(DOI): 10.22092/ISFJ.2026.136378 35(4) 43-73 Iranian Fisheries Scientific Journal

Modeling and predicting the shelf life of *Litopenaeus vannamei* with machine learning-based approaches

Kalantari A.[1]; Laleh Roomiani L.[2*]; Tadayoni M.[1]

*Laleh.roomiani@iau.ac.ir

1-Department of Food Science and Technology, Ahv. C., Islamic Azad University, Ahvaz, Iran
2-Department of Fisheries, Ahv. C., Islamic Azad University, Ahvaz, Iran

Received: December 2025 Accepted: July 2026 Published: November 2026

Copyright: © 2025 by the authors. Licensee MDPI, Basel, Switzerland. This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/).

Introduction

This paper focuses on the importance of shrimp quality, which is a favorite among consumers worldwide. However, seafood can quickly spoil under unfavorable storage conditions due to its nutrient content, water content, and weak connective tissues. Spoilage of seafood results from the rapid proliferation of microorganisms in seafood stored under inappropriate conditions, especially with the effect of temperature, causing changes contrary to consumer preferences, especially odor in seafood. It has been reported that spoilage microorganisms in seafood generally belong to *Pseudomonas* spp., Enterbacteriaceae, *Vibrio* sp, Lactobacillaceae, and Bacillaceae groups. The most important challenge in the seafood industry is their high spoilage potential (Shamaei and Roomiani, 2021). Predictive microbiology can determine the dynamics of microorganisms with respect to environmental factors and is one of the most widely used rapid methods to determine the shelf life, quality, and safety of seafood. Predicting the shelf life of seafood is crucial to maintaining their quality and safety throughout the supply chain (Kumarave *et al*., 2025). Recent advances in non-destructive technologies such as spectral imaging and nuclear magnetic resonance spectroscopy have overcome some of these limitations, but their widespread application remains a challenge. To overcome these obstacles, the seafood industry is increasingly exploring the use of machine learning and deep learning techniques, which have shown great potential in assessing food quality, reducing subjectivity, and enabling real-time decision-making (Rokhva *et al*., 2024). These technologies can improve the accuracy and efficiency of seafood freshness detection while minimizing manual intervention and providing much faster results compared to traditional methods (Cui *et al*., 2024). Machine learning algorithms that can predict the quality and shelf life of seafood products are also used in predictive

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

microbiology. Machine learning algorithms have attracted much attention in various fields due to their advanced feature learning capabilities, making them a promising alternative for improving model performance in food quality and safety assessment. By reviewing studies, it was observed that algorithms such as Random Forest, Decision Tree, k-Nearest Neighbors, AdaBoost, and Gradient Tree Boosting can predict seafood quality (Gürfidan *et al*., 2024).

Methodology

Pseudomonas spp. and Total Viable Count (TVC) values were analyzed to determine. The amount of TVB-N in shrimp muscle was measured by distillation method according to the standard (AOAC, 1995). This study investigated predictive microbiology models using machine learning algorithms such as Random Forest, Extra Tree, k-Nearest Neighbors, AdaBoost, Gradient Tree Boosting, and Support Vector Regression to predict the shelf life of shrimp. The success metrics and test graphs obtained because of these trainings were interpreted and the most successful algorithm from the experiments was determined as the Support Vector Regression model. The inputs of the machine learning model are time and temperature values. It was evaluated how to augment data in a laboratory study to evaluate the shelf life of shrimp at different temperatures, how to prove the consistency of augmented data with the original data, and how to optimize successful machine learning methods for problem-solving processes. Based on these values, TVC, *Pseudomonas* spp. and TVB-N values are estimated. The results obtained provide powerful data for the prediction of the shelf life of shrimp.

Results

According to the results of the research, the initial number of the bacteria varied between 2.7 and 3.5 log cfu/g in whole shrimp stored at different temperatures. The highest initial value was observed at 10°C. *Pseudomonas* spp. numbers increased with storage time and the highest value was reported as 7.9 log cfu/g. Ntzimani *et al*. (2023) investigated the effect of ice on transportation and storage quality in seabass fish. The researchers reported an initial *Pseudomonas* spp. value of 2.0 log cfu/g in shrimp, lower than the values obtained in this study where different algorithms were tested. Figure 1 shows the scatter plot of the original data set, where a part of the data set is *Pseudomonas* spp., b part of the data set is TVC bacteria and c part of the data set is TVB-N.

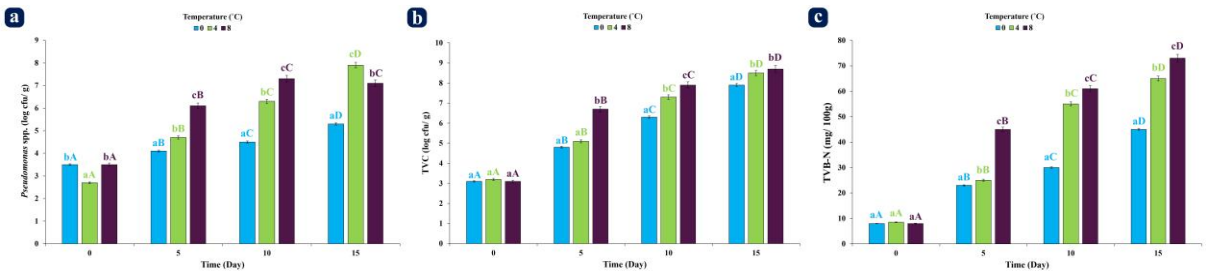
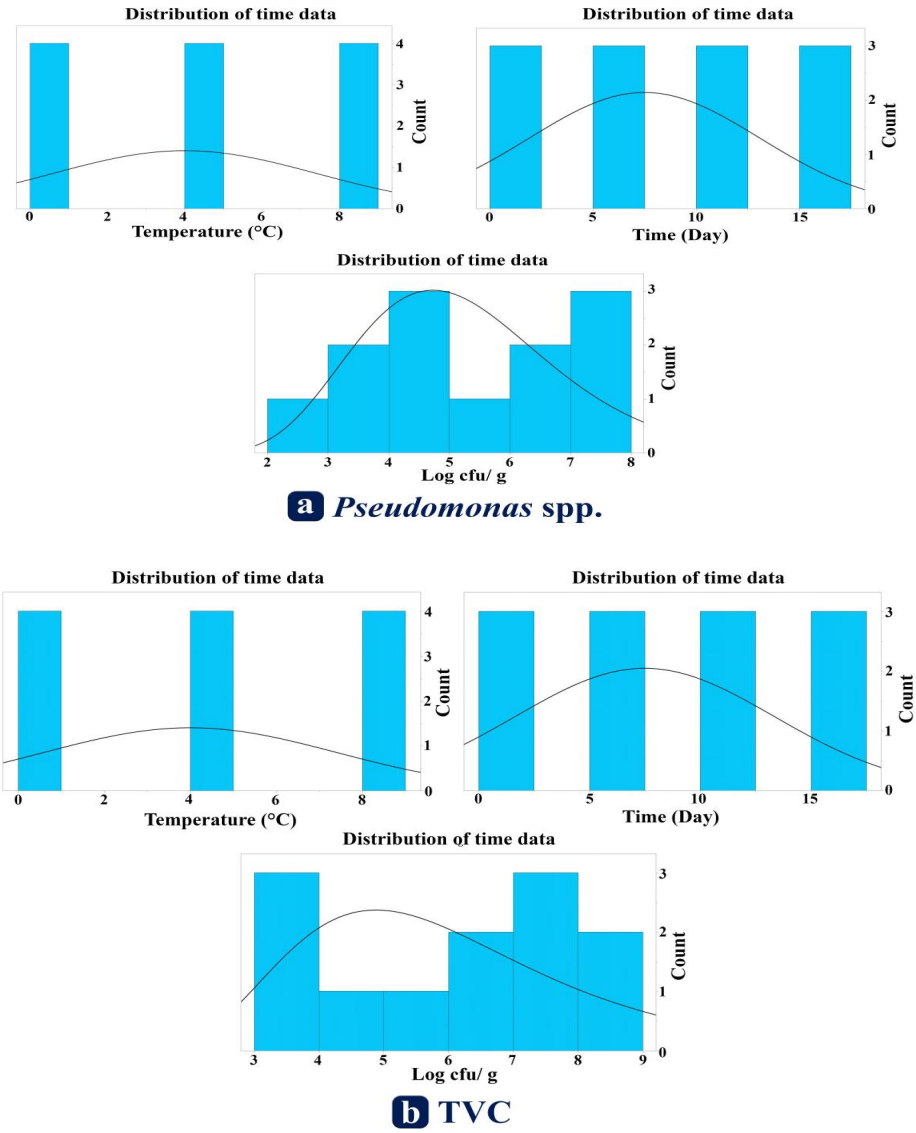


