

МОДЕЛИРОВАНИЕ ПИЩЕВОЙ БЕЗОПАСНОСТИ

Джураев.Х.Ф., Мухаммадиев Б.Т., Ёдгорова М.О.

Бухарский инженерно-технологический институт

Мақолада озиқ-овқат маҳсулотлари таркибидаги ифлослантирувчи моддаларнинг ҳаракатини икки йўналишида тавсифловчи математик моделлардан фойдаланиш тўғрисида фикр юритилган.

Калит сўзлар: *эҳтимолий микробиология, патогенлар, моделлаштириш, 1-чи, 2-чи, 3-чи математик моделлар, қишлоқ хўжалиги ишлаб чиқариши, моделларни қўллаш*

В статье рассматривается применение математических моделей, описывающих поведение контаминантов в двух направлениях.

Ключевые слова: *вероятностная микробиология, патогены, моделирование, математические модели 1-е, 2-е, 3-е, агропроизводство, применение моделей*

This article discusses the application of mathematical models describing the behavior of contaminants in two directions.

Key words: *probabilistic microbiology, pathogens, modeling, mathematical models 1-st, 2-nd, 3-nd, agricultural production, application of models*

Введение

Некоторые явления в пищевой безопасности вынуждают качественный подход глубокого изучения поведения химических и микробных контаминантов в ПП. Математические модели могут быть полезным инструментом в реализации данного изучения. В данной статье рассматривается применение математических моделей, описывающих

поведение контаминантов в двух направлениях: 1) вероятностная микробиология и 2) миграция химических соединений из упаковочных материалов. Математический подход для оценки риска обсуждается также. Однако, целью статьи не является загружать читателя математическими уравнениями. Уравнения приводятся лишь для иллюстрации различных подходов, применяемых для освещения вышеотмеченной задачи.

Результаты и их обсуждение

I. Вероятностная микробиология-моделирование поведения микроба.

За последние десятилетия диоксины и ПХБ, а также микробные опасности, такие как листерия и бациллы достигли значительное распространение и стали критическими для здоровья потребителя. Вероятностная микробиология может решить эти проблемы. Разработанная модель даст возможность быстрого способа оценки сроков хранения в соответствии с микробным повреждением и оценить микробную безопасность ПП. Такая информация может быть применима для различных условий хранения и способствует принять коррективные меры. Более того, возможности ИТ возросли экспоненциально, цены упали, сделав возможным для каждого пользователя доступ к появляющимся методологиям моделирования.

Вероятностной пищевой микробиологии можно дать такое определение, как применение математических выражений для описания поведения микробов в ПП.[1] она основывается на допущении, что отношения рассматриваемой популяция микроорганизмов к факторам внешней среды воспроизводима и, что характеризуя окружающую среду, исходя из тех факторов, которые наиболее сильно подавляют рост и появление микроорганизмов, возможно из последнего наблюдения, чтобы предсказать отношение этих микробов к другой, схожей окружающей среде[2]. Эти знания можно описать и суммировать математической

моделью, которая может быть использована для предсказания количественного поведения популяции микробов ПП, т.е. рост, вымирание образование токсинов по навыкам окружающей ПП среды за все время.

Классически, модели могут быть разделены на 3 группы: начальная модель описывающая эволюцию во времени количества бактерий в заданных, установленных условиях. Когда эти условия благоприятны для бактерий 1-я модель будет моделью роста, в то время как в условиях стресса, это модель будет моделью инактивации. 2-я модель занимается влиянием условий окружающей среды, как T, pH, α_w или состав атмосферы, на 1-ю модель. В 3-й модели предыдущие два суммируются и применяются осторожном (бережном) упаковке. В данной статье будут суммированы текущие инструменты моделирования: будут обсуждаться различные типы 1-й и 2-й модели (некоторые), освещаются процедуры разработки модели и приводятся некоторые показательные примеры.

Совсем недавно разработана вероятностная модель для роста бактерий в специальных условиях окружающей среды, т.е. при наличии ряда стрессов, которые в отдельности не влияют, но вместе подавляют рост[2]. Эти модели, также названные моделями «рост/ нет роста» интерфейсными моделями, освещают переход между моделью роста и моделью инактивации.

