XÁC ĐỊNH CÁC THÔNG SỐ CỦA MÔ HÌNH ĐỘNG HỌC VỀ SỰ PHÁT TRIỂN CỦA VI SINH VẬT GÂY HỎNG VÀ CHỈ THỊ VỆ SINH TRÊN TÔM SÚ CUỐI CHUỖI CUNG ỨNG LẠNH

Mai Thị Tuyết Nga[1*], Trần Minh Văn[2]

TÓM TẮT

Nghiên cứu này nhằm xác định các thông số của mô hình động học về sự phát triển của các vi sinh vật gây hỏng đặc trưng (vi sinh vật hiếu khí phát triển ở nhiệt độ dương thấp TVC, *Pseudomonas* spp. và vi khuẩn sinh H_2S) và các vi khuẩn chỉ thị vệ sinh (coliform và/hoặc *Escherichia coli*) trên tôm sú nguyên liệu bảo quản ở nhiệt độ dương thấp. Quá trình được thực hiện dựa trên các mô hình sơ cấp Baranyi & Roberts và/hoặc Gompertz và mô hình thứ cấp căn bậc hai của Ratkowsky. Kết quả cho thấy tốc độ phát triển tối đa (pha log) của tất cả các vi sinh vật mục tiêu càng cao ở nhiệt độ càng cao. Mô hình sơ cấp Baranyi & Roberts cho sai số dự đoán bé hơn so với mô hình Gompertz. Các thông số của mô hình thứ cấp được xác định cho TVC, *Pseudomonas* spp. và coliform. Kết quả kiểm định các mô hình động học về sự phát triển của TVC và *Pseudomonas* spp. cho thấy trên 70% lượng vi sinh vật đo được nằm trong vùng mô phỏng chấp nhận ASZ của mô hình, chứng tỏ khả năng ứng dụng của những mô hình này vào dự đoán lượng vi sinh vật dựa trên lịch sử nhiệt độ của môi trường và/hoặc thuỷ sản. Tuy nhiên, cần tiếp tục nghiên cứu và cập nhật cơ sở dữ liệu về vi sinh vật của tôm sú trong chuỗi cung ứng để cải thiện mô hình.

Từ khóa: *Mô hình, động học, nhiệt độ, chuỗi cung ứng, thuỷ sản, quản lý chất lượng.*

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Tôm sú *(Penaeus monodon)* là một trong những loài thủy sản có giá trị kinh tế cao. Sản lượng tôm sú của Việt Nam năm 2020 đạt 267,7 ngàn tấn với tổng giá trị xuất khẩu là trên 575 triệu USD (trong tổng giá trị xuất khẩu thuỷ sản cả nước là 8,41 tỷ USD) (VASEP, 2021). Theo thống kê của GlobeFish (FAO, 2020), năm 2019 Việt Nam đứng ba thế giới (sau Trung Quốc và Ấn Độ) về sản xuất tôm chân trắng và tôm sú với khoảng 550 ngàn tấn và cũng đứng thứ ba (sau Ấn Độ và Ecuador) về xuất khẩu tôm với hơn 390 ngàn tấn.

Thủy sản nói chung, tôm sú nói riêng rất dễ bị hư hỏng dưới ảnh hưởng của nhiệt độ bảo quản, sự tăng hoặc dao động của nhiệt độ bảo quản đều có tác động xấu đến chất lượng thủy sản (Mai và cộng sự, 2012). Đó là lý do tại sao cần phải giám sát chặt chẽ nhiệt độ thủy sản trong suốt quá trình cung ứng, cũng như cần hiểu rõ động học của quá trình hư hỏng của thủy sản mục tiêu để có thể dự đoán được chất lượng của chúng, từ đó có những giải pháp về bảo quản phù hợp, giúp quản lý chất lượng tốt hơn.

Lạm dụng nhiệt độ trong bất kỳ giai đoạn nào của chuỗi phân phối đều thường dẫn đến giảm chất lượng và ảnh hưởng đến an toàn thực phẩm, thời hạn bảo quản của sản phẩm sẽ giảm đáng kể trong trường hợp bảo quản ở nhiệt độ cao kéo dài (Raab và cộng sự, 2008; Mai và cộng sự, 2011). Nhiệt độ ảnh hưởng lớn đến tốc độ sinh trưởng và hoạt động của vi sinh vật, nguyên nhân chính của sự hư hỏng của sản phẩm thủy sản tươi ướp lạnh. Giám sát liên tục lịch sử nhiệt độ theo thời gian bảo quản của thủy sản sẽ cho phép quản lý tốt hơn chất lượng thủy sản trong chuỗi cung ứng lạnh (Mai và cộng sự, 2011). Tích hợp tiên đoán lượng vi sinh vật và kiến thức về hoạt động của vi sinh vật ứng với các điều kiện môi trường vào một mô hình toán học cho phép định lượng ảnh hưởng của điều kiện chế biến, phân phối và bảo quản đến chất lượng thực phẩm (McMeekin và Ross, 2002).

Để dự đoán sự biến đổi của vi sinh vật trong thực phẩm nói chung và thủy sản nói riêng theo thời gian bảo quản ở nhiệt độ ổn định, người ta thường dùng các mô hình thứ cấp Baranyi & Roberts (1995) hoặc Gompertz (Bruckner và cộng sự, 2013) để lắp các dữ

[1] Bộ môn Công nghệ Thực phẩm, Khoa Công nghệ Thực phẩm, Trường Đại học Nha Trang
[2] Tổ Công nghệ Thông tin, Trường Đại học Nha Trang

liệu vi sinh vật quan sát được, từ đó tìm ra các thông số tương ứng của mô hình.

Để dự đoán ảnh hưởng của nhiệt độ đến sự phát triển của vi sinh vật trong thực phẩm/thủy sản, người ta thường dùng mô hình thứ cấp căn bậc hai (Ratkowsky và cộng sự, 1982; Dalgaard và cộng sự, 2002). Kết hợp cả hai mô hình sơ cấp và thứ cấp, có thể dự đoán được lượng vi sinh vật đích trong thực phẩm/thủy sản dựa trên lịch sử nhiệt độ (Dalgaard và cộng sự, 2002; Dabade và cộng sự, 2015; Gospavic và cộng sự, 2008, Bruckner và cộng sự, 2013).

Đến nay đã có những nghiên cứu về sự biến đổi chất lượng cảm quan, hoá học và vi sinh vật của tôm sú; những nghiên cứu xây dựng mô hình về sự phát triển của vi sinh vật cho một số loài thuỷ sản, song chưa có bất cứ nghiên cứu nào về mô hình động học của sự phát triển của vi sinh vật gây hỏng đặc trưng (TVC phát triển ở nhiệt độ thấp, *Pseudomonas* spp., và vi khuẩn sinh H_2S) và vi khuẩn chỉ thị vệ sinh (coliform và *E. coli*) hiện diện trên tôm sú bảo quản ở nhiệt độ dương thấp cuối chuỗi cung ứng (giai đoạn vận chuyển, bảo quản tại nhà bán lẻ, vận chuyển và bảo quản của người tiêu dùng cuối). Vì thế nghiên cứu xác định các mô hình động học về sự phát triển của các vi sinh vật này trên tôm sú cuối chuỗi cung ứng lạnh để phục vụ cho quản lý chất lượng thuỷ sản dựa trên lịch sử nhiệt độ là vấn đề cấp thiết cần nghiên cứu.

