

Izabela Steinka

Akademia Morska Gdynia

NOWE TRENDY W PROGNOZOWANIU BEZPIECZEŃSTWA ŻYWNOŚCI

Prognozowanie mikrobiologiczne jest obecnie dominującym trendem w ocenie jakości zdrowotnej żywności. Nieobecność mikroorganizmów chorobotwórczych w żywności jest podstawą wyboru technologii jej produkcji. Dlatego wśród kierunków prognozowania mikrobiologicznego na plan pierwszy wysuwana jest ocena ryzyka zdrowotnego konsumenta. Matematyczne modele mogą służyć do przewidywania liczby mikroorganizmów na każdym etapie procesu wytwarzania żywności. Do oceny narażenia zdrowotnego konsumentów stosuje się wiele równań matematycznych. Jednym z nich jest funkcja Gomperta, która pozwala na ocenę zmian populacji mikroorganizmów w czasie. Wykorzystuje się także modele ilościowej oceny.

WPROWADZENIE

W systemie oceny ryzyka (*Quantitative Risk Assessment* – QRA) modele matematyczne są stosowane do estymacji końcowego ryzyka konsumentów. Modele otrzymuje się w procesie konstruowania funkcji matematycznych będących wynikiem sumowania różnych zagrożeń na określonych etapach procesu wytwarzania środków spożywczych na drodze od pozyskiwania surowca do momentu przekazywania żywności do konsumpcji [19].

Prawdopodobieństwo rozkładu występowania ryzyka związanego z konsumpcją żywności można ocenić za pomocą specjalistycznych programów komputerowych lub poprzez zastosowanie analizy Monte Carlo [19]. Istnieją również oddzielne programy komputerowe, których zadaniem jest wspomaganie procesu oceny ryzyka. Takim programem jest PRM (*Process Risk Model*), a jego funkcjonowanie opiera się na modelu matematycznym opisującym prawdopodobieństwo występowania ryzyka. Różnorodność modeli wynika z potrzeby obiektywizowania zjawisk zachodzących w żywności, a stale rosnąca liczba modeli matematycznych wymaga oceny i uszeregowania według ważności i walorów zastosowawczych [19].

Celem niniejszego opracowania jest przegląd aktualnej wiedzy na temat trendów w prognozowaniu mikrobiologicznym w kontekście oceny jakości i bezpieczeństwa żywności, a także prezentacja badań stanowiących podstawę formowania modeli.

1. PROGNOZOWANIE ZMIAN ZACHOWANIA MIKROORGANIZMÓW W ŻYWNOSCI

Bakterie chorobotwórcze

Wśród mikroorganizmów istotny czynnik narażenia zdrowotnego konsumentów stanowią bakterie względnie beztlenowe. Do rodzajów o szczególnym znaczeniu dla bezpieczeństwa żywności zaliczane są *Salmonella*, *Escherichia coli*, *Listeria monocytogenes*, *Campylobacter jejuni*. Dla niektórych z nich przyjmuje się kryterium tzw. *zero tolerance*, co oznacza ich bezwarunkową nieobecność w środkach spożywczych. Do takich należą m.in. *Listeria monocytogenes* i *Salmonella*. Wymagania higieniczne wskazują na konieczność prowadzenia produkcji w sposób pozwalający na wyeliminowanie obecności tych drobnoustrojów w określonej masie nie mniejszej niż 10 lub 25 g. W przypadku produktów płynnych ten wymóg dotyczy 25 ml płynu [8, 14].

Przeprowadzane są liczne badania nad wpływem początkowego inokulum, obecnością innych gatunków bakterii, stosowaniem utrwalania kombinowanego (tzw. technologii *hurdle*) w utrwalaniu żywności oraz stężeniami biogenów wykorzystywanych w czasie utrwalania surowców i żywności na jakość mikrobiologiczną środków spożywczych [19].