Figure 1: Temporal changes in microbial and chemical spoilage indices of *Litopenaeus vannamei* based on the original experimental data during storage at 0, 4, and 8°C. Different letters indicate significant differences among temperatures within each storage day and among storage times within each temperature treatment (p<0.05; Tukey's test).

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

Figure 2 shows the scatter plot of the new data set after the data augmentation was applied. When analyzed figuratively, it is seen that the trend line on the temperature, time, and log graphs is quite close to each other in both. The small differences observed in the column graphs will be explained by the numerical values measured in the similarity metrics. Data augmentation has been reported by researchers to be a method that plays a role in predicting data at points that are not tested and in making more accurate and reliable classification.



[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

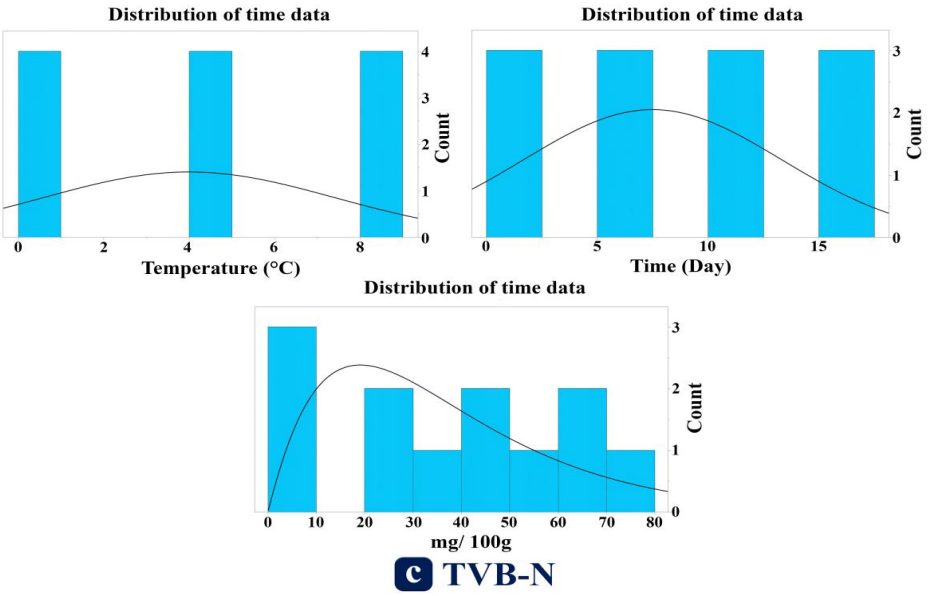


Figure 2: Original data set scatter plot

Discussion and conclusion

These results indicate that machine learning methods can be a fast, powerful and effective tool for predicting shrimp shelf life. In addition, it should be emphasized that the number of input parameters such as temperature, number of bacteria, volatile nitrogenous bases are very important to increase the data for the development and application of machine learning algorithms. Gowda *et al*. (2023) investigated the determination of freshness in edible seafood using IoT and machine learning techniques. The researchers tested machine learning algorithms such as Dense Net Algorithm and Efficient Net Algorithm while determining the freshness of the seafood products they used. According to the results of the research, Efficient Net and Dense Net Algorithm reported accuracy rates of 0.085 and 0.075, respectively. Compared to the studies in the literature, it was observed that machine learning algorithms produced successful results in determining the quality, shelf-life prediction, and freshness classification of seafood products, although there were methodological differences in this study. Recently, Hou *et al*. (2025) performed non-destructive detection of quality changes in shrimp using the YOLO algorithm. The researchers obtained high correlations of 0.88 and 0.81 through the TVB-N and TVC levels of shrimp. In another study, researchers aimed to determine the freshness values of various seafood products in real time. In this context, the authors used four different machine learning algorithms, namely neural network, genetic algorithm, extreme learning machine, and radial basis function neural network. According to the results of the study, it was reported that the genetic algorithm and neural network models showed higher accuracy in predicting the shelf life of various seafood products. Among the four different machine learning algorithms, it was also reported that the neural network model had an R^2 value of 0.99 and was shown to be the best model fit (Cui *et al*., 2024).

Conflict of interest

The authors declare no conflict of interest.

Acknowledgment

We should acknowledge the necessity of thanking the staff of the Fisheries lab of the Islamic Azad University for their assistance in analysis.

Keywords

Litopenaeus vannamei, Shelf life, Machine Learning, Support Vector Regression

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

مجله علمی شیلات ایران ۳۵ (٤) ٤٣-٧٣ (DOI): 10.22092/ISFJ.2026.136378

مقاله علمی - پژوهشی:

مدل‌سازی و پیش‌بینی عمر ماندگاری میگوی *Litopenaeus vannamei* با رویکردهای مبتنی بر یادگیری ماشین

اسماء کلانتری[۱]، لاله رومیانی*[۲]، مهرنوش تدینی[۱]