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng nghiên cứu, xử lý và bảo quản

- Đối tượng thủy sản nghiên cứu là tôm sú (*Penaeus monodon*) nuôi.

- Đối tượng vi sinh vật nghiên cứu để xây dựng mô hình động học: Qua xác định về vi sinh vật hiện diện trên tôm sú nguyên liệu thì thấy sự có mặt của TVC, *Pseudomonas* spp., vi khuẩn sinh H_2S, coliform và *E. coli*; không phát hiện sự có mặt của các vi khuẩn gây bệnh như *Listeria monocytogenes*, *Salmonella*, *Vibrio parahaemolyticus*, *Vibrio cholerae* (Mai Thị Tuyết Nga, 2017). Do đó, đối tượng vi sinh vật nghiên cứu để xây dựng mô hình động học tập trung vào: (1) Tổng số vi sinh vật hiếu khí TVC phát triển ở nhiệt độ dương thấp, *Pseudomonas* spp. và vi khuẩn sinh H_2S; (2) Các vi khuẩn chỉ thị vệ sinh coliform và *E. coli*.

Tôm sú (*Penaeus monodon)* (size 30-40 con/kg) nuôi đìa tại Khánh Hòa và Bình Định, được ướp đá ngay sau thu hoạch và chứa trong thùng xốp, vận chuyển về phòng thí nghiệm Trường Đại học Nha Trang trong vòng 1,0-1,5 giờ (Khánh Hòa) hoặc 4,0-5,0 giờ (Bình Định).

Sau khi vận chuyển về phòng thí nghiệm, tôm được kiểm tra, rửa bằng nước lạnh (0-4°C), để ráo, xếp khay xốp, bọc màng co polyethylene và bảo quản lạnh ở điều kiện nghiên cứu.

Các khay tôm được bảo quản trong tủ lạnh ở các chế độ nhiệt độ ổn định (1, 4, 9, 15 và 19 Ơ 1°C) và chế độ nhiệt độ biến động mô phỏng thực tế, đến khi thủy sản không còn đạt yêu cầu cho sử dụng. Chế độ nhiệt độ biến động cụ thể được mô tả trong Mai Thị Tuyết Nga (2016).

Nhiệt độ của tôm và môi trường bảo quản được giám sát liên tục bằng nhiệt kế tự ghi DS1922L-F5 iButton® (Maxim Integrated Products, Inc., CA, Mỹ) và 3M TL30 hoặc MicroLogPRO II EC850A (Israel).

Trong quá trình bảo quản, định kỳ 7 điểm mẫu được lấy để xác định lượng vi sinh vật. Dữ liệu vi sinh vật tại các nhiệt độ ổn định được dùng để xây dựng các mô hình sơ cấp và thứ cấp. Dữ liệu vi sinh vật và nhiệt độ biến động được dùng để kiểm tra khả năng dự đoán của các mô hình.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Phương pháp xác định các chỉ tiêu vi sinh vật

Chuẩn bị mẫu trước khi phân tích: Cân chính xác 25 g tôm, đồng nhất với 225 ml dung dịch đệm photphat trong 2 phút. Sau đó, thực hiện pha loãng với các nồng độ khác nhau tùy thuộc nồng độ vi sinh vật cần kiểm tra.

Xác định TVC phát triển ở nhiệt độ thấp và vi khuẩn sinh H_2S

Môi trường sử dụng là iron agar (IA) (Gram và cộng sự, 1987) cải tiến với việc sử dụng 1% NaCl và không có lớp phủ (Mai và cộng sự, 2011). Ủ ở 20°C trong 5 ngày. Đếm toàn bộ khuẩn lạc (TVC) và khuẩn lạc đen (vi khuẩn sinh H_2S) mọc trên môi trường thạch. Tính kết quả lượng TVC và vi khuẩn sinh H_2S (CFU/g) có trong mẫu.

Xác định Pseudomonas spp. (Stanbridge & Board, 1994)

Cấy 0,1 ml dịch mẫu từ các ống pha loãng vào đĩa chứa môi trường *Pseudomonas* base với *Pseudomonas* CFC supplement vô trùng, thực hiện

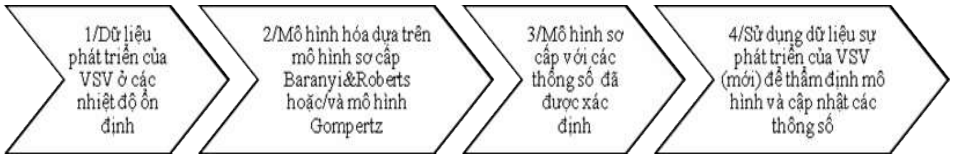
phương pháp cấy trang mẫu trên môi trường thạch. Ủ các đĩa ở 20°C trong 5 ngày. Đếm khuẩn lạc đặc trưng mọc trên môi trường thạch. Tính kết quả lượng *Pseudomonas* spp. (CFU/g) có trong mẫu.

Xác định lượng coliform và E. coli

Định lượng coliform và *E. coli* theo NMKL 125 4th ed. 2005 (NMKL, 2005). Do lượng *E. coli* ban đầu trong mẫu hầu như không có và phụ thuộc rất nhiều vào cá thể tôm (Mai Thị Tuyết Nga, 2016), các mẫu tôm được chủ động gây nhiễm *E. coli* để theo dõi sự phát triển của vi khuẩn này trong điều kiện và thời gian bảo quản. Quy trình gây nhiễm tương tự như quy trình được Nguyễn Thị Kiều Diễm và cộng sự (2018) mô tả.

2.2.2. Phương pháp xây dựng mô hình động học về sự phát triển của vi sinh vật

Phương pháp tiếp cận để xây dựng các mô hình sơ cấp và thứ cấp được trình bày lần lượt ở hình 1 và hình 2.



Hình 1. Phương pháp tiếp cận xây dựng mô hình sơ cấp sự biến đổi của vi sinh vật (VSV)

Dữ liệu phát triển của các vi sinh vật (TVC, vi khuẩn sinh H_2S, *Pseudomonas* spp., coliform và *E. coli*) trên tôm sú bảo quản ở 5 chế độ nhiệt độ ổn định: 1, 4, 9, 15 và 19 ± 1 °C được dùng để khớp vào các mô hình Baranyi & Roberts và mô hình Gompertz để tìm các thông số của các mô hình này.