Предполагается, что традиционное разделение вероятностной микробиология на кинетические и вероятностные модели является искусственным. Они аргументируют, что 2 типа модельного подхода представляют удобнейшее окончание спектра требований моделирования, с исследованием обоих концов случайно сходящимся вместе это может быть доказано моделями «рост/ нет роста», который является логическим продолжением модели кинетики роста. Когда окружающие условия становятся более стрессными, скорость роста медленно падает, лаг-фаза продолжается до тех пор, пока скорость роста не станет равной нулю, или

лаг-фаза достигнет вечно. В пределах сумерной зоны моделирование нуждается в смещении от кинетической модели, когда окружающие условия все ещё поддерживают рост, к вероятностной модели, когда достигается интерфейс «рост/ нет роста», демонстрируя тесную связь между 2 типами моделей.

Обычно используется для моделирования роста клеток как функция времен кривая сигмондного роста, хотя иногда кривая 3-хфазная липейная модель в качестве укрощения[5]. Пример приведен на рис.9.2. символы показывают собранным данные, в то время как сплошная линия представляет модель сигмондного роста. Кривые роста в основном чертят на основанной шкале для плотности клеток как функцию времени, т.к. рост микробов является экспоненциальным феноменом, но иногда предпочитается база натурального логаризма \ln .

Традиционно, кривая сигмондного роста описывается, используя 4 параметра скорость экспоненциального роста μ_{\max} , лаг-фаза уровень инокулума и максимум плотности клеток N_{\max} . Скорость экспоненциального роста определяется как крутая касательной к экспоненциальной фазе, так тангенс точки прилипания, в то время как лаг-фаза определяется как время в течении которого экстраполированная касательная линия пересекает уровень инокулума [5]. Время генерации (GT), время необходимое для удвоения клеток в час или день, может быть рассчитан из μ_{\max} :

$$GT = \frac{\lg 2}{\mu_{\max}}$$

В 80-х годах была предложена нелинейная модели. Гибсон с сотр.[3] ввели функцию Гомерца в пищевую микробиологию, делая её способным выражать $\log(\text{cfu}/\text{мл})$ как функцию времени, используя сигмоидную форму.

$\log N(t) = A + D \exp\{-B(-M)\}$, где

μ -плотность клеток по времени t

A значения нижней асимитоты

разность значения между верхней и нижней асимитотой $N_{max}-N_0$

M - время, при котором скорость роста является максимальной

B - относится к скорости роста

Параметры модели Гомперц могут быть преобразованы в характеристику классической первичной кривой роста

$$N_0=A$$

$$N_{max}=A+D$$

$$\mu_{max}=BD/\exp(1)$$

$$\lambda=M*1/B$$

В соответствии с моделью Гомперц Гибсоном была предложена логарифмическая сигмоидная кривая для предсказания роста бактерий

$$\log N(t)=\frac{D}{A + \exp[-B(t-M)]}$$

Полученные результаты схожи с функцией Гомперца, но логарифмическая модель является симметричной моделью, в то время как кривые роста-нет. Поэтому модель Гомперца была предпочтительной, чем логорифмическая модель. В ранних исследованиях точка знания двигалась от статической 1-й модели к динамической 1-й модели. Предполагалось[6], что динамическое дифференциальное уравнения 1-го порядка для предсказания как роста микробов, так и их инактивации по отношению к времени и к температуре. Она была одной из 1-х разработанных моделей, которая была способна учитывать изменяющуюся во времени температуру всей температурной области роста и инактивации. Также можно было

иметь ввиду предыдущую историю продукта. В специальных случаях постоянства температуры модель ведет себя подобно соответствующей модели Гомперца.

2-я модель динамического роста была разработана [7] и она основывается на дифференциальном уравнении 1-го порядка.

$\frac{dx}{dt} = \mu(x)x$, где $x(t)$ -концентрация клеток при времени t , $\mu(x)$ -скорость специального роста. Если $\mu(x)=\mu_{\max}$ то уравнение описывает чистый экспоненциальный рост.

Дифференциальное уравнение 1-го порядка сводится к двум скорректированным функциям: адаптация функции $\alpha(t)$, описывающая гладкий переход от уровня инокулума к экспоненциальной фазе роста, и функция ингибирования $u(x)$, описывающая переход от экспоненциальной фазы роста к стационарной фазе. Поэтому структурой для модели роста является:

$$d_x/d_t = \mu_{\max} \alpha(t) u(x)x$$

Вторичные модели

2-е модели моделируют влияние внутренних (pH , α_w и др.) и внешних (T, P, C и др.) факторов на рост микроорганизмов внутри матрикса ПП. Были построены различные модельные подходы, простирающие от полностью эмпирических моделей к более механистически ориентированным попыткам со множеством переменных в формуле модели. Примерами могут быть 4 группы моделей: 1) модель Аррениуса и её модификации, 2) модель Белерадека или квадратный корень модели, 3) модель кардинальных значений, 4) модели зависимости от поверхности [8] или полиномиальные модели.