Badania Lambert nie wykazały wpływu inokulum *Listeria monocytogenes* w zakresie 1–6 log jtk/ml na postać modelu prognostycznego w przypadkach utrwalania w systemie *hurdle technology*. Z prezentowanych danych wynika ponadto, że nie stwierdza się wpływu synergizmu w przypadku współwystępowania obu gatunków, tj. *Listeria monocytogenes* i *Listeria innocua*, na postać modelu. Jest to nowa tendencja, ponieważ dotychczas formowane modele wykazywały zależności stężenia środka stosowanego do utrwalania żywności (tzw. prezerwanta) na postać modelu [8]. Przykładowo model prognostyczny dla *Listeria monocytogenes*, uwzględniający zmienne wartości pH i poziomu tłuszczu w mleku przed procesem cieplnej inaktywacji pałeczek konstruowany dla identycznych warunków panujących w mleku, wykazywał istotny wpływ różnych czynników środowiska na postać równań.

Inaktywacja komórek *Listeria* następowała w trzech osobnych kombinacjach temperatur: 55, 60, 65°C i pH 5,0; 6,0; 7,0 oraz zawartości tłuszczu w mleku 2,5% i 5%. Do modelowania nieliniowych krzywych przeżywalności wykorzystano zmodyfikowane równanie Gompertza. Otrzymane wyniki porównano z wcześniej opublikowanymi prognozami wygenerowanymi dla wzrostu komórek w optymalnych warunkach pH 7,0 i braku zawartości tłuszczu mlecznego. Wyniki badań wykazały, że przy szacowaniu oporności cieplnej mikroorganizmów ważne jest zwracanie uwagi na warunki wzrostu, ponieważ wpływają one na kształt krzywych przeżywalności [2].

Liczba modeli prognostycznych dla przeżywalności *Salmonella* w żywności jest niewielka ze względu na przynależność do mikroorganizmów o poziomie *zero tolerance* w środkach spożywczych.

Modele najczęściej prezentowane dla zobrazowania zachowań *Salmonella* w żywności to równania kwadratowe, Gompertza, dwufazowe liniowe, nieliniowe, modele powierzchni odpowiedzi. Najczęściej badane produkty żywnościowe to jaja, piersi kurczaków oraz mleko. W przypadku populacji *Salmonella* postaci modeli zależne są od konsystencji środków spożywczych i technologii utrwalania [19].

Do nowotworzonych modeli związanych ze wzrostem *Salmonella* w żywności należy zaliczyć model Juneja [5]. Modelowanie oparto na uwzględnieniu szerokiego zakresu warunków temperaturowych stosowanych w przechowywaniu mięsa wołowego. Model Baranyiego okazał się najbardziej optymalnym równaniem do obiektywizowania wzrostu *Salmonella* w mięsie, stanowiąc istotne narzędzie w wyznaczaniu krytycznych punktów kontrolnych w ramach systemu HACCP.

Obecnie tworzone są też nowe bazy mikrobiologicznych danych **MRV** (*Microbial Resposed Viewer*) związane z dokładnym testowaniem mikroorganizmów zawartych w bazie danych **ComBase** [7].

Baza danych ComBase została stworzona do gromadzenia danych otrzymanych z literatury przedmiotu dotyczących wzrostu i inaktywacji mikroorganizmów w żywności. Ciągłe powiększana stanowi cenne źródło wiedzy o prowadzonych badaniach, rezultatach osiąganych w dziedzinie mikrobiologii żywności. Jej zasoby pozwalają na prowadzenie badań porównawczych.

Takim przykładem są prezentowane powyżej studia nad tworzeniem MRV, w trakcie których stworzono prognozy dla 17 mikroorganizmów obecnych w żywności. Badania zmian wartości specyficznego wzrostu w zależności od zmiennych warunków pH, temperatury, a_w prowadzono za pomocą log-liniowego modelu Poissona. Określanie zmian wzrostu, brak wzrostu zilustrowano za pomocą równań drugorzędowych. Nowym elementem tych badań było przyjęcie założenia, że przez wzrost bakterii rozumiano znaczącą zmianę liczby drobnoustrojów dopiero powyżej $1,5 \log$ jtk [7].

Od momentu identyfikacji *Escherichia coli* O157:H7 stanowiła zainteresowanie badaczy związane z bezpieczeństwem produktów pochodzenia zwierzęcego, a w szczególności mięsa wołowego [13].