Mô hình sơ cấp Baranyi & Roberts (1995):

$$y = y_{max} + ln\left(\frac{1+\exp(\mu_{max}t-h_0)-\exp(-h_0)}{\exp(y_{max}-y_0)+\exp(\mu_{max}t-h_0)-\exp(-h_0)}\right) \quad (1)$$

Với: y là logarit của nồng độ tế bào vi sinh vật (lnN) ở thời điểm/thời gian t. Số lượng này thuận tiện hơn trong mô hình toán so với nồng độ tế bào N (CFU/ml hoặc CFU/g); y_{max} là logarit của nồng độ tế bào vi sinh vật tối đa N_{max} (CFU/ml hoặc CFU/g); μ_{max} là tốc độ phát triển tối đa của vi sinh vật trong mô hình Baranyi & Roberts (h^{-1}).

t là thời gian (h); h_0 là thông số của mô hình:

$$h_0 = \lambda.\mu_{max} \quad (2)$$

λ là thời gian pha lag (h).

Mô hình Gompertz:

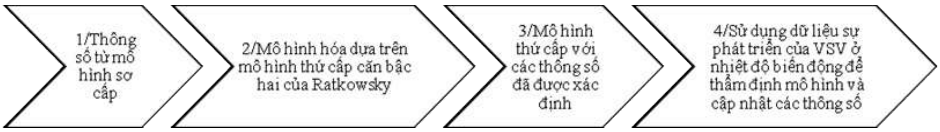
$$y = A + C.\exp(-exp(B.M)) \quad (3)$$

Trong đó, A, B, C và M là các thông số của mô hình. A thường là lượng vi sinh vật ban đầu y_0 và (A+C) là tiệm cận trên (y_{max}) của đường cong sinh trưởng.

Độ chính xác của việc khớp/lắp mô hình được đánh giá dựa vào lỗi căn bậc hai của mô hình/sai số chuẩn của mô hình dự đoán/sai số chuẩn dự đoán của mô hình (the root mean square error of the models, SD error) (Dabade và cộng sự, 2015; Gospavic và cộng sự, 2008; Bruckner và cộng sự, 2013), được thể hiện là SD error ở các đồ thị và bảng biểu phần kết quả nghiên cứu, cụ thể như sau:

$$SD\ error = \sqrt{\frac{\sum(Giá\ trị\ đo\ được - Giá\ trị\ dự\ đoán)^2}{Số\ lần\ đo}} \quad (4)$$

Sau khi xác định được các thông số của mô hình và kiểm tra mô hình, ta có mô hình sơ cấp về phát triển của vi sinh vật ở các nhiệt độ ổn định theo thời gian bảo quản. Sử dụng các dữ liệu mới để thẩm định lại mô hình và cập nhật các thông số của mô hình. Việc cập nhật thông số mô hình diễn ra liên tục với các dữ liệu mới để mô hình ngày càng chính xác và có khả năng dự đoán sự phát triển của vi sinh vật tốt hơn.



Hình 2. Sơ đồ phương pháp tiếp cận xây dựng mô hình thứ cấp

Trên cơ sở các thông số của mô hình sơ cấp Baranyi & Roberts về sự phát triển của các vi sinh vật trên tôm sú tìm được, các thông số của mô hình thứ cấp được tính toán.

Nếu nhiệt độ là biến số môi trường biến động duy nhất trong khi các biến số môi trường khác có thể xem như các thông số hằng số/ổn định, tốc độ phát triển tối đa có thể được mô hình hóa bằng mô hình căn bậc hai của Ratkowsky như sau (Ratkowsky và cộng sự, 1983):

$$\sqrt{\mu_{max}} = b(T - T_{min}) \quad (5)$$

Trong đó: T_{min} ($°C^{-1}$) là nhiệt độ tối thiểu cho sự phát triển của vi sinh vật và b ($°C^{-1}. h^{-1/2}$) là thông số mô hình thực nghiệm. Những mô hình này không tính đến sự bất hoạt nhiệt.

Mô hình thứ cấp được kiểm tra bằng SD error, tương tự như đối với mô hình sơ cấp.

Sau khi xác định được các thông số của mô hình và kiểm tra mô hình ta có mô hình thứ cấp về sự ảnh hưởng của nhiệt độ đến sự phát triển của vi sinh vật ở điều kiện nhiệt độ biến động.

Để kiểm định các mô hình động học sâu hơn, dữ liệu từ (các) chế độ nhiệt độ biến động (như lịch sử nhiệt độ và lượng vi sinh vật quan sát được bằng thực nghiệm) được sử dụng. Các mô hình sơ cấp và thứ cấp về sự phát triển của vi sinh vật được tích hợp để dự đoán lượng vi sinh vật ở các nhiệt độ biến động theo các khoảng thời gian với các nhiệt độ ổn định (Bruckner và cộng sự, 2013). Vùng mô phỏng chấp nhận ASZ là vùng chênh lệch ± 0,5 log CFU/g từ giá trị dự đoán, được dùng để so sánh với lượng vi sinh vật thực tế. Mô hình được xem là chấp nhận được nếu như có ít nhất 70% lượng vi sinh vật thực tế nằm trong vùng mô phỏng chấp nhận ASZ (Mai & Huynh, 2017; Oscar, 2005). Việc cập nhật các thông số của mô hình diễn ra liên tục với các dữ liệu mới để mô hình ngày càng chính xác và có khả năng dự đoán sự phát triển của vi sinh vật tốt hơn.

2.3. Phương pháp thu nhận và xử lý số liệu

Các thí nghiệm được thực hiện độc lập 3 lần (đối với các chỉ tiêu TVC, lượng *Pseudomonas* spp. và vi khuẩn sinh H_2S) hoặc 4 lần (đối với các chỉ tiêu coliform và *E. coli*). Dữ liệu vi sinh vật và nhiệt độ được nạp vào, tính toán, xây dựng mô hình và vẽ biểu đồ bằng phần mềm chuyên dụng ColdChain, là sản phẩm của Nhiệm vụ hợp tác quốc tế về Khoa học và Công nghệ theo Nghị định thư với Trung Quốc "*Hợp tác nghiên cứu, thiết kế và chế tạo hệ thống giám sát sử dụng mạng cảm biến không dây trong kiểm soát chất lượng và tiết kiệm năng lượng cho chuỗi hậu cần thủy sản lạnh*", mã số 08/2018/HĐ-NĐT (Mai Thị Tuyết Nga, 2017). Microsoft Excel for Mac version 16.46 cũng được dùng để vẽ đồ thị.

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Mô hình sơ cấp về sự phát triển của vi sinh vật trên tôm sú

Mô hình sơ cấp về sự phát triển của TVC, *Pseudomonas* spp., vi khuẩn sinh H_2S, coliform và *E. coli* theo thời gian tại các nhiệt độ ổn định được trình bày tại các bảng 1 và bảng 2.