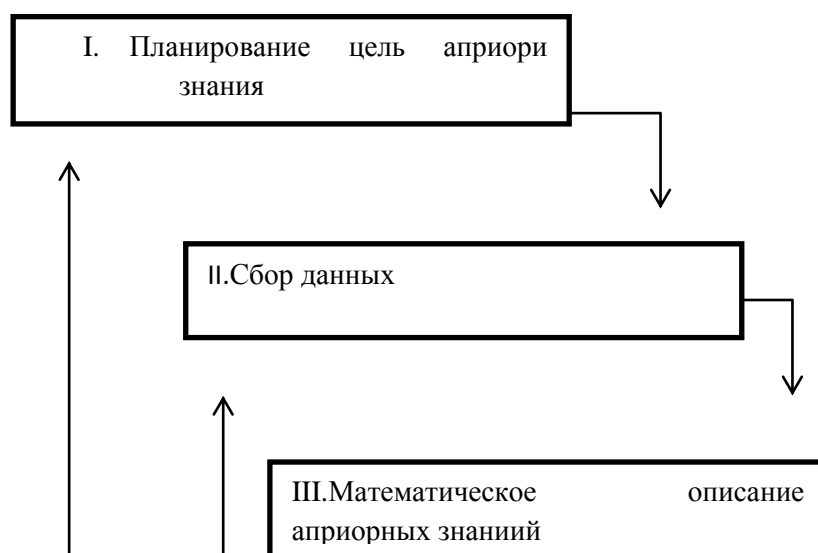
Третьичные модели

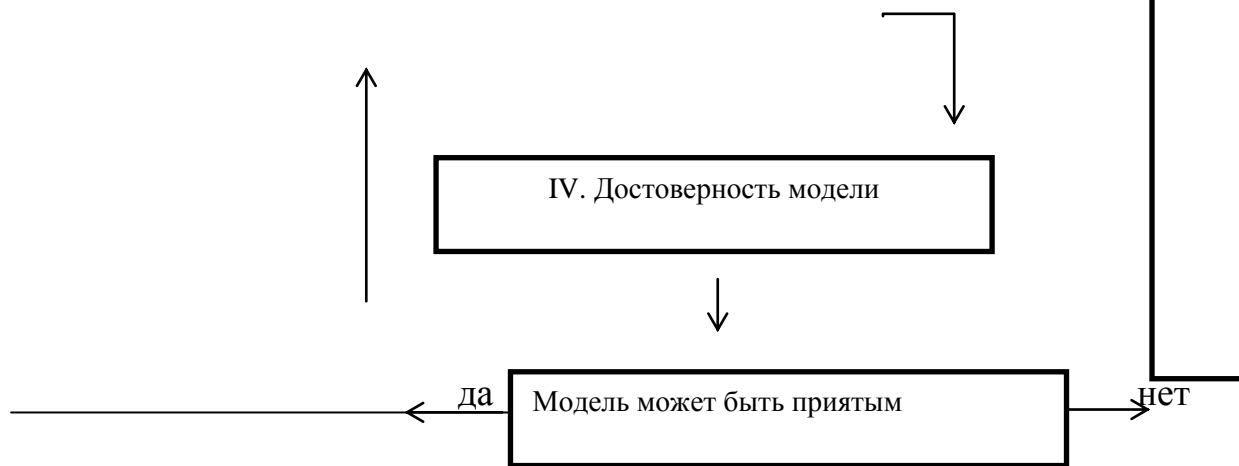
Наиболее хорошо известными 3-ми моделями являются PMP-pathogen modelling programm, который разрабатывался(USDA) PMP= ПМП-потоген US Drug модулирующим администрация программы. Она описывает поведение различных патогенных бактерий как функцию условий окружающей среды. Модель содержит кривую роста, кривую инактивации, наблюдение, охлаждение и модели облучения. Модель регулярно обогащается текущими знаниями по моделированию. PMP можно скачать из вебсайта USDA.

Другой хорошо известной программой является предсказывание повреждения морские пищевых продуктов (SSP-Seafood Spoilage Predictor), который фокусирован на порчу морской свежей рыбы, как функцию температуры и газовой среды. Реалистическая комбинация время-температура может быть определена и будет предсказан последующий рост бактерий, вместе с оставшиеся срок хранения ям. Программу можно легко скачать из интернета.