Modele wielomianowe i witalistyczne były najczęściej wymieniane jako istotnie przydatne do oceny zachowania tych szczepów pałeczek *E. coli* w żywności [13,15,16]. Zmienne warunki środowiska i ich wpływ na przeżywalność werotoksycznych szczepów *Escherichia coli* były modelowane za pomocą sztucznych sieci neuronowych (AAN) [20].

Sztuczne sieci neuronowe stanowią przyszłość prognozowania mikrobiologicznego, ponieważ ich specyfika pozwala na uwzględnianie dynamiki zachowań populacji drobnoustrojów w środowisku żywności, w którym obok czynników biogennych i abiotycznych interakcje między mikroorganizmami odgrywają zasadniczą rolę [19].

Aktualne propozycje związane z prognozowaniem *E. coli* idą także w kierunku zastosowania **QMRA** (*Quantitative Model Risk Assessment*) i **@Risk program** do oceny ryzyka i prognozowania zachowania pałeczek w żywności. Rezultaty symulacji komputerowych w tym zakresie ujawniają możliwość wykazania każdego niskiego poziomu zakażenia surowców pochodzenia roślinnego, nawet przy początkowym poziomie mniejszym niż 1 log jtk/g [18].

Dotychczas mało znany, a niezwykle przydatny w procesie prognozowania bezpieczeństwa środków spożywczych był model @RISK, pozwalający na symulację narażenia konsumenta poprzez ocenę zmiany logarytmu liczby bakterii na 100 000 przypadków konsumpcji żywności. Symulacja taka pozwala na ocenę istotnego spadku narażenia następującego podczas obróbki kulinarnej lub technologicznej. Ten rodzaj prognozowania wskazuje na fakt, że wzrost narażenia konsumenta może być wywoływany przechowywaniem chłodniczym po obróbce oraz konsumpcją.

Mikrobiologia prognostyczna umożliwia przewidywanie ilości drobnoustrojów w całym cyklu życia produktu spożywczego. Jednakże predykcje są oparte na modelach i parametrach, które mogą być niedokładne w niektórych przypadkach. Dobrym narzędziem stosowanym w prognozowaniu zachowania bakterii beztlenowych należących do drobnoustrojów, dla których wymagany jest poziom *zero tolerance*, są *challenge* testy. *Challenge test* wykorzystuje się w przypadkach, gdy obecność patogenów jest spodziewana w niskiej ilości lub też występują możliwe sytuacje, w których te patogeny mogą się pojawić. Rzadko spotykane mikroorganizmy mogą pojawić się w nieprawidłowych warunkach przechowywania żywności, a niebezpieczeństwo z tym związane polega na tym, że mogą przechodzić z jednego środka spożywczego na inny produkt. *Surveillance test* dają informacje o aktualnej liczbie mikroorganizmów w produkcie w momencie konsumpcji. Te metody dostarczają istotnych informacji, a ich kombinacja odpowiada na większość pytań, takich jak aktualne liczby drobnoustrojów w żywności i warunki ich namnażania. Wszystkie te informacje powinny być wykorzystane jako baza do zarządzania ryzykiem.

Tymczasem dla produktów mięsnych poddawanych obróbce termicznej wykorzystuje się obecnie modele wynikające z zastosowania równania Ratkowsky'ego. Badania Juneja i współpracowników wykazały, że dzięki tego rodzaju obiektywizacji matematycznej można uzyskać wolną od fałszywych wyników prognozę wzrostu beztlenowej laseczki przetrwalnikującej *Clostridium perfringens* w gotowanym mielonym mięsie wieprzowym [4].

Bakterie saprofityczne

Dotychczas grupą mikroorganizmów saprofitycznych, które stanowiły obiekt zainteresowania mikrobiologii prognostycznej, były pałeczki z rodziny *Pseudomonadaceae* [6, 9, 10, 11, 12]. Ich specyficzna aktywność enzymatyczna jest powodem licznych wad żywności pochodzenia zwierzęcego.

W ostatnich latach pojawiły się również modele matematyczne opisujące zachowanie innych mikroorganizmów, których występowanie w żywności należy łączyć ze zmianą cech organoleptycznych żywności.