Bảng 1. Các thông số của mô hình sơ cấp Baranyi & Roberts về sự phát triển của TVC trên tôm sú ở các nhiệt độ bảo quản ổn định

Nhiệt độ (± 1°C)	y_0	y_{max}	μ_{max}	h_0	SD error*
TVC					
1	4,965	8,687	0,023	2,198	0,26
4	5,155	7,851	0,063	4,456	0,66
9	4,649	8,921	0,107	5,726	0,71
15	3,490	8,486	0,187	3,229	0,49
19	4,097	8,782	0,563	10,246	0,50
Trung bình	4,471	8,545			
STDEV	0,679	0,419			
Pseudomonas spp.					
1	4,380	8,008	0,025	2,598	0,37
4	2,792	7,932	0,041	1,294	0,86
9	2,984	8,096	0,125	6,167	0,61

Nhiệt độ (± 1˚C)	y_0	y_{max}	μ_{max}	h_0	SD error*
15	2,960	8,259	0,184	4,145	0,45
19	3,047	8,460	0,602	11,304	0,50
Trung bình	3,233	8,151			
STDEV	0,649	0,211			
Vi khuẩn sinh H_2S					
1	3,372	8,437	0,027	1,443	0,49
4	2,48	8,376	0,056	2,666	2,26
9	0,648	9,414	0,056	0,679	2,39
Trung bình	2,167	8,742			
STDEV	1,389	0,582			
Coliform					
1	2,561	5,562	0,039	4,677	0,68
4	1,871	6,295	0,045	2,075	0,54
9	3,008	8,111	0,037	0,567	0,39
15	3,532	8,713	0,128	0,328	0,17
19	3,654	8,842	0,158	-0,300	0,17
Trung bình	2,925	7,505			
STDEV	0,733	1,488			
E. coli					
9	2,877	7,163	0,023	0,611	0,47
15	3,285	7,970	0,171	1,711	0,18
19	3,550	8,330	0,211	1,286	0,17
Trung bình	3,237	7,821			
STDEV	0,339	0,597			

*Ghi chú: * Sai số chuẩn của mô hình dự đoán. STDEV: độ lệch chuẩn của các giá trị ở các nhiệt độ khác nhau.*

Đối với mô hình Baranyi & Roberts, từ bảng 1 có thể thấy rằng lượng TVC ban đầu (dự đoán) dao động từ 3,49-5,16 log CFU/g (thông số y_0), điều này khá phù hợp với dữ liệu thực tế khi lượng vi sinh vật ban đầu dao động trong khoảng rộng và phụ thuộc vào các lô tôm khác nhau cũng như vào cá thể mẫu tôm. Ở tất cả 5 chế độ nhiệt độ ổn định 1, 4, 9, 15 và 19 ± 1°C, lượng TVC hội tụ về giá trị tối đa 8,55± 0,42 log CFU/g (thông số y_{max}), kết quả này hoàn toàn phù hợp với cơ sở lý thuyết của mô hình Baranyi & Roberts rằng lượng vi sinh vật sẽ tiệm cận về giá trị tối đa (pha bão hòa) (Baranyi & Roberts, 1995). Đồng thời, khi nhiệt độ bảo quản càng tăng thì tốc độ phát triển của vi sinh vật tăng (thông số μ_{max}), điều này hoàn toàn phù hợp với thực tế và lý thuyết phát triển của vi sinh vật rằng trong khoảng nhiệt độ mà vi sinh vật có khả năng phát triển, nhiệt độ càng cao tốc độ sinh trưởng của vi sinh vật càng nhanh. Xu hướng này tương tự như kết quả nghiên cứu của Parlapani và cộng sự (2014) đối với TVC trên fillet cá tráp bảo quản ở 0 và 5°C.

Bảng 2. Các thông số của mô hình sơ cấp Gompertz về sự phát triển của TVC trên tôm sú

Nhiệt độ (±1˚C)	A	B	C	M	A+C	SD error**
TVC						
1	4,993	0,012	3,963	150,546	8,956	4,96
4	5,185	0,034	2,862	83,840	8,046	4,98
9	4,651	0,043	4,434	67,043	9,086	5,26
15	3,574	0,092	5,090	26,783	8,664	4,96
19	4,123	0,263	4,801	20,934	8,924	5,55
Trung bình	4,505				8,735	

Nhiệt độ (±1˚C)	A	B	C	M	A+C	SD error**
STDEV	0,659				0,414	
Pseudomonas spp.						
1	4,402	0,012	3,956	157,372	8,358	4,46
4	2,686	0,017	5,874	79,751	8,561	4,51
9	2,982	0,049	5,229	62,712	8,211	4,53
15	3,012	0,083	5,456	32,380	8,468	4,52
19*	*8,353*	*-0,339*	*-5,326*	*24,454*	*3,028*	5,05
Trung bình	3,271				8,399	
STDEV	0,768				0,151	
Vi khuẩn sinh H_2S						
1	3,346	0,012	5,417	122,898	8,763	0,49
4	2,227	0,016	7,45	89,391	9,677	2,26
9*	*-0,327*	*0,012*	*12,074*	*73,645*	*11,747*	2,40
Trung bình	2,787				9,220	
STDEV	0,791				0,646	
Coliform						
1	2,470	0,015	3,387	137,654	5,856	2,06
4*	*-14,557*	*0,004*	*24,551*	*-212,547*	*9,993*	*1,68*
9	2,779	0,018	5,612	63,121	8,392	2,00
15	3,322	0,069	5,479	16,633	8,801	3,10
19	2,935	0,088	5,962	8,459	8,897	3,01
Trung bình	2,876				7,987	
STDEV	0,355				1,437	
E. coli						
9	2,535	0,011	5,090	90,924	7,625	2,26
15	3,306	0,087	4,758	19,500	8,064	3,53
19	3,516	0,112	4,860	13,579	8,376	3,04
Trung bình	3,119				8,022	
STDEV	0,517				0,377	

*Ghi chú: * Chế độ nhiệt độ không được dùng để tính giá trị trung bình và độ lệch chuẩn STDEV. ** Sai số chuẩn của mô hình dự đoán.*

Đối với mô hình Gompertz, từ bảng 2 có thể thấy rằng lượng TVC ban đầu (dự đoán) dao động từ 3,57-5,19 log CFU/g (thông số A), cũng gần với dự đoán của mô hình Baranyi & Roberts (3,49-5,16 log CFU/g). Lượng TVC tối đa tiệm cận giá trị 8,74 ± 0,42 (giá trị A + C), gần với giá trị dự đoán của mô hình Baranyi & Roberts (8,55 ± 0,42 log CFU/g) và kết quả này hoàn toàn phù hợp với cơ sở lý thuyết của mô hình Gompertz rằng lượng vi sinh vật sẽ tiệm cận về giá trị tối đa (pha bão hòa) (Zwietering và cộng sự, 1990).

Có thể thấy cả mô hình sơ cấp Baranyi & Roberts và mô hình sơ cấp Gompertz đều dự đoán tương đối tốt lượng TVC theo thời gian ở các nhiệt độ ổn định 1, 4, 9, 15 và 19 ± 1°C. Tuy nhiên, sai số dự đoán chuẩn (SD error) của mô hình Gompertz dao động trong khoảng 4,96-5,55 (Bảng 2), lớn hơn rất nhiều so với sai số dự đoán chuẩn của mô hình Baranyi & Roberts (SD error = 0,26-0,71, bảng 1).