* Laleh.roomiani@iau.ac.ir

۱-گروه علوم و صنایع غذایی، واحد اهواز، دانشگاه آزاد اسلامی، اهواز، ایران

۲-گروه شیلات، واحد اهواز، دانشگاه آزاد اسلامی، اهواز، ایران

تاریخ دریافت: آذر ١٤٠٤ تاریخ پذیرش: تیر ١٤٠٥ تاریخ چاپ: آبان ١٤٠٥

چکیده

فساد غذاهای دریایی، به دلیل رشد سریع میکروارگانیسم‌ها و به دنبال آن تغییر در طعم و بو، نگرانی‌های زیاد مصرف‌کنندگان را به‌دنبال دارد. هدف پژوهش حاضر، توسعه مدل‌های یادگیری ماشین برای پیش‌بینی شاخص‌های فساد میکروبی و شیمیایی میگوی *Litopenaeus vannamei* در شرایط مختلف نگهداری بود. مطالعه حاضر به بررسی توسعه مدل‌های مربوط به پیش‌بینی شاخص‌های میکروبی و شیمیایی با استفاده از الگوریتم‌های یادگیری ماشین (Random Forest، Extra Tree، k-Nearest Neighbors، AdaBoost، Gradient Tree Boosting و Support Vector Regression)، برای ارزیابی عمر ماندگاری *L.vannamei* (۵۰ قطعه) پرداخت. چگونگی افزایش داده‌ها در یک مطالعه آزمایشگاهی (با ۳ تکرار برای هر تجزیه‌وتحلیل) برای ارزیابی عمر ماندگاری میگو طی ۱۵ روز، در دماهای مختلف (۰، ۴ و ۸ درجه سانتی‌گراد)، چگونگی اثبات سازگاری داده‌های افزایش یافته با داده‌های اصلی و چگونگی بهینه‌سازی روش‌های موثر یادگیری ماشین برای فرآیندهای حل مسئله ارزیابی گردید. برای هر یک از شاخص‌های *Pseudomonas*، بازهای نیتروژن فرارکل (TVB-N) و میزان باکتری‌های هوازی (TVC)، تعداد ۱۵۸ داده تولیدی وارد فرآیند مدل‌سازی شد. بنابراین، مجموعه داده نهایی شامل ۴۷۴ داده تولیدی برای سه شاخص بود. میزان *Pseudomonas*، TVC و میزان TVB-N با گذشت زمان نگهداری و دما افزایش یافت و بالاترین مقدار آنها به‌ترتیب ۷/۹ log cfu/g، ۸/۷ log cfu/g و ۷۳ میلی‌گرم بر ۱۰۰ گرم گوشت میگو رسید. نتایج نشان داد که الگوریتم بهینه‌شده Support Vector Regression برای تخمین میزان *Pseudomonas* با مقدار R^2 برابر با ۰/۹۸۲۸، تخمین مقدار TVC با R^2 برابر با ۰/۹۹۲۸ و R^2 برابر با ۰/۹۹۴۰ برای TVB-N موثرترین مدل بود درحالی‌که سایر الگوریتم‌ها نسبت به این الگوریتم تاثیر کمتری داشتند. این نتایج نشان می‌دهد که توسعه مدل‌های یادگیری ماشین برای پیش‌بینی شاخص‌های فساد میکروبی و شیمیایی میگوی وانامی در شرایط مختلف نگهداری موثر بود. علاوه‌براین، باید تأکید کرد که تعداد فراسنجه‌های ورودی دما، تعداد باکتری‌ها، TVB-N برای افزایش داده‌ها برای توسعه و کاربرد الگوریتم‌های یادگیری ماشین بسیار مهم هستند.

لغات کلیدی: *Litopenaeus vannamei*، ماندگاری، یادگیری ماشین، Support Vector Regression

*نویسنده مسئول

Copyright: © 2025 by the authors. Licensee MDPI, Basel, Switzerland. This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/).

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

مقدمه

ماهی، میگو و سایر محصولات دریایی، به دلیل ارزش غذایی بالای خود، بخش حیاتی رژیم غذایی جهان را تشکیل می‌دهند. غذاهای دریایی سرشار از پروتئین‌های با کیفیت بالا، ویتامین‌ها، موادمعدنی و اسیدهای‌چرب ضروری مانند اسیدایکوزا-پنتانوئیک و اسیددوکوزا-هگزانوئیک هستند و فواید سلامتی بی‌شماری دارند (Siripatrawan and Makino, 2025). مهم‌ترین چالش در صنعت محصولات دریایی پتانسیل فساد بالای آنهاست (Shamaei and Roomiani, 2021). سالانه حداقل ۱۰ میلیون تن محصولات دریایی در سراسر جهان در حین حمل‌ونقل یا نگهداری خراب می‌شوند یا آسیب می‌بینند. نظارت بر تازگی غذاهای دریایی به صورت لحظه‌ای اهمیت ویژه‌ای پیدا کرده است. پیش‌بینی علمی عمر ماندگاری مواد غذایی به عنوان یک چالش فنی اصلی در صنعت جهانی غذا برای حفظ کیفیت، ایمنی و مزایای اقتصادی محصول ضروری است (Yu *et al*., 2026). با توجه به افزایش تقاضای مصرف‌کنندگان برای محصولات غذایی با ماندگاری طولانی و کیفیت پایدار، توسعه مدل‌های پیش‌بینی دقیق با استفاده از فناوری‌های پیشرفته تشخیص، به یک ضرورت فوری در صنعت شیلات تبدیل شده است. میکروب‌شناسی پیش‌بینی‌کننده می‌تواند پویایی میکروارگانیسم‌ها را با توجه به عوامل محیطی، تعیین کند و یکی از پرکاربردترین روش‌های سریع برای تعیین عمرماندگاری، کیفیت و ایمنی غذاهای دریایی است. پیش‌بینی ماندگاری محصولات دریایی برای حفظ کیفیت و ایمنی آنها در سراسر زنجیره تأمین بسیار مهم است (Kumarave *et al*., 2025). تازگی غذاهای دریایی با استفاده از روش‌های مرسوم مانند تجزیه‌وتحلیل میکروب‌شناسی (شمارش باکتری‌های زنده، گونه‌های *Pseudomonas*، باکتری‌های سرمادوست)، خواص فیزیکوشیمیایی (pH، بازهای نیتروژن فرار کل (TVB-N)، تری‌متیل‌آمین) و ارزیابی حسی تعیین می‌شود. با این‌حال، این روش‌های مرسوم محدودیت‌های متعددی از جمله، تجزیه‌وتحلیل‌های زمان‌بر، تخریب نمونه و الزامات تجهیزات آزمایشگاهی خاص، دارند. بر این اساس، نیاز به سیستم‌های ارزیابی تازگی با کارایی بالا که امکان نظارت مداوم بر کیفیت غذاهای دریایی را در طول زنجیره تأمین فراهم می‌کنند، در حال ظهور است (Yu *et al*., 2026).

در طول سال‌ها، مدل‌های ریاضی و روش‌های یادگیری ماشین برای پیش‌بینی عمرماندگاری گونه‌های مختلف آبزیان دریایی تحت شرایط مختلف نگهداری توسعه داده شده‌اند. به رغم دقت این روش‌های تحلیلی، آنها اغلب وقت‌گیر هستند، به تجهیزات تخصصی نیاز دارند و ممکن است برای نظارت بر همه گونه‌های آبزیان در زمان واقعی امکان‌پذیر نباشند. پیشرفت‌های اخیر در فناوری‌های سبز (تصویربرداری طیفی و طیف‌سنجی رزونانس مغناطیسی هسته‌ای)، برخی از این محدودیت‌ها را برطرف کرده‌اند، اما کاربرد گسترده آنها همچنان یک چالش است. برای غلبه بر این موانع، صنعت غذاهای دریایی در حال بررسی استفاده از روش‌های یادگیری ماشین و یادگیری عمیق است که پتانسیل بالایی در ارزیابی کیفیت غذا و امکان‌پذیرکردن تصمیم‌گیری را در زمان واقعی نشان داده‌اند (Rokhva *et al*., 2024). این فناوری‌ها می‌توانند دقت و کارایی را در تشخیص تازگی غذاهای دریایی بهبود بخشند و در عین حال مداخله دستی را به حداقل برسانند و نتایج بسیار سریع‌تری را در مقایسه با روش‌های سنتی ارائه دهد (Cui *et al*., 2024). الگوریتم‌های یادگیری ماشین که می‌توانند کیفیت و عمرماندگاری محصولات دریایی را پیش‌بینی کنند، در میکروب‌شناسی پیش‌بینی‌کننده نیز استفاده می‌شوند. الگوریتم‌های یادگیری ماشین به دلیل قابلیت‌های پیشرفته یادگیری ویژگی، توجه زیادی را در زمینه‌های مختلف به‌خود جلب کرده‌اند و این امر آنها را به جایگزینی امیدوارکننده برای بهبود عملکرد مدل در ارزیابی کیفیت و ایمنی مواد غذایی تبدیل کرده است. یادگیری ماشین می‌تواند برای تعیین کیفیت غذا به عنوان یک روش ضروری (بدون تماس و از بین‌بردن موادمغذی موجود در غذا)، مورد استفاده قرار گیرد (Ablegue *et al*., 2025).