Interesującą koncepcję oceny kinetyki wzrostu *Brochothrix thermosphacta* w lodach zaproponowali Johnson i Herkema [3].

Czynniki biogenne syntetyzowane przez bakterie

Narażenie konsumentów na pobieranie określonych dawek biogenych metabolitów pochodzenia bakteryjnego znalazło swoje odzwierciedlenie w modelowaniu mikrobiologicznym. Jest to zupełnie nowy kierunek w modelowaniu prognostycznym.

Narażenie konsumentów na tyraminę obecną w fermentowanych kiełbasach było oceniane za pomocą techniki **symulacyjnej Monte Carlo**. Rezultaty związane z ryzykiem konsumpcji były pokazywane jako funkcja dawki pobieranej w stosunku do dawki wywołującej pierwsze dostrzegalne objawy ze strony organizmu.

W badaniach Bover-Cid i współpracowników praktycznym efektem prognozowania było ustalenie średnich dawek tyraminy obecnych w kiełbasach fermentowanych na 140 mg/kg i bezpiecznej wielkości spożycia produktu, który wynosił w tych warunkach nie więcej niż 22 g. Określono także najniższe ryzyko narażenia na tyraminę jako dawkę 50 mg, stanowiącą maksymalną ilość pobrania przez konsumenta [1].

Grzyby i ich metabolity

Prognozowanie mikrobiologiczne zachowania grzybów w żywności jest obiektem niewielu modeli matematycznych. Prawdopodobnie wynika to z niedoceniania roli grzybów w syntezie substancji o charakterze mykotoksyn. Drugi czynnik, który powoduje, że liczba modeli jest stosunkowo niewielka, stanowi znaczna trudność w ocenie liczebności populacji tych drobnoustrojów. W tabeli 1 przedstawiono modele matematyczne, które próbowano przypisać zjawiskom zachodzącym w środowisku żywności z udziałem grzybów strzępkowych.

Tabela 1

Modele prognostyczne dotyczące zachowania grzybów w żywności
[oprac. na podstawie [19]]

Gatunek, rodzaj mikroflory	Rodzaj żywności	Postać modelu
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	blanszowane warzywa	logistyczna
<i>Botritis cinerea</i>	truskawki	sieć neuronowa
<i>Pichia anomala</i>	oliwki	koncepcja wyznaczania z-wartości

Modelowanie zmian jakości żywności może również dotyczyć mieszanin składających się z bakterii i grzybów. W postaci logitowej proponuje się model matematyczny służący do opisu zachowania takiej mieszanej populacji bakterii i grzybów.

W formie opisowej można go przedstawić jako:

$$\text{logit } Y = a + bx_1 - cx_2 \quad (1)$$

gdzie:

Y – całkowita liczba mikroorganizmów,

x_1 – liczba bakterii,

x_2 – liczba grzybów.

Ten rodzaj równań może służyć do prognozowania zmian organoleptycznych żywności na podstawie oceny poziomu populacji grzybów występujących w czasie przechowywania produktów [19].

Wśród systemów pozwalających na ocenę bezpieczeństwa żywności znajduje się również **MRA** (*Microbial Risk Assessment*) – metoda pozwalająca na ocenę ryzyka. Zadanie jest możliwe do zrealizowania za pomocą MRA, gdy uwzględnia się powyższe czynniki oraz wdroży określoną procedurę postępowania. Szacowanie polega tu na ocenie całkowitej dawki mikroorganizmów wchłoniętych wraz z pokarmem.

Dotychczas niewielka liczba badań za pomocą MRA dotyczyła grzybów lub czynników biogennych. Ostatnie dane przedstawiane w literaturze przedmiotu wyraźnie wskazywały na zastosowanie MRA w ocenie narażenia na mykotoksyny w żywności.

Sant'Ana i współpracownicy cytują dane dotyczące tworzenia modelu ilościowego oceny ryzyka (QRAM) dla patuliny w sokach jabłkowych [17]. Wykorzystanie symulacji Monte Carlo pozwoliło na ocenę zarówno przeżywalności grzybów odpowiedzialnych za wytwarzanie patuliny, jak i wpływu temperatury i inokulum drobnoustrojów na proces syntezy mykotoksyny [17]. W systemie oceny QRAM wykazano, że wpływ na poziom mykotoksyn mają różne etapy pozyskiwania surowca i technologii produktu (tab. 2).