Mô hình Baranyi & Roberts cho lượng *Pseudomonas* spp. ban đầu là y_0 = 3,233 ± 0,649 log CFU/g và hội tụ về giá trị tối đa y_{max} = 8,151 ± 0,211 log CFU/g (Bảng 1). Nhiệt độ bảo quản càng tăng thì tốc độ phát triển của vi sinh vật (μ_{max}) tăng. Xu hướng này tương tự như kết quả đối với TVC. Đối với mô hình Gompertz của *Pseudomonas* spp., từ bảng 2 có thể thấy rằng lượng vi khuẩn ban đầu là A = 3,271 ± 0,768 log CFU/g và lượng vi khuẩn tối đa tiệm cận

giá trị 8,399 ± 0,151 log CFU/g (giá trị A+C), gần với dự đoán của mô hình Baranyi & Roberts. Sự tương đồng về kết quả dự đoán giữa 2 mô hình Baranyi & Roberts Gompertz cũng tương tự như trường hợp của TVC. Tuy nhiên, ở nhiệt độ 19 ± 1°C, mô hình Gompertz có các thông số không phù hợp về ý nghĩa sinh học khi lượng vi sinh vật ban đầu (A = 8,353) lớn hơn lượng vi sinh vật tối đa (A+C = 3,028). Giống như trường hợp của TVC, các sai số dự đoán *Pseudomonas* spp. của mô hình Baranyi & Roberts (SD error = 0,37-0,86, Bảng 1) nhỏ hơn rất nhiều so với sai số của mô hình Gompertz (SD error = 4,46-5,05, bảng 2).

Đối với mô hình Baranyi & Roberts của vi khuẩn H_2S, từ bảng 1 có thể thấy rằng lượng vi khuẩn sinh H_2S ban đầu (dự đoán) là 2,167 ± 1,389 log CFU/g, điều này phù hợp với dữ liệu thực tế khi lượng vi khuẩn sinh H_2S ban đầu dao động trong khoảng rộng và phụ thuộc vào các lô tôm khác nhau cũng như vào cá thể mẫu tôm (Mai Thị Tuyết Nga, 2017). Dù vậy, ở tất cả 3 chế độ nhiệt độ ổn định 1, 4, và 9 ± 1°C, lượng vi sinh vật sinh H_2S hội tụ về giá trị tối đa 8,742 ± 0,582 log CFU/g. Tốc độ phát triển của vi khuẩn ở nhiệt độ 4 và 9°C cao hơn tốc độ ở 1°C. Theo kết quả nghiên cứu của Dalgaard (1993) về sự phát triển của *Shewanella putrefaciens* trên môi trường phức chứa TMAO ở nhiệt độ 0-25°C thì tốc độ phát triển của vi khuẩn này càng cao ở nhiệt độ càng cao. Đối với mô hình Gompertz, từ bảng 2 có thể thấy rằng lượng vi khuẩn sinh H_2S ban đầu (dự đoán) là A = 2,787 ± 0,791 log CFU/g và lượng vi khuẩn tối đa là (A+ C) = 9,220 ± 0,646 CFU/g, cao hơn so với mô hình Baranyi & Roberts. Ở nhiệt độ 9 ± 1°C, mô hình Gompertz có các thông số không phù hợp về ý nghĩa sinh học khi lượng vi sinh vật ban đầu âm (A = -0,327). Tại các chế độ nhiệt độ 15 và 19 ± 1°C, lượng vi khuẩn sinh H_2S tại một số thời điểm không phát hiện được (Mai Thị Tuyết Nga, 2017), nên không đủ dữ liệu để xây dựng mô hình sơ cấp về sự phát triển của vi khuẩn theo thời gian bảo quản tại các nhiệt độ này.

Do sự xuất hiện rời rạc của các vi khuẩn chỉ thị vệ sinh, đặc biệt là *E. coli* trên tôm sú (Mai Thị Tuyết Nga, 2016), nên để theo dõi được động học của quá trình phát triển của chúng theo thời gian ở các chế độ nhiệt độ khác nhau, đã chủ động gây nhiễm mẫu tôm bằng chủng thuần *E. coli* với mật số nhất định.

Đối với mô hình Baranyi & Roberts của coliform, bảng 1 cho thấy lượng coliform ban đầu (dự đoán) dao động từ 1,87-3,65 log CFU/g, đúng như dữ liệu đo được thực tế khi lượng vi khuẩn ban đầu dao động trong khoảng rộng và phụ thuộc vào các lô tôm khác nhau cũng như vào cá thể mẫu tôm. Ở 2 chế độ nhiệt độ 1 và 4 ± 1°C, lượng coliform tối đa lần lượt là 5,56 và 6,29 log CFU/g. Trong khi đó, ở 3 chế độ nhiệt độ 9, 15 và 19 ± 1°C, lượng coliform hội tụ về giá trị tối đa 8,11-8,84 log CFU/g. Sự khác biệt về lượng vi khuẩn tối đa giữa các chế độ nhiệt độ thấp (1 và 4 ± 1°C) với các chế độ nhiệt độ cao hơn có thể giải thích là do nhiệt độ 1 và 4 ± 1°C không thích hợp cho sự phát triển của coliform. Bảng 1 cũng cho thấy xu hướng chung là khi nhiệt độ bảo quản càng tăng thì tốc độ phát triển của coliform tăng, giống như đối với TVC và *Pseudomonas* spp. Xu hướng này tương tự như kết quả nghiên cứu của Nguyễn Thị Kiều Diễm và cộng sự (2016) đối với coliform và *E. coli* (gây nhiễm) trên cơ thịt cá rô phi vằn ở các nhiệt độ bảo quản 1, 4, 9, 15 và 19 ± 1°C. Đối với mô hình Gompertz, bảng 2 cho thấy lượng coliform ban đầu (dự đoán) dao động từ 2,47-3,32 log CFU/g (thông số A), cũng gần với dự đoán của mô hình Baranyi & Roberts. Lượng coliform tối đa tiệm cận giá trị 8,39 ± 1,53 (giá trị A+C), hơi cao hơn so với giá trị dự đoán của mô hình Baranyi & Roberts. Khi so sánh 2 mô hình của coliform thì có thể thấy mô hình Baranyi & Roberts cho dự báo chính xác hơn (SD error = 0,17-0,68) so với mô hình Gompertz (SD error = 2,06-3,10). Ngoài ra, mô hình Gompertz ở nhiệt độ 4 ± 1°C không phù hợp khi cho giá trị lượng vi khuẩn ban đầu âm (A = -14,557).

E. coli không phát triển ở nhiệt độ bảo quản thấp 1 và 4 ± 1°C (Mai Thị Tuyết Nga, 2017), nên không có đủ dữ liệu để xây dựng mô hình sơ cấp về sự phát triển của vi khuẩn này theo thời gian ở 1 và 4 ± 1°C, điều này cũng đã được Nguyễn Thị Kiều Diễm và cộng sự (2018) báo cáo đối với *E. coli* (gây nhiễm) trên cá rô phi. Ở 3 chế độ nhiệt độ 9, 15, và 19 ± 1°C, mô hình Baranyi & Roberts (Bảng 1) cho thấy lượng *E. coli* ban đầu là 2,546 ± 0,995 log CFU/g và hội tụ về giá trị tối đa 7,16-8,33 log CFU/g, với tốc độ phát triển của vi khuẩn (μ_{max}) càng cao ở nhiệt độ càng cao. Mô hình Gompertz (Bảng 2) cho thấy lượng *E. coli* ban đầu là 2,11± 1,49 log CFU/g và tối đa là 7,625-8,376 log CFU/g, tương tự như mô hình Baranyi & Roberts. Lỗi dự đoán của mô hình Baranyi

& Roberts (SD error = 0,17-0,47, bảng 1) thấp hơn rất nhiều so với mô hình Gompertz (SD error = 2,26-3,53, bảng 2).