با بررسی مطالعات، مشاهده شد که الگوریتم‌هایی مانند Random Forest، Decision Tree، k-Nearest Neighbors، AdaBoost و Gradient Tree Boosting

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

می‌توانند کیفیت غذاهای دریایی را پیش‌بینی کنند (Gürfidan *et al*., 2024). با هدف تعیین کیفیت غذاهای دریایی با استفاده از نویز الکترونیکی و الگوریتم‌های یادگیری ماشین با بهینه‌سازی فراسنجه‌ها مطالعه‌ای انجام شد. نتایج نشان داد که الگوریتم k-Nearest Neighbors به بالاترین ضریب دقت در پیش‌بینی کیفیت غذاهای دریایی دست یافت (Wijaya *et al*., 2023). الگوریتم‌های ماشین‌بردار پشتیبان و شبکه عصبی کانولوشن (CNN)[1] عمیق برای تعیین تازگی ماهی استفاده شده است. به دلیل توانایی الگوریتم‌های یادگیری ماشین در مدیریت الگوهای داده‌های پیچیده و روابط غیرخطی، رویکردی امیدوارکننده برای پیش‌بینی سریع ماندگاری محصولات دریایی مانند سی‌باس ارائه می‌دهند (Gürfidan *et al*., 2024). در مطالعه Kumaravel و همکاران (۲۰۲۵) شاخص‌های شیمیایی و رنگ گونه‌های آبزیان از طریق مدل جنگل تصادفی (RF)[2] با هدف پیش‌بینی دقیق مقادیر pH نمونه‌ها استفاده شدند. عملکرد مدل با استفاده از معیارهای استاندارد مانند میانگین خطای مطلق (MAE)[3]، میانگین مربعات خطا (MSE)[4] و خطای جذر میانگین مربعات (RMSE)[5] ارزیابی شد. در میان گونه‌های آزمایش‌شده، *Parastromateus niger* و *Lutjanus campechanus* کمترین مقادیر MSE (به‌ترتیب ۰/۰۰۴۶۲۵ و ۰/۰۰۵۰۳۴) را نشان دادند که نشان‌دهنده قابلیت اطمینان پیش‌بینی بالاست. در مطالعه دیگر، پیش‌بینی بازهای‌نیتروژن‌فرارکل در ماهی *Larimichthys crocea* با استفاده از مدل AIE-LSTM نشان داد که میانگین‌ضریب‌تعیین R^2 برابر با ۰/۹۶۰ و کمترین انحراف‌معیارنسبی R^2، RMSE و MAE دست یافت (Ren *et al*., 2026). تحقیق دیگر به پیش‌بینی دقیقی از تعداد کل باکتری‌های زنده، بازهای‌نیتروژن‌فرارکل و اسیدتیوباربیتوریک در ماهی سالمون و میگو از طریق ترکیب روش‌های E-nose و LF-NMR در ترکیب با یادگیری ماشین دست یافت (Yu *et al*., 2026).

حفظ تازگی میگو یک مسئله حیاتی در کنترل کیفیت و ایمنی در صنعت فرآوری آن است. روش‌های سنتی معمولاً زمان‌بر بوده، استانداردسازی آنها دشوار است، به پشتیبانی آزمایشگاهی حرفه‌ای نیاز دارند، پیچیده و حساس به زمان هستند که برآورده‌کردن نیازهای فوری زنجیره تأمین محصولات آبزی مدرن برای نظارت سریع، غیرمخرب و آنلاین بر تازگی و پیش‌بینی دقیق را دشوار می‌کند. توسعه فناوری‌های کارآمد، قابل‌اعتماد و هوشمند برای ارزیابی سریع تازگی و پیش‌بینی ماندگاری محصولات آبزی به منظور حفظ ایمنی مصرف‌کنندگان، کاهش ضایعات موادغذایی، بهینه‌سازی مدیریت لجستیک زنجیره سرد و افزایش مزایای اقتصادی صنعت فرآوری آبزیان، از اهمیت بالایی برخوردار است. برای کاهش چنین چالش‌هایی، این مطالعه با هدف ارائه یک رویکرد موثر برای ارزیابی تازگی میگوی *Litopenaeus vannamei*، به عنوان یک مدل غذایی، بر اساس الگوریتم‌های مختلف یادگیری ماشین انجام شد تا امکان قابل‌اعتمادبودن تازگی را فراهم کند. برای توصیف داده‌های ترکیبی، مدل بهینه مربوط به شاخص‌های تازگی میگو با استفاده از ۶ مدل یادگیری ماشین انجام گردید. عمر ماندگاری میگوها با استفاده از ورودی‌های چند متغیره شامل بازهای نیتروژن فرارکل (TVB-N)، میزان باکتری‌های هوازی (TVC) و *Pseudomonas* پیش‌بینی شد. پیش‌بینی عمرماندگاری بر اساس زمان و دمای نگهداری و تاثیر آنها بر کیفیت میکروبی میگو متمرکز بود.

مواد و روش کار

۵۰ قطعه میگوی *Litopenaeus vannamei* (با وزن تقریبی حدود ۴ گرم) تازه از بازار آبادان خریداری و بعد از پاک‌کردن، در جعبه‌های حاوی یخ بسته‌بندی و به آزمایشگاه منتقل شدند. بعد از اینکه نمونه‌ها به آزمایشگاه آورده شدند، به‌ترتیب در دماهای ۰ ، ۴ و ۸ درجه سانتی‌گراد نگهداری شدند. چهار قطعه میگو (به صورت کاملاً تصادفی) به طور دوره‌ای در روزهای ۰، ۵، ۱۰و ۱۵

[1] Convolutional Neural Network (CNN)
[2] Random Forest
[3] Mean Absolute Error (MAE)
[4] Mean Squared Error (MSE)
[5] Root mean square deviation or root mean square error (RMSE)

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

انتخاب و نمونه‌ها از نظر میکروب‌شناسی برای اندازه‌گیری *Pseudomonas*، شمارش باکتری‌های مزوفیل هوازی (TVC) و میزان بازهای‌نیتروژنی‌فرارکل (TVB-N) مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. تمام آزمایش‌ها با ۳ تکرار و به طور مستقل انجام شدند.