Tabela 2

Zastosowanie QRAM do oceny stężenia mykotoksyn w soku owocowym
[oprac. własne na podst. [17]]

Etap produkcji	Zmiany stężenia	Ewentualny współczynnik determinacji
Mycie owoców	spadek	-0,377–0,629
Selekcja owoców	spadek	
Filtracja soku	spadek	
Pakowanie	wzrost	0,161–0,527
Pasteryzacja produktu	nie powoduje redukcji stężenia	0
Przechowywanie soku w 30°C	wzrost stężenia > 50 ppb	brak

Prognozowanie bezpieczeństwa żywności narażonej na występowanie grzybów strzępkowych dotyczy w ostatnich latach głównie tych grzybów, które wykazują znaczną oporność na termiczne metody utrwalania [17, 23]. Do takich należą grzyby strzępkowe rodzaju *Bysochlamys* o oporności cieplnej zarodników definiowanej jako przeżywalność przez 30 min w temperaturze 65°C.

Zimmermann, poddając badaniom zarodniki, wyznaczył modele wzrostu *Bysochlamys fulva* w sokach owocowych w zależności od wieku zarodników i aktywności wody [23]. Kierunek tych badań istotnie poszerzył wiedzę na temat zachowania zarodników grzybów o wysokim stopniu oporności termicznej w środowisku soków owocowych przechowywanych w opakowaniach z PET. Dotychczas takie badania nie były prowadzone. Zmodyfikowany model Gompertza dobrany przez Zimmermann dobrze opisywał zależność między wzrostem *Bysochlamys nivea* a wiekiem spor i aktywnością wody [23]. Pozwoliło to na stwierdzenie, że większy wpływ na jakość produktów spożywczych, zawierających zarodniki pleśni, wykazywało stężenie cukru regulujące aktywność wody w sokach niż wiek spor.

Niewiele miejsca mikrobiologia prognostyczna poświęca modelowaniu wzrostu drożdży w procesie wytwarzania produktów żywnościowych. Wśród nielicznych przykładów badań Valik i współpracownicy podjęli badania nad możliwością prognozowania wzrostu *Geotrichum candidum* w procesie dojrzewania serów [21]. Sigmoidalna krzywa dobrze odzwierciedlała graficzny wymiar procesu. Mechanistyczny model Baranyiego okazał się natomiast dobrze przystosowany do opisu wzrostu tych grzybów. W rezultacie ustalono jednak, że kształtowanie cech sera było wynikiem takiego wzrostu drobnoustroju, którego zachowanie można było opisać równaniem Ratkowsky'ego. Praktyczny wymiar modelowania to możliwość stwierdzenia, że są pewne warunki, kiedy grzyb uznawany za organizm reinfekujący może być włączony w proces kształtowania jakości sera na etapie jego dojrzewania [21].

Wirusy

Wirusy stanowią grupę pasożytów istotnych w kształtowaniu bezpieczeństwa żywności, natomiast zupełnie pomijaną w prognozowaniu mikrobiologicznym. Do prognozowania ich zachowania w środowisku próbowano wykorzystać technikę symulacyjną Monte Carlo. Jej zastosowanie pozwoliło na symulację ryzyka prawdopodobieństwa występowania wirusów na surowych warzywach.

Wprowadzenie modelu oceniającego ryzyko związane ze spożyciem surowych warzyw zapoczątkowała analiza rozkładu zmiennych. Prawdopodobieństwo narażenia konsumenta na określoną dawkę wirusów można było zapisać w postaci [19]:

$$P_j(\lambda) = 1 - (\alpha + \beta - \alpha)/(\alpha + \beta - \alpha) \quad (2)$$

gdzie: $P_j(\lambda)$ – prawdopodobieństwo ekspozycji na dawkę.

