salmonella* behavior throughout the manufacturing process of salami in environmental conditions of small-scale Brazilian manufacturers. *Microbial Risk Analysis*, 19, 100177.
9. Sagdic, O., & Ozturk, I. (2014). Kinetic modeling of *Escherichia coli* O157: H7 growth in rainbow trout fillets as affected by oregano and thyme essential oils and different packing treatments. *International Journal of Food Properties*, 17 (2), 371-385.
10. Stavropoulou, E., & Bezirtzoglou, E. (2019). Predictive modeling of microbial behavior in food. *Foods*, 8 (12), 654.
11. McMeekin, T., & Ross, T. (2002). Predictive microbiology: providing a knowledge-based framework for change management. *International Journal of Food Microbiology*, 78 (1), 133-153.
12. Membre, J. M., & Lambert, R. J. (2008). Application of predictive modelling techniques in industry: From food design up to risk assessment. *International Journal of Food Microbiology*, 128, 10-15.
13. Dalgaard, P. (1995). Modelling of microbial activity and prediction of shelf life for packed fresh fish. *International Journal of Food Microbiology*, 26 (3), 305-317.
14. Taoukis, P. S., Koutsoumanis, K., & Nychas, G. J. E. (1999). Use of time-temperature integrators and predictive modelling for shelf life control of chilled fish under dynamic storage conditions. *International Journal of Food Microbiology*, 53 (1), 21-31.
15. Carrascosa, C., Millán, R., Saavedra, P., Jaber, J. R., Montenegro, T., Raposo, A., ... & Sanjuán, E. (2014). Predictive models for bacterial growth in sea bass (*Dicentrarchus labrax*) stored in ice. *International Journal of Food Science & Technology*, 49 (2), 354-363.
16. Tsironi, T., Stamatiou, A., Giannoglou, M., Velliou, E., & Taoukis, P. S. (2011). Predictive modelling and selection of time temperature integrators for monitoring the shelf life of modified

- atmosphere packed gilthead seabream fillets. *LWT-Food Science and Technology*, 44 (4), 1156-1163.
17. Powell, S. M., Ratkowsky, D. A., & Tamplin, M. L. (2015). Predictive model for the growth of spoilage bacteria on modified atmosphere packaged Atlantic salmon produced in Australia. *Food microbiology*, 47, 111-115.
  18. Jia, Z., Li, C., Fang, T., & Chen, J. (2019). Predictive Modeling of the Effect of  $\epsilon$ -Polylysine Hydrochloride on Growth and Thermal Inactivation of *Listeria monocytogenes* in Fish Balls. *Journal of Food Science*, 84 (1), 127-132.
  19. Fernandez-Piquer, J., Bowman, J. P., Ross, T., & Tamplin, M. L. (2011). Predictive models for the effect of storage temperature on *Vibrio parahaemolyticus* viability and counts of total viable bacteria in Pacific oysters (*Crassostrea gigas*). *Applied and Environmental Microbiology*, 77 (24), 8687-8695.
  20. Kim, J. Y., Jeon, E. B., Song, M. G., Park, S. H., & Park, S. Y. (2022). Development of predictive growth models of *Aeromonas hydrophila* on raw tuna *Thunnus orientalis* as a function of storage temperatures. *LWT*, 156, 113052.
  21. Dabadé, D. S., Azokpota, P., Nout, M. R., Hounhouigan, D. J., Zwietering, M. H., & den Besten, H. M. (2015). Prediction of spoilage of tropical shrimp (*Penaeus notialis*) under dynamic temperature regimes. *International Journal of Food Microbiology*, 210, 121-130.
  22. Giuffrida, A., Valenti, D., Giarratana, F., Ziino, G., & Panebianco, A. (2013). A new approach to modelling the shelf life of Gilthead seabream (*Sparus aurata*). *International Journal of Food Science & Technology*, 48 (6), 1235-1242.
  23. Ying, X., Zinnai, A., Venturi, F., Sanmartin, C., & Deng, S. (2017). Freshness evaluation of grass carp (*Ctenopharyngodon idella*) by electronic nose. *Journal of Food Measurement and Characterization*, 11, 1026-1034.
  24. Genç, I. Y., & Diler, A. (2019). Development of shelf life prediction model in rainbow trout stored at different temperatures. *Journal of Aquatic Food Product Technology*, 28 (10), 1027-1036.
  25. Mavani, N. R., Ali, J. M., Othman, S., Hussain, M. A., Hashim, H., & Rahman, N. A. (2022). Application of artificial intelligence in food industry-a guideline. *Food Engineering Reviews*, 14 (1), 134-175.
  26. Metekia, W. A., & Ulusoy, B. H. (2023). Antimicrobial activity of *Spirulina platensis* extract on total mesophilic and psychrophilic bacteria of fresh tilapia fillet. *Scientific Reports*, 13 (1), 13081.