Разработка предсказывающей модели в области пищевой безопасности в основном осуществляется в 4 стадии: 1) планирования 2) сбор данных и анализ 3) пример функции 4) проверка и поддержка (рис1):

Модельный цикл





Вероятностная микробиология нацелена на количественный расчет роста микробов в ПП, с применением математического моделирования. Для определения того, что предположение предоставляет хорошее совпадения описания роста микробов в ПП. Модель должен быть проверен по предсказывающей способностью[9]. Проверку следовало бы проводить в питательной среде, но особенно лучше в реальном ПП.

Точность модели можно оценить графически, откладывая наблюдаемые значения против соответствующих значений вероятностной модели. Более того, среднеквадратичную (MSE) ошибку и значения R^2 также можно использовать в качестве индикации достоверности модели, когда она применяется для ПП. Росс(10) предложил указания по возможностям математических моделей, используемых в вероятностной микробиологии. Цель этих указаний заключалась в способности оценить достоверность таких моделей, когда они сравниваются с наблюдаемыми, не использованные для генерации модели, особенно в ПП, и следовательно оценить их utility помочь в решениях по качеству и безопасности ПП. Дальнейшая цель заключалась в предоставлении простых и количественных измерений достоверности модели.

Заключение

Применение вероятностных моделей может быстро предоставлять информацию и поэтому, является важным для ценить реальное значения и

полезность предсказывающих моделей. Однако, важно подчеркнуть, что их применения не сможет полностью заменить микробный анализ образца или значения технических навыков и работу опытного микробиолога. Это можно описать следующим образом: модель является хорошим дискуссионным партнером, дающим вам хорошую идею, указывая вам правильное направления, но подобно другим дискуссионным партнеромбывает не всегда прав. Она должна рассматриваться как один из инструментов, который дает решение, активный в сфере ПП, имеет свои позиции для консолидации их решений. (в табл. суммированы многие применения, предложенные для вероятностной пищевой микробиологии)

Абстракт (Резюме)

В статье приводится обзор литературных данных и собственные суждения по вопросам математического моделирования качества и безопасности ПП. За основу взят поведение микроорганизмов в различных условиях хранения и переработки сырья и продукции агропроизводства. Рассматриваются также условия и сферы применения различных типов (1-х,2-х,3-х) моделей вероятностной микробиологии.

Табл1: Возможные сферы применения вероятностной пищевой микробиологии

I. Анализ опасности и контроль крит.точек(НАССР)

1. Предварительный анализ опасности
2. Идентификация и установление критических контрольных точек
3. Корректирующие действия
4. Оценка значений взаимодействия между переменными

II. Оценка риска

1. Оценка изменения числа микробов в цепи производства

2. Оценка экспозиции к определенному патогену
- III. Изучения условий жизни микробов
1. Предсказание роста специальных вредителей ПП.
 2. Предсказание роста специальных патогенов в ПП.
- IV. Исследование и разработка продукта
1. Эффект изменения состава ПП на пищевую безопасность и порчу ПП.
 2. Влияние переработки на пищевую безопасность и порчу ПП.
 3. Оценка влияния отклонений от специфических обстоятельств
- V. Интегральная функция температуры и активные гигиенические действия
1. Температурные последствия в цепи охлаждения на безопасности и порчи ПП
- VI. Обучение
1. Обучение технического и особенно не технического персонала
- VII. Дизайн опытов
1. Число образцов, которые необходимо приготовить
 2. Определение интервала между взятием проб.

Литература

1. Whiting R.C. Buchanan R.L. "Microbial modeling", Food Tech.88(6), 124, 2014
2. Ross T.P. et al. "Predictive modelling of the growth and survival of Listeria in fishery products", Int.J.Food Microbiol, 2010 92,109
3. Gibson A.M., Hocking A.D. "Advances in the predictive modelling of sugar growth". Trends Food Sci.Tech. 2007, 18,209
4. McDonald K. Sun D. "Predictive Food Microbiology for the meat industry review". Int.S. Food Microbiology, 2009,73,17

5. McMeekin T.A. et al. "Predictive Microbiology-theory and application", Jhon Wiley and sons incorp., New York, 2013, 222
6. Van Impe J.F. et al "Dinamic mathematic models to predict microbial growth and inactivation during food processing". Appl Env. Microbial,88(19), 1121, 2012
7. Baranyi Ju Roberts T.A. "A dinamic approach to predicting bacterial growth in food", Int.J.Food Microbial, 2014,73,94
8. Te Geitfel M.C., Zwietering M.H. "Validation of predictive models describing the growth of listeria mon". S.Jut Food Microbiology, 96,199,2009.
9. Ross T. " Indeces for perfomance of predictive models in food microbiology". S.Appl. Bacteriol., 116, 222, 2016.