2. KONSUMENT ŻYWNOŚCI A PROGNOZOWANIE JAKOŚCI

Ocena bezpieczeństwa środków spożywczych w ostatnich latach spowodowała pojawienie się matematycznych koncepcji oceny indywidualnego bezpieczeństwa konsumentów żywności, tzw. **FSO** (*Food Safety Objective*). Ten model jest definiowany jako liczba bakterii chorobotwórczych, które mogą być spożywane z żywnością przez indywidualnego odbiorcę. Ten rodzaj prognozowania wymaga znajomości początkowego zakażenia surowca oraz technologii wytwarzania i można go wyrazić jako [22]:

$$H_0 - \Sigma R + \Sigma I \leq FSO \quad (3)$$

gdzie:

H_0 – początkowy poziom zanieczyszczenia,

ΣR – wielkość redukcji mikroorganizmów związanej z technologią produkcji,

ΣI – wielkość wzrostu mikroorganizmów związanego z dogodnymi warunkami wzrostu lub reinfekcją.

Ten rodzaj prognozowania jest szczególnie przydatny w procesie oceny prawdopodobieństwa skumulowanego i pozwala na określenie bezpieczeństwa żywności.

PODSUMOWANIE

Wśród nowych trendów oceny bezpieczeństwa żywności na pierwszy plan wysuwają się te, które pozwalają na ilościowe określenie narażenia konsumenta na czynniki zagrożenia w danych warunkach produkcji żywności. Do takich można zaliczyć QMRA i programy symulacyjne takie jak @Risk.

Istnienie baz danych, takich jak ComBase, ułatwia prognozowanie bezpieczeństwa, natomiast wymaga weryfikacji w odpowiednich warunkach. Dlatego też obok takich programów komputerowych, jak Pathogen Food Model czy Pathogen Modelling Program, nie do końca stanowią narzędzie pomocne w szybkiej ocenie bezpieczeństwa żywności.

W ostatnich latach istotnego znaczenia nabrało kształtowanie jakości żywności za pomocą bakteriofagów. Biorąc pod uwagę złożone aspekty funkcjonowania wirusów bakteryjnych w środowisku, należy przypuszczać, że do prognozowania tych zależności najbardziej adekwatne będzie stosowanie sieci neuronowych. Ten instrument opracowania danych, wyposażony w wiele wejść (synapsy o przypisanych różnych zmiennych wartościach), ma tylko jedno wyjście. Ta elastyczność i wielowarstwowość przestrzenna sieci pozwala na szerokie zastosowanie, m.in. do optymalizacji, klasyfikacji, identyfikacji, i stanowi o przyszłości prognozowania bezpieczeństwa konsumentów.