اندازه‌گیری TVC

تعیین بار میکروبی بر طبق استاندارد شماره ۲۳۲۵ انجام شد (National Standard of Iran. Microbiology, 2001). بدین‌منظور، ۵ گرم نمونه میگو با ۴۵ میلی‌لیتر آب مقطر به کیسه استریل استومیکر منتقل و به صورت هموژن درآمدند. سپس ۰/۱ میلی‌لیتر نمونه تا رقت 10^5 میلی‌لیتر در محلول سرم فیزیولوژی رقیق گردید. یک میلی‌لیتر از هر رقت در پلت حاوی محیط‌کشت[1] به طور سطحی پخش شد. بعد از چند دقیقه همه پلت‌ها وارونه و در انکوباتور به مدت ۴۸ ساعت با دمای ۳۰ درجه سانتی‌گراد گرمخانه‌گذاری شدند. پس از اتمام گرمخانه‌گذاری، کلنی‌ها پس از شمارش در عکس رقت مورداستفاده ضرب و بر وزن نمونه برداشته‌شده تقسیم گردید. سپس لگاریتم آنها گرفته شد تا لگاریتم تعداد کلنی در واحد وزن (log cfu/ g) به‌دست آید. آزمایش با سه تکرار انجام شد.

شمارش گونه‌های *Pseudomonas*

۵ گرم نمونه میگو، با ۱۰۰ میلی‌لیتر از محیط‌کشت پپتون واتر هموژن گردید. باکتری غنی‌شده در محیط‌کشت پپتون واتر به صورت متراکم در محیط‌کشت انتخابی PCA[2] به صورت خطی کشت و به مدت ۷۲-۴۸ ساعت در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد گرمخانه‌گذاری گردید. از هر پلیت ۵ کلونی انتخاب گردید. کلنی‌های مشکوک به *Pseudomonas* که دارای رنگدانه سبز-آبی بودند، انتخاب و شمارش شدند. بدین صورت که ۲۱ میکرولیتر از کشت تازه هر جدایه *Pseudomonas* به صورت نقطه‌ای در محیط MHA[3] کشت داده شد. گرمخانه‌گذاری به مدت ۴۸-۴۰ ساعت در دمای محیط صورت گرفت (Caldera *et al*., 2016). آزمایش با سه تکرار انجام شد.

اندازه‌گیری بازهای نیتروژنی فرار (TVB-N)

میزان TVB-N در عضله میگو با روش تقطیر طبق استاندارد AOAC (۱۹۹۵) اندازه‌گیری شد. ۵ گرم عضله میگو با سوسپانسیون اکسیدمنیزیم همگن و به مدت دو دقیقه در ۱۰۰ میلی‌لیتر آب مقطر ریخته و پس از ۳۰ دقیقه خیساندن، فیلتراسیون انجام شد. ۱۰ میلی‌لیتر از محلول رویی را برداشته و قبل از آزمایش ۱ گرم اکسید منیزیم به آن اضافه شد. مواد نیتروژنی فرار با تقطیر بخار آزاد و محلول تقطیر با محلول اسیدبوریک ترکیب و سپس در نهایت آن را با محلول استاندارد ۰/۰۱ مول بر لیتر اسیدهیدروکلریک تا نقطه پایانی تیتر شد. غلظت و حجم اسیدبوریک به‌ترتیب ۲۰ گرم در لیتر و ۲۵ میلی‌لیتر و زمان تقطیر ۵ دقیقه (به مدت ۳۰ دقیقه از زمان جوش) بود. برای اطمینان از امکان‌پذیری و کارایی آزمایش، پنج نمونه میگو (یک نمونه مرکب) برای اندازه‌گیری مخلوط و همگن گردید و میانگین آنها به عنوان میزان TVB-N بر اساس میلی‌گرم نیتروژن بر ۱۰۰ گرم طبق فرمول ذیل محاسبه گردید:

TVB-N= میزان تیترازول نمونه شاهد − × ۱/۴ × ۱۰۰
نمونه مصرفی (میلی‌لیتر)

روش داده‌افزایی با روش تولید داده

از آن‌جایی‌که داده‌ها برای الگوریتم‌های یادگیری ماشین به اندازه کافی نبودند، انجام یادگیری صحیح به‌وسیله آنها قابل اجرا نبود. بنابراین، در این مطالعه، از برازش منحنی (CF)[4] برای افزایش اندازه مجموعه داده‌ها استفاده گردید. در این روش، داده‌های واقعی آزمایشگاهی ابتدا به عنوان مبنای تولید داده مورد استفاده قرار گرفتند و سپس بر اساس روند تغییرات مشاهده‌شده در داده‌های واقعی، مجموعه داده جدید تولید شد. بنابراین، داده‌های واقعی دارای نقش داده‌های پایه برای تولید داده بودند و مدل‌سازی یادگیری ماشین بر اساس داده‌های تولیدی

[1] Plate Count Agar
[2] Pseudomonas Citrimade Agar (PCA)
[3] Mueller Hinton Agar (MHA)
[4] Curve Fitting (CF)

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

انجام شد. داده‌های زمان، دما، لگاریتم میکروبی و TVB-N به مجموعه داده‌ها اضافه شدند. این داده‌ها اغلب انواع اساسی داده‌هایی هستند که مدل‌های یادگیری ماشین به آنها نیاز دارند و تنوع‌بخشی و افزودن این داده‌ها به مدل اجازه می‌دهد تا بهتر یاد بگیرد. فرآیند افزودن داده‌ها با پیکربندی دستی انواع داده‌ها آغاز شد. در این مرحله، تعیین شد که کدام نوع داده‌ها باید اضافه شوند. این مرحله پیکربندی، اساس داده‌ها را تشکیل می‌دهد. در مرحله بعد، انواع داده‌های شناسایی‌شده قبل از شروع افزایش داده‌ها با تطبیق آنها با انواع داده‌های جدیدی که ایجاد می‌شوند، اعتبارسنجی شدند. در مجموعه داده‌های اصلی، مقادیر زمانی در روزهای صفر، ۵، ۱۰ و ۱۵ قرار داشتند. مقادیر صحیح گمشده بین این روزها با استفاده از روش CF با تکمیل در مجموعه داده‌ها پر شدند. این امر باعث می‌شود داده‌های زمانی یکپارچه‌تر و پیوسته‌تر شوند. مقادیر دما در محدوده ۸-۰ درجه سانتی‌گراد بود. این موضوع امکان می‌دهد تا رابطه بین داده‌های دمای موجود مدل‌سازی شوند و در نتیجه نقاط داده طیف وسیع‌تری از دماها را پوشش دهند. به طور مشابه، مقادیر زمانی برای نشان‌دادن هر مقدار دما در محدوده ۳۶۰-۰ ساعت افزایش یافت. این امر امکان داد تا رابطه بین زمان و دما با جزئیات بیشتری مدل‌سازی شود. در این مطالعه، تعداد داده‌های واقعی برای هر شاخص برابر با ۱۲ داده بود؛ زیرا داده‌های اصلی از ترکیب چهار زمان نمونه‌برداری (روزهای صفر، ۵، ۱۰ و ۱۵) و سه دمای نگهداری (۰، ۴ و ۸ درجه سانتی‌گراد)، به‌دست آمدند. این داده‌های واقعی برای انجام CFو تولید داده‌های جدید استفاده شدند. پس از فرآیند تولید داده، برای هر شاخص ۱۵۸ داده تولیدی به‌دست آمد. بنابراین، در بخش مدل‌سازی یادگیری ماشین، برای هر متغیر پاسخ از ۱۵۸ داده تولیدی استفاده شد. با توجه به بررسی سه شاخص *Pseudomonas*، TVC و TVB-N، در مجموع ۳۶ داده واقعی به عنوان داده پایه برای تولید داده و ۴۷۴ داده تولیدی برای مدل‌سازی یادگیری ماشین وجود داشت. دلیل افزایش داده‌ها، افزایش تنوع داده‌های آموزشی است تا مدل‌های یادگیری ماشین بتوانند نتایج بهتری تولید کنند. اصل اساسی افزایش داده‌ها این است که اطمینان حاصل شود که توزیع در مجموعه داده‌های اصلی با توزیع در مجموعه داده‌های ساختگی همبستگی بالایی دارد و توزیع‌های آماری انحراف معیار و واریانس مشابه هستند (Maharana *et al.*, 2022). در این مطالعه، اعتبار داده‌های تولیدی با مقایسه روند تغییرات آنها با داده‌های واقعی اولیه بررسی شد. برای این منظور، نمودارهای پراکندگی داده‌های واقعی و داده‌های تولیدی مقایسه شدند و هم‌خوانی کلی روند تغییرات، دامنه مقادیر و شیب خطوط برازش‌شده مورد ارزیابی قرار گرفت. داده‌های تولیدی در این بخش، داده‌های حاصل از فرآیند محاسباتی CF بر پایه داده‌های واقعی بودند و با هدف افزایش پوشش نقاط زمان-دما و بهبود آموزش مدل‌های یادگیری ماشین مورد استفاده قرار گرفتند.