Như vậy, có thể thấy đối với tất cả các chỉ tiêu vi sinh vật nghiên cứu (TVC, *Pseudomonas* spp., vi khuẩn sinh H_2S, coliform và *E. coli*), sai số dự đoán của mô hình Baranyi & Roberts đều thấp hơn rất nhiều so với mô hình Gompertz. Mô hình sơ cấp Baranyi & Roberts của các vi khuẩn sinh H_2S và *E. coli* chỉ có dữ liệu đối với 3/5 chế độ nhiệt độ nghiên cứu. Do đó, mô hình thứ cấp về ảnh hưởng của nhiệt độ đến tốc độ phát triển của các vi sinh vật chỉ được phát triển dựa trên kết quả của mô hình sơ cấp Baranyi & Roberts đối với TVC, *Pseudomonas* spp. và coliform.

3.2. Mô hình thứ cấp về ảnh hưởng của nhiệt độ đến sự phát triển của vi sinh vật trên tôm sú bảo quản lạnh

Mô hình thứ cấp về ảnh hưởng của nhiệt độ đến tốc độ phát triển của các vi sinh vật mục tiêu được xây dựng dựa trên mô hình căn bậc hai của Ratkowsky (phương trình 5) và kết quả được thể hiện ở bảng 3.

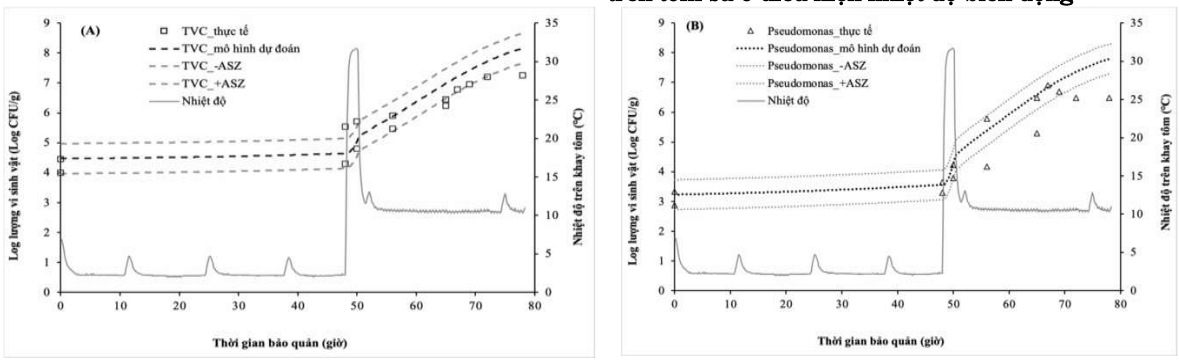
Bảng 3. Các thông số của mô hình thứ cấp về sự ảnh hưởng của nhiệt độ đến sự phát triển của vi sinh vật trên tôm sú

Vi sinh vật	b ($°C^{-1}. h^{-1/2}$)	T_{min} (°C)	SD error
TVC	0,027	-4,403	0,07
Pseudomonas spp.	0,029	-3,549	0,08
Coliform	0,010	-16,260	0,04

Giá trị thông số b của TVC, *Pseudomonas* spp. và coliform tương đối nhỏ (b = 0,010-0,029, bảng 3), tương tự như kết quả nghiên cứu của Dabade và cộng sự (2015) đối với *Pseudomonas* spp. trên tôm nhiệt đới (*Penaeus notialis*) (b = 0,017-0,021), nghiên cứu của García và cộng sự (2015) đối với *Pseudomonas* spp. trên cá meluc (b = 0,0533 ± 0,0139), hay nghiên cứu của Mai & Huynh (2017) đối với TVC và *Pseudomonas* spp. của cá tra fillet (b = 0,0111 ± 0,0013 cho TVC và b = 0,1445 ± 0,0130 cho *Pseudomonas* spp.). Trong khi đó giá trị của các thông số T_{min} của TVC (T_{min} = -4,403, bảng 3) và *Pseudomonas* spp. (T_{min} = -3,549, bảng 3) ở nghiên cứu này có sự khác biệt so với nghiên cứu của Dabade và cộng sự (2015) (T_{min} = -13,1 đến -10,9), của García và cộng sự (2015) (T_{min} = -12 ± 5,9) và của Mai & Huynh (2017) (T_{min} = -10,88 ± 1,39 đối với TVC; T_{min} = -13,37 ± 1,196 đối với *Pseudomonas* spp.). Giá trị thông số T_{min} của coliform trong nghiên cứu này (T_{min} = -16,26, bảng 3) lại gần hơn với giá trị T_{min} của TVC và *Pseudomonas* spp. ở các nghiên cứu khác (Dabade và cộng sự, 2015; García và cộng sự, 2015; Mai & Huynh, 2017).

Từ mô hình thứ cấp tìm được cho TVC, *Pseudomonas* spp. và coliform (Bảng 3) có thể dự đoán tốc độ phát triển tối đa của các vi sinh vật này ở nhiệt độ bảo quản nhất định, cũng như khi có sự thay đổi nhiệt độ bảo quản/vận chuyển từ mức nhiệt độ này sang mức nhiệt độ khác. Từ đó dự đoán được sự biến đổi của vi sinh vật theo lịch sử nhiệt độ-thời gian.

3.3. Kiểm định mô hình động học của vi sinh vật trên tôm sú ở điều kiện nhiệt độ biến động



Hình 3. Sự phát triển của TVC (A) và *Pseudomonas* spp. (B) trên tôm sú dưới điều kiện nhiệt độ biến động

Ghi chú: ASZ (acceptable simulation zone) là vùng mô phỏng chấp nhận về lượng vi sinh vật, ASZ = ± 0,5 log CFU/g của các giá trị dự đoán theo mô hình động học.