LITERATURA

1. Bover-Cid S., Jofre A., Aymerich T., Garriga M., *Experimental vesus predicted growth of L. monocytogenes and Lactic Acid Bacteria in meat products*, Food Micro Aberdeen, 2008, PC13.
2. Chabra A.T., Carter W.H., Linton R.H., Cousin M.A., *A predictive model that evaluates the effect of growth conditions on the thermal resistance of Listeria monocytogenes*, Int. J. Food Microbiol., 2002, 78, s. 235–243.
3. Johnson Linka A., Herkema J., *Kinetic growth behaviour of isolate Brochothrix thermosphacta in ice cream mix under various frozen and chill conditions*, Food Micro Aberdeen, 2008, PC18.
4. Juneja V., Marks H., *Predictive model for growth of Clostridium perfringens during cooling of cooked ground pork*, Food Micro Aberdeen, 2008, PC30.
5. Juneja V., Melendres M., Huang L., Jeyamkondan S., Thippareddi H., *Mathematical modeling of growth of Salmonella in Raw Grodnu beef dunder isothermal conditions from 10 to 45°C*, Food Micro Aberdeen, 2008, PC31.
6. Kopeć E., Kajak K., Kołożyn-Krajewska D., *Modelowanie wzrostu, przeżywalności i inaktywacji bakterii w modelowych produktach mięsnych*, XXXII Sesja Naukowa KTiChŻ PAN, Warszawa 2001.
7. Koseki S., *Microbial Responses Viever (MRV): A new detabase of microbial responsem to food environments derived from ComBase*, Food Micro Aberdeen, 2008, C1.
8. Lambert R., Bidlas E., *Predictive modeling: Models for the growth of Listeria monocytogenes and Listeria innocua with respekt to inoculum size, pH, aw, temperature and weak acids*, Food Micro Aberdeen, 2008, PC7.
9. Neumeyer K., Ross T., McMeekin T.A., *Development of a predictive model to describe the effect of temperature and water activity on the growth of spoilage pseudomonads*, Int. J. Food Microbiol., 1997, 38, s. 45–54.
10. Neumeyer K., Ross T., Thomson G., McMekkin T.A., *Validation of a model describing the effects of temperature and water activity on the growth of psychrotrophic pseudomonads*, Int. J. Food Microbiol., 1997, 38, s. 55–63.
11. Rosiak E., Kołożyn-Krajewska D., *Zastosowanie metod prognozowania mikrobiologicznego do modelowania wzrostu mikroflory saprofitycznej w produktach mięsnych utrwalonych lizozymem w formie monomeru*, Żywność, 2003, 3(36), s. 5–20.
12. Rosiak E., Kołożyn-Krajewska D., *Zastosowanie metod prognozowania mikrobiologicznego do modelowania wzrostu mikroflory saprofitycznej w produktach mięsnych utrwalonych lizozymem w formie dimeru*, Żywność, 2003, 4, 37, s. 5–25.
13. Ross T., Ratkowsky D.A., Mellefont L.A., McMeekin T.A., *Modelling the efect of temperature, water activity, pH and lactic acid concentration on the growth rate of Escherichia coli*, Int. J. Food Microbiol., 2003, 82, s. 33–43.
14. Rozporządzenie Komisji WE nr 2073/2005 (Dz. Urz. UE 22.12.2005).
15. Salter M.A., Ross T., Ratkowsky D.A., McMeekin T.A., *Modelling the combined temperature and salt (NaCl) limits for growth of a pathogenic Escherichia coli strain using nonlinear logistic regression*, Int. J. Food Microbiol., 2000, 61, s. 159–167.
16. Sutherland J.P., Bayliss A.J., Braxton D.S., *Predictive modelling of growth of Escherichia coli O157:H7 the effects of temperature, pH and sodium chloride*, Int. J. Food Microbiol., 1995, 25, s. 29–49.
17. Sant’Ana A., Rosenthal A., Massaguer P., *A risk assessment model for paulin in apple juice processing*, Food Micro Aberdeen, 2008, PK1.
18. Schaffner D., Daniluk M., *Quantitative risk assessment for E. coli O157:H7 in leafy greene from farm to consumption using published data*, Food Micro Aberdeen, 2008, PK5.

19. Steinka I., *Prognozowanie interakcji mikrobiologicznych*, Gdańskie Towarzystwo Naukowe, Gdańsk 2007
20. Valdramidis V.P., Belaubre N., Zuniga R., Foster A.M. i inni, *Development of predictive modelling approaches for surface temperature and associated microbiological inactivation during hot dry air decontamination*, Int. J. Food Microbiol., 2005, 100, s. 261–274.
21. Valik L., Liptakova D., Hudecova A., *Growth of Geotrichum candidum: A quantitative characterization of the temperature effect*, Food Micro Aberdeen, 2008, PC2.
22. Wytyczne ICMSF, Kluywer Academic, New York 2002.
23. Zimmermann M., Massaguer P., Aragao G., *Modeling of growth of Byssoschlamys nivea in fruit juice under the influence of water activity and ascospores age*, Food Micro Aberdeen, 2008, PC38.

NEW TRENDS IN FOOD SAFETY FORECASTING

Summary

Microbiological prediction is now the leading trend in the assessment of health quality of food. The absence of pathogenic micro-organisms in food is the basis of its production technology selection; therefore, consumer risk assessment has become a foreground among the fields of microbial forecasting. Mathematical models can be used to predict the number of microorganisms at every stage of food production. A variety of mathematical equations are used to assess the consumer exposure. The frequently used are Gompertz's equation that allows the assessment of population change in time, as well as models for quantitative risk assessment.