مدل یادگیری ماشین آموزش‌دیده

در مجموع شش الگوریتم مختلف یادگیری ماشین آموزش داده شدند و مورد استفاده قرار گرفتند (Random Forest، k-Nearest Neighbors، AdaBoost، Gradient Tree Boosting، Extra Tree و Support Vector Regression). الگوریتم Extra Trees یک روش یادگیری ماشین است که به طور خاص برای حل مسائل طبقه‌بندی و رگرسیون استفاده می‌شود. Extra Trees روشی مبتنی بر درخت‌های تصمیم‌گیری است. این الگوریتم از درختان زیادی مانند الگوریتم جنگل تصادفی به عنوان منطق کاری استفاده می‌کند. G_{th} نشان‌دهنده درخت پیش‌بینی است. θ نشان‌دهنده یک بردار توزیع مستقل یکنواخت است که قبل از رشد درخت اختصاص داده می‌شود. همه درختان با هم ترکیب شده و در یک گروه درختی از G(x) میانگین‌گیری می‌شوند که با استفاده از معادله Breiman (۲۰۰۱) به‌دست می‌آید:

$$G(x, \theta_1, \dots, \theta_2) = \frac{1}{2}\sum_{r=1}^{K} G(x, \theta_r)$$

الگوریتم KNN[1] یک روش یادگیری ماشین نظارت‌شده است که به عنوان یک حل‌کننده طبقه‌بندی یا رگرسیون

[1] k-Nearest Neighbors (KNN)

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

عمل می‌کند. این الگوریتم از کلاس‌ها یا مقادیر نزدیک‌ترین نقاط همسایه برای طبقه‌بندی یا پیش‌بینی یک نقطه داده جدید استفاده می‌کند. اصل اساسی KNN این است که نقاط داده با ویژگی‌های مشابه، تمایل به داشتن کلاس یا مقدار مشابه دارند. با در نظرگرفتن x و y به عنوان مقادیر محور، پس از محاسبه فاصله، ورودی x به عنوان مقدار کلاس با بالاترین احتمال در نظر گرفته می‌شود که از طریق معادله ذیل محاسبه می‌گردد (James *et al*., 2013):

$$P(y=j|X=x)=\frac{1}{k}\sum_{i\varepsilon A} I(y^{(i)}=j)$$

GB[1] یک الگوریتم یادگیری ماشین است که در فرآیندهای طبقه‌بندی و رگرسیون استفاده می‌شود. هدف این الگوریتم ایجاد یک یادگیرنده قوی با ترکیب یادگیرنده‌های ضعیف است. تقویت گرادیان با ترکیب پیش‌بینی‌کننده‌های ضعیف برای ایجاد یک مدل پیش‌بینی قوی عمل می‌کند. اصل اساسی نحوه کار این الگوریتم، اصلاح یادگیری نادرست تخمین‌گر ضعیف قبلی با اضافه‌کردن تخمین‌گرهای جدید است. این فرآیند بر محاسبه وزن‌ها تأثیر می‌گذارد درحالی‌که مقادیر جدید با تابع زیان تعیین می‌شوند. معادله ذیل برای محاسبه کلی مدل استفاده می‌شود (Turgut and Koc, 2025):

$$\gamma_m = arg_\gamma min \sum_i^n L(y_i, F_{m-1}(x_i)+\gamma$$

i=1-n متعلق به r_{ij} است که در آن j نشان‌دهنده برگ، y مقدار مشاهده‌شده و γ مقدار پیش‌بینی‌شده است.

جنگل تصادفی (RF) یک الگوریتم یادگیری ماشین است که به طور گسترده به‌ویژه در مسائل طبقه‌بندی و رگرسیون استفاده می‌شود. جنگل تصادفی می‌تواند با ترکیب چندین درخت تصمیم، مدلی قدرتمندتر و قابل‌تعمیم‌تر ایجاد کند. هنگامی که درختان برای مدل‌های رگرسیون پیکربندی می‌شوند، میانگین درخت‌های تصمیم، مقدار پیش‌بینی است. جنگل تصادفی از تصادفی‌سازی برای به حداقل‌رساندن خطر بیش‌برازش استفاده می‌کند. انتخاب ویژگی‌های تصادفی و تولید تصادفی زیرمجموعه‌های داده، مدل را متنوع‌تر و قابل تعمیم‌تر می‌کند. مقدار میانگین مربعات خطا برای جنگل تصادفی مطابق معادله ذیل محاسبه می‌شود (Liaw and Wiener, 2002).

$$RF_{MSE}=\frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N}(f_i-y_i)^2$$

N: تعداد نقاط داده، f_i: مقدار برگردانده شده به‌وسیله مدل و y_i: مقدار واقعی برای نقطه داده i

AdaBoost یک الگوریتم یادگیری گروهی برای ساخت مدل‌های قوی است. AdaBoost با ترکیب مدل‌های ضعیف با یکدیگر، قصد دارد یک مدل قوی‌تر بسازد. الگوریتم AdaBoost الگوریتمی است که بر اساس وزن کار می‌کند و به هر طبقه‌بندی‌کننده ضعیف، وزن اختصاص داده می‌شود. هنگامی که یک طبقه‌بندی‌کننده بر مجموعه آموزشی وزن‌دار آموزش داده می‌شود، وزن نمونه‌های طبقه‌بندی نشده افزایش می‌یابد و طبقه‌بندی‌کننده بعدی روی این مجموعه داده وزن‌دار بروزرسانی‌شده آموزش داده می‌شود. این فرآیند تا زمانی که تعداد تکرارهای موردنظر یا هدف یادگیری خاص حاصل شود، ادامه می‌یابد. معادله ذیل برای محاسبه کلی مدل استفاده می‌شود (Wu *et al*., 2025):

$$\varepsilon_t=\frac{\sum_{i=1}^{N} w_{t.1(h_t(x_i)\neq y_i)}}{\sum_{i=1}^{N1} w_i}$$

میزان خطا با ε_t محاسبه می‌شود. به عبارت دیگر، نشان می‌دهد که طبقه‌بندی‌کننده t ام چقدر خوب قادر به اصلاح خطاهای ایجادشده در مجموعه داده‌های آموزشی وزن‌دار است.