Lượng TVC và *Pseudomonas* spp. thực tế đo được và lịch sử nhiệt độ biến động mô phỏng điều kiện nhiệt độ cuối chuỗi cung ứng (điều kiện nhiệt độ khi tôm được bảo quản và bày bán tại siêu thị, khi được người tiêu dùng mua, vận chuyển về nhà và bảo quản trong tủ lạnh dân dụng (Mai Thị Tuyết Nga, 2016)) được dùng để kiểm định mô hình động học (sơ cấp và thứ cấp) của vi sinh vật mục tiêu hiện diện trên tôm sú. Đầu tiên tính toán tốc độ phát triển của vi sinh vật theo nhiệt độ (mô hình thứ cấp) và sau đó là ước tính lượng vi sinh vật ở từng nhiệt độ theo thời gian (mô hình sơ cấp). Khi nhiệt độ thay đổi thì tốc độ phát triển của vi sinh vật được cập nhật (dựa trên mô hình thứ cấp) và mốc thời gian ở nhiệt độ mới được quy đổi dựa trên lượng vi sinh vật vào thời điểm đó. Quá trình được thực hiện trên phần mềm chuyên dụng ColdChain, là sản phẩm của nhiệm vụ Nghị định thư (Mai Thị Tuyết Nga, 2017). Kết quả về lượng vi sinh vật dự đoán dựa trên lịch sử nhiệt độ so với lượng thực tế được trình bày ở hình 3.

Kết quả kiểm định cho thấy đa số các giá trị TVC (11/14 mẫu, chiếm 78,57%) nằm trong vùng mô phỏng chấp nhận ASZ của mô hình. Trong 3/11 mẫu dự đoán sai thì có 2/11 mẫu (14,29%) có giá trị thực thấp hơn giá trị dự đoán và được xem là dự đoán "sai an toàn" ("fail-safe" prediction). Tương tự đối với *Pseudomonas* spp. có 10/14 mẫu (chiếm 71,43%) nằm trong vùng mô phỏng chấp nhận ASZ, còn lại 4/14 mẫu (28,57%) có giá trị thực thấp hơn giá trị dự đoán (dự đoán "sai an toàn"). Mô hình động học của TVC và *Pseudomonas* spp. trên fillet cá tra cho kết quả dự đoán tốt hơn khi có đến trên 85% lượng vi sinh vật thực tế nằm trong vùng ASZ (Mai & Huynh, 2017).

Đối với coliform ở nghiên cứu này, lượng vi khuẩn xác định được trên thực tế từ tất cả các mẫu đều thấp hơn rất nhiều lượng dự đoán bằng mô hình và hoàn toàn nằm ngoài vùng ASZ. Đó có thể là do coliform cần nhiều thời gian để thích ứng với sự thay đổi nhiệt độ đột ngột từ khoảng 1-2°C lên gần 32°C trong vài giờ, và sau đó nhiệt độ lại hạ xuống khoảng 9-10°C. Do đó, cần tiếp tục nghiên cứu để cải thiện mô hình động học của coliform.

Như vậy, các mô hình động học về sự phát triển của TVC và *Pseudomonas* spp. trên tôm sú có thể dùng để dự đoán lượng vi sinh vật trong thuỷ sản này theo lịch sử nhiệt độ, do có trên 70% lượng vi sinh vật thực tế nằm trong vùng mô phỏng chấp nhận ASZ (Mai & Huynh, 2017; Oscar, 2005). Tuy nhiên, do khoảng thời gian nghiên cứu tương đối ngắn (< 80 giờ), xu hướng của mô hình dự đoán còn đang tiếp tục đi lên, tức TVC và lượng *Pseudomonas* spp. chưa đạt pha bão hoà, nên cần tiếp tục nghiên cứu với thời gian bảo quản lâu hơn và/hoặc với các chế độ nhiệt độ biến động khác để cải thiện mô hình. Bên cạnh đó, việc cập nhật liên tục cơ sở dữ liệu về vi sinh vật để cải tiến các thông số của mô hình là điều cần thiết (Mai & Huynh, 2017; Bruckner và cộng sự, 2013).

4. KẾT LUẬN VÀ KIẾN NGHỊ

Nghiên cứu đã xác định được các thông số của mô hình sơ cấp cho TVC, *Pseudomonas* spp., vi khuẩn sinh H_2S, coliform và *E. coli* trên tôm sú nguyên liệu bảo quản ở các nhiệt độ ổn định 1, 4, 9, 15 và 19 ± 1°C. Mô hình sơ cấp Baranyi & Roberts cho sai số dự đoán bé hơn so với mô hình Gompertz. Mô hình thứ cấp căn bậc hai của Ratkowsky về sự ảnh hưởng của nhiệt độ đến tốc độ phát triển của TVC, *Pseudomonas* spp. và coliform được thiết lập. Kết quả kiểm định các mô hình động học về sự phát triển của TVC và *Pseudomonas* spp. dựa trên chế độ nhiệt độ biến động (mô phỏng điều kiện cuối chuỗi cung ứng) cho thấy trên 70% lượng vi sinh vật đo được nằm trong vùng mô phỏng chấp nhận ASZ của mô hình. Điều này cho thấy triển vọng ứng dụng của mô hình động học vào dự đoán lượng vi sinh vật dựa trên lịch sử nhiệt độ của môi trường và/hoặc thuỷ sản, giúp quá trình quản lý chất lượng tôm sú trong chuỗi cung ứng hiệu quả hơn.

Tuy nhiên, cần tiếp tục nghiên cứu về sự phát triển của các vi sinh vật mục tiêu với thời gian lâu hơn, với các chế độ nhiệt độ biến động thực tế hơn, hoặc các điều kiện bảo quản thực tế khác (như ướp đá, điều kiện bao gói, sử dụng chế phẩm bảo quản…) để đưa ra dữ liệu dự đoán của các mô hình. Để ứng dụng mô hình vào thực tế cho việc dự đoán sự phát triển của vi sinh vật dựa trên lịch sử nhiệt độ một cách hiệu quả cần tiếp tục cập nhật cơ sở dữ liệu về vi sinh vật của tôm sú.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Nguyễn Thị Kiều Diễm, Nguyễn Ngọc Quỳnh Như, Nguyễn Công Bảy và Mai Thị Tuyết Nga (2018). Sự biến đổi của lượng coliforms và *Escherichia coli* gây nhiễm trên cá rô phi khi bảo quản ở nhiệt độ dương thấp. Tạp chí Khoa học - Trường Đại học Cần Thơ, 54 (thủy sản 2): 195–201. doi: 10.22144/ctu.jsi.2018.053.

2. Mai Thị Tuyết Nga (2016). Nghiên cứu mật độ Coliform và *E. coli* trên tôm sú nguyên liệu khi bảo quản ở nhiệt độ dương thấp. Tạp chí Khoa học - Công nghệ Thủy sản, 4: 91–99.

3. Mai Thị Tuyết Nga (2017). Báo cáo tổng kết Nhiệm vụ hợp tác quốc tế về khoa học và công nghệ theo Nghị định thư với Trung Quốc *"Hợp tác nghiên cứu, thiết kế và chế tạo hệ thống giám sát sử dụng mạng cảm biến không dây trong kiểm soát chất lượng và tiết kiệm năng lượng cho chuỗi hậu cần thủy sản lạnh",* 2014-2017, mã số 08/2018/HĐ-NĐT.

4. VASEP (2021). Bản tin tuần Thương mại Thuỷ sản VASEP số 4/2021 – ra ngày 22 – 01 – 2021.

5. Baranyi, J. & Roberts, T. A. (1995). Mathematics of predictive food microbiology. International Journal of Food Microbiology, 26, 199-218.

6. Bruckner, S., Albrecht, A., Petersen, B. & Kreyenschmidt, J. (2013). A predictive shelf life model as a tool for the improvement of quality management in pork and poultry chains. Food Control, 29, 451-460.

7. Dabade, D. S., Azokpota, P., Nout, M. J. R., Hounhouigan, D. J., Zwietering, M. H. & den Besten, H. M. W. (2015). Prediction of spoilage of tropical shrimp (*Penaeus notialis*) under dynamic temperature regimes. International Journal of Food Microbiology, 210, 121-130.

8. Dalgaard, P., Buch, P. & Silberg, S. (2002). Seafood Spoilage Predictor - development and distribution of a product specific application software. Int. J. Food Microbiol., 73, 227-233.

9. FAO (2020). *GLOBEFISH Highlights April 2020 issue, with Annual 2019 Statistics – A quarterly update on world seafood markets.* Rome: GLOBEFISH. doi: https://doi.org/10.4060/ca9528en.

10. García, M. R., Vilas, C., Herrera, J. R., Bernárdez, M., Balsa-Canto, E. & A., A. A. (2015). Quality and shelf-life prediction for retail fresh hake (*Merluccius merluccius*). International Journal of Food Microbiology, 208, 65–74.

11. Gospavic, R., Kreyenschmidt, J., Bruckner, S., Popov, V. & Haque, N. (2008). Mathematical modelling for predicting the growth of Pseudomonas spp. in poultry under variable temperature conditions. International Journal of Food Microbiology, 127, 290-297.

12. Gram, L., Trolle, G. & Huss, H. H. (1987). Detection of specific spoilage bacteria from fish stored at low (0°C) and high (20°C) temperatures. Int J Food Microbiol, 4, 65-72.

13. Hanpongkittikun, A., Siripongvutikorn, S. and Cohen, D. L. (1995). Black tiger shrimp (*Penaeus monodon*) quality changes during iced storage., *ASEAN Food Journal (Malaysia)*, 10: 125–130.

14. Mai, N. T. T., Gudjónsdóttir, M., Lauzon, H. L., Sveinsdóttir, K., Martinsdóttir, E., Audorff, H., Reichstein, W., Haarer, D., Bogason, S. G. & Arason, S. (2011). Continuous quality and shelf life monitoring of retail-packed fresh cod loins in comparison with conventional methods. Food Control, 22, 1000-1007.

15. McMeekin, T. A. & Ross, T. (2002). Predictive microbiology: providing a knowledge-based framework for change management. International Journal of Food Microbiology, 78, 133-153.

16. Mai, N. T. T., Margeirsson, B., Margeirsson, S., Bogason, S. G., Sigurgísladóttir, S., Arason, S. (2012). Temperature mapping of fresh fish supply chains-air and sea transport. Journal of Food Process Engineering, 35(4), 622–656. doi: 10.1111/j.1745-4530.2010.00611.x.

17. Mai, N. and Huynh, V. (2017). Kinetics of quality changes of Pangasius fillets at stable and dynamic temperatures, simulating downstream cold chain conditions. *Journal of Food Quality*, 2017, p. 9. doi: 10.1155/2017/2865185.

18. Mai, T. T. N. and Tran., T. T. L. (2017). Sensory Changes of Chill-stored Black Tiger Shrimp as Evaluated by Different Methods. *The International Journal of Science & Technoledge*, 5(4): 117–124.

19. NMKL125 4th ed. 2005. Thermotolerant coliform bacteria and *Escherichia coli*. Enumeration in food and feed. Nordic Committee on Food Analysis.

20. Oscar, T. E. (2005). Validation of Lag Time and Growth Rate Models for *Salmonella typhimurium*: Acceptable Prediction Zone Method. Journal of Food Science, 70, M129-M137.

21. Parlapani, F. F., Mallouchos, A., Haroutounian, S. A. & Boziaris, I. S. (2014). Microbiological spoilage and investigation of volatile profile during storage of sea bream fillets under

various conditions. International Journal of Food Microbiology, 189, 153-163.

22. Raab, V., Bruckner, S., Beierle, E., Kampmann, Y., Petersen, B. & Kreyenschmidt, J. (2008). Generic model for the prediction of remaining shelf life in support of cold chain management in pork and poultry supply chains. Journal on Chain and Network Science, 8, 59-73.

23. Ratkowsky, D. A., Lowry, R. K., McMeekin, T. A., Stokes, A. N. & Chandler, R. E. (1983). Model for bacterial culture growth rate throughout the entire biokinetic temperature range. Journal of Bacteriology, 154, 1222-1226.

24. Ratkowsky, D. A., Olley, J., McMeekin, T. A. & Ball, A. (1982). Relationship between temperature and growth rate of bacterial cultures. Journal of Bacteriology, 149, 1-5.

25. Stanbridge, L. H. & Board, R. G. (1994). A modification of the *Pseudomonas* selective medium, CFC, that allows differentiation between meat pseudomonads and Enterobacteriaceae. Letters in Applied Microbiology, 18, 327-328.

26. Zwietering, M. H., Jongenburger, I., Rombouts, F. M. & van 't Riet, K. (1990). Modeling of the Bacterial Growth Curve. Applied and Environmental Microbiology, 56, 1875-1881.

DEVELOPMENT OF KINETICS MODELS FOR THE GROWTH OF SPECIFIC SPOILAGE ORGANISMS AND HYGIENE INDICATOR BACTERIA IN BLACK TIGER SHRIMP AT THE END OF COLD SUPPLY CHAIN

Mai Thi Tuyet Nga[1], Tran Minh Van[2]

[1]Department of Food Technology, Facutly of Food Technology, Nha Trang University

[2]Department of Information Technology, Nha Trang University

Summary

This study aimed to develop kinetics models for the growth of specific spoilage organisms (e.g. psychrotrophic aerobic microbes TVC, *Pseudomonas* spp., and H_2S-producing bacteria) and hygiene indicator bacteria (e.g. coliforms and/or *Escherichia coli*) in black tiger shrimp during storage at low temperatures. The modelling process was to determine the parameters of primary models of Baranyi & Roberts and/or Gompertz, as well as those of a secondary model of Ratkowsky, the so-called square root model. It was found that the maximal growth rates (of the logarithmic phase) of all studied microorganisms were higher at more elevated temperatures. The Baranyi & Roberts models resulted in lower standard errors of prediction compared to the Gompertz. Secondary models were established for TVC, *Pseudomonas* spp. and coliforms. Validation of the kinetics models showed that over 70% of observed values of TVC and *Pseudomonas* spp. fell within the model acceptable simulation zone (ASZ), revealing the applicability of the developed models in estimating the microbial loads based on the temperature profile of the environment and/or seafood. However, further studies and continuous updating of the microbiological database of black tiger shrimp in the supply chain are needed to improve the models.

Keywords*: Model, kinetics, temperature, supply chain, seafood, quality management.*

Người phản biện: TS. Trần Đăng Ninh
Ngày nhận bài: 12/4/2021
Ngày thông qua phản biện: 12/5/2021
Ngày duyệt đăng: 19/5/2021