رگرسیون بردار پشتیبان (SVR)[2]، به عنوان یک روش یادگیری ماشین نظارت‌شده است که از ماشین‌های بردار پشتیبان (SVM)[3] مشتق شده است و به منظور پیش‌بینی فراسنجه‌های کیفی پیوسته بر اساس زمان نگهداری به‌کار گرفته شد. ماشین بردار پشتیبان (SVM) یک روش غیرپارامتری، تحت نظارت و مبتنی بر هسته از روش‌های یادگیری ماشین است. یادگیری مبتنی بر هسته

[1] Gradient Boosting (GB)

[2] Support Vector Regression (SVR)

[3] Support vector machines (SVM)

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

از نگاشت ضمنی داده‌های ورودی به یک فضای ویژگی با ابعاد بالا که با یک تابع هسته توصیف می‌شود، استفاده می‌کند. به عبارت دیگر، یادگیری مبتنی بر هسته از ابرصفحه خطی به عنوان یک تابع تصمیم‌گیری برای مسائل غیرخطی استفاده کرده و سپس یک تبدیل برگشتی را در فضای غیرخطی اعمال می‌کند. SVM از ضریب لاگرانژ برای محاسبه مشتق جزئی هر ویژگی برای دستیابی به راه‌حل بهینه استفاده می‌کند. در نتیجه، این مدل پیچیدگی داده‌های آموزشی را به زیرمجموعه قابل‌توجهی از بردارهای پشتیبانی کاهش می‌دهد. SVM طبقه‌بندی کننده را همان‌طوری‌که در معادله ذیل نشان داده شده است، ایجاد می‌کند (Hsu *et al*., 2003):

$$y(x)=\text{sign}\left[\sum_{k=1}^{N}\alpha_k\, y_k \psi(x,x_k) + b\right]$$

α_k: ثابت‌های حقیقی مثبت، b: یک ثابت حقیقی

ارزیابی مدل

معیارهای خطا که برای ارزیابی موفقیت الگوریتم‌های یادگیری ماشین استفاده می‌شوند، برای اندازه‌گیری عملکرد مدل استفاده می‌شوند. این معیارها به ارزیابی میزان تطابق پیش‌بینی‌های مدل با مقادیر واقعی و توانایی تعمیم مدل کمک می‌کنند. میانگین خطای مطلق (MAE)[1] معیاری است که نشان می‌دهد مقادیر پیش‌بینی شده چقدر به مقادیر واقعی نزدیک هستند. این معیار از طریق معادله ذیل محاسبه می‌شود (AlOmar *et al*., 2020):

$$MAE=\frac{1}{n}\sum_{r=1}^{n}\left|P_d^{r,m}-P_d^{r,c}\right|$$

خطای جذر میانگین مربعات (RMSE) برای مقایسه خطاهای پیش‌بینی مدل‌های آموزش‌دیده مختلف انتخاب شد. هرچه مقدار RMSE به صفر نزدیک‌تر باشد، توانایی پیش‌بینی مدل از نظر انحراف مطلق آن بهتر است. مقدار RMSE به صورت ذیل محاسبه شد (Hammid *et al*., 2018):

$$RMSE=\sqrt{\frac{1}{n}\sum_{r=1}^{n}(P_d^{r,m}-P_d^{r,c})^2}$$

ضریب تعیین (R^2) برای تخمین کارایی مدل استفاده می‌شود و با استفاده از معادله ذیل محاسبه می‌گردد (Hammid *et al*., 2018):

$$R^2 = 1-\frac{\sum_{r=1}^{n}(P_d^{r,m}-P_d^{r,c})^2}{\sum_{r=1}^{n}(P_d^{r,m}-P_d^{r,c})^2}$$

MSE کیفیت یک تخمین‌گر را ارزیابی می‌کند. معیار MSE با معادله ذیل محاسبه می‌شود:

$$MSE=\frac{1}{n}\sum_{r=1}^{n}(P_i-P_i^{'})^2$$

روش تجزیه‌وتحلیل آماری داده‌ها

در بخش مدل‌سازی یادگیری ماشین، تحلیل‌ها با استفاده از JMP Pro v18.0.1 (SAS Institute Inc., Cary, NC, USA) و محیط برنامه‌نویسی Python در Jupyter Notebook انجام شد. به منظور پیش‌پردازش داده‌ها، ساخت مدل‌ها و تحلیل نتایج، از کتابخانه‌های NumPy، Pandas و Scikit-learn استفاده شد و نمودارها نیز با بهره‌گیری از Matplotlib و Seaborn ترسیم شدند. مجموعه داده مورد استفاده در مدل‌سازی یادگیری ماشین شامل داده‌های تولیدی حاصل از CF بود. برای هر یک از شاخص‌های *Pseudomonas*، TVC و TVB-N، تعداد ۱۵۸ داده تولیدی وارد فرآیند مدل‌سازی شد. بنابراین، مجموع داده‌های مورد استفاده در مدل‌سازی سه شاخص برابر با ۴۷۴ داده بود. سپس مدل‌ها با الگوریتم‌های Random Forest، Extra Tree، k-Nearest Neighbors، AdaBoost، Gradient Boosting و Support Vector Regression توسعه یافتند و عملکرد آنها با شاخص‌های R^2، RMSE، MSE و MAE ارزیابی شد. پیش از مدل‌سازی، داده‌های تولیدی از نظر کامل بودن مقادیر، یکنواختی واحدها، نوع داده‌ها و وجود مقادیر غیرعادی بررسی شدند. متغیرهای ورودی مدل شامل زمان و دمای نگهداری و متغیرهای پاسخ شامل *Pseudomonas* spp.، TVC و TVB-N بودند. مدل‌سازی برای هر شاخص به صورت جداگانه انجام شد. داده‌ها به صورت تصادفی با نسبت ۲۰/۸۰ به مجموعه‌های (Train) آموزش و (Test) آزمون تقسیم شدند. برای قابلیت بازتولید نتایج، مقدار Random Seed برابر با ۴۲ در مرحله تقسیم داده‌ها و اجرای الگوریتم‌های تصادفی استفاده شد. برای جلوگیری از Data Leakage، مجموعه آزمون تا پایان فرآیند آموزش، پیش‌پردازش،

[1] Mean absolute percentage error (MAE)

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

مقیاس‌بندی و تنظیم مدل‌ها جدا نگه داشته شد و فقط برای ارزیابی نهایی عملکرد مدل‌ها استفاده گردید. برای الگوریتم‌های حساس به مقیاس، شامل k-Nearest Neighbors و Support Vector Regression، مقیاس‌بندی داده‌ها با روش StandardScaler انجام شد به‌طوری‌که میانگین و انحراف معیار فقط از داده‌های آموزش محاسبه و سپس بر داده‌های آزمون اعمال شد. برای الگوریتم‌های مبتنی بر درخت، شامل Random Forest، Extra Tree، AdaBoost و Gradient Boosting، مقیاس‌بندی ضروری نبود.

روش GridSearchCV یکی از روش‌های تنظیم ابرفراسنجه‌ها در کتابخانه Scikit-learn است که برای بررسی ترکیب‌های مختلف ابرفراسنجه‌ها و بهبود عملکرد مدل مورد استفاده قرار می‌گیرد. در این روش، ابتدا یک فضای جست‌وجوی مشخص شامل مقادیر مختلف این ابرفراسنجه‌ها آموزش داده شده و عملکرد هر مطالعه، روش GridSearchCV برای تنظیم ابرفراسنجه‌های الگوریتم رگرسیون بردار پشتیبان (SVR) که بهترین عملکرد را در میان مدل‌های بررسی‌شده داشت، به‌کار گرفته شد. تنظیم ابرفراسنجه‌های مدل SVR با استفاده از اعتبارسنجی متقابل پنج‌بخشی (5-fold Cross Validation) و فقط بر داده‌های آموزش انجام شد. مجموعه آزمون در فرآیند انتخاب ابرفراسنجه‌ها وارد نشد و فقط برای ارزیابی نهایی مدل بهینه‌شده مورد استفاده قرار گرفت. پس از تعیین بهترین مقادیر ابرفراسنجه‌ها، مدل نهایی SVR با استفاده از این مقادیر آموزش داده شد. در جدول ۱، ابرفراسنجه‌های مورد بررسی، مقادیر آزمون‌شده و مقادیر بهینه انتخابی برای مدل SVR ارائه شده‌اند. در نهایت، مدل‌های توسعه‌یافته روی مجموعه آزمون ارزیابی شدند و شاخص‌های R^2، RMSE، MSE و MAE گزارش گردیدند.

جدول ۱: ابرفراسنجه‌های مورد بررسی، مقادیر آزمون‌شده و مقادیر بهینه انتخابی برای مدل SVR با استفاده از روش GridSearchCV

Table 1. Hyperparameters evaluated, tested values, and selected optimal values for the SVR model using the GridSearchCV approach.

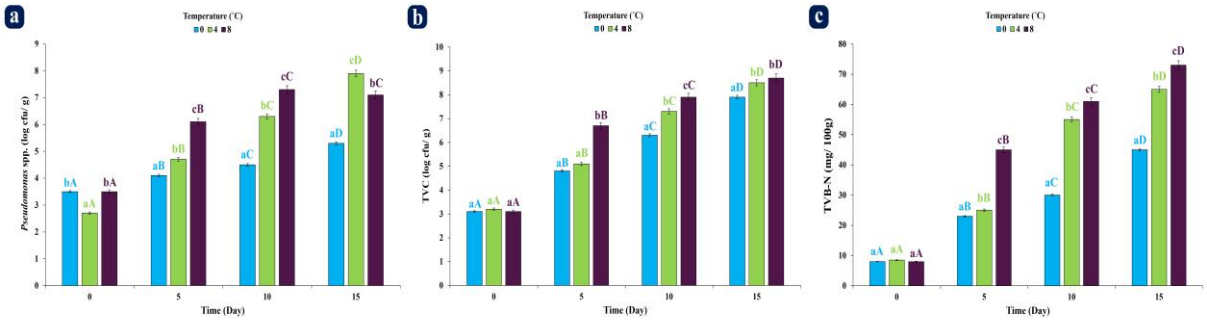
Hyperparameter	Values tested in GridSearchCV	Selected optimal value
Kernel type	linear, rbf, poly	Rbf
Penalty parameter (C)	0.1, 1, 10, 100	100
Kernel coefficient (gamma)	scale, auto	Scale
Width of the insensitive zone (epsilon)	0.01, 0.1, 0.2, 0.5	0.01

نتایج

در جدول ۲، تغییرات میکروب‌شناسی و TVB-N در *Litopenaeus vannamei* نگهداری شده در دماهای مختلف ارائه شده است. طبق نتایج تحقیق، تعداد اولیه باکتری‌ها در دامنه log cfu/g ۳/۵-۲/۷ متغیر بود. بالاترین مقدار اولیه در دمای ۸ درجه سانتی‌گراد مشاهده شد. تعداد گونه‌های *Pseudomonas* با گذشت زمان نگهداری افزایش یافت و بالاترین مقدار log cfu/g ۷/۹ گزارش شد. میزان TVB-N در طول مدت نگهداری افزایش وابسته به زمان را نشان داد.

الگوی تغییرات شاخص‌های فساد در *L.vannamei* نشان داد که فرآیند افت کیفیت طی نگهداری، تدریجی اما به‌شدت وابسته به دما بود (شکل ۱). داده‌های زمانی کامل برای شاخص‌های *Pseudomonas* spp.، TVC و TVB-N در جدول ۲ ارائه شده‌اند. در ابتدای نگهداری، مقادیر TVC و TVB-N در تیمارهای دمایی ۰، ۴ و ۸ درجه سانتی‌گراد در دامنه مشابهی قرار داشتند و اختلاف معنی‌داری بین آنها مشاهده نشد (p>۰/۰۵). با افزایش زمان نگهداری، جدایی بین تیمارهای دمایی آشکارتر شد به‌طوری‌که در روز پنجم، مقدار TVB-N در دمای ۸ درجه سانتی‌گراد به طور معنی‌داری بیشتر از دماهای ۰ و ۴ درجه سانتی‌گراد بود (p<۰/۰۵)، در حالی که در همین زمان، TVC در دماهای ۰ و ۴ درجه سانتی‌گراد تفاوت معنی‌داری نشان نداد (p>۰/۰۵).

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]



شکل ۱: تغییرات زمانی شاخص‌های میکروبی و شیمیایی فساد در میگوی *Litopenaeus vannamei* بر اساس داده‌های تجربی اصلی طی نگهداری در دماهای ۰، ۴ و ۸ درجه سانتی‌گراد. حروف متفاوت نشان‌دهنده اختلاف معنی‌دار بین دماها در هر روز و بین زمان‌ها در هر دماست ($p<0.05$، آزمون توکی).

Figure 1: Temporal changes in microbial and chemical spoilage indices of *Litopenaeus vannamei* based on the original experimental data during storage at 0, 4, and 8°C. Different letters indicate significant differences among temperatures within each storage day and among storage times within each temperature treatment ($p<0.05$; Tukey's test).

جدول ۲: میزان تغییرات *P. aeruginosa*، TVC و TVB-N در *Litopenaeus vannamei* نگهداری شده در دماهای مختلف

Table 2: Variation of *P. aeruginosa*, TVC and TVB-N in vannamei shrimp stored at different temperatures

Bacteria	Storage temperature (°C)	$N_{min} – N_{max}$ (log cfu/ g)*
P. aeruginosa	0	3.5-5.3
	4	2.7-7.1
	8	3.5-7.9
Total Viable Count	0	3.5-7.9
	4	3.2-8.5
	8	3.1-8.7
		$N_{min} – N_{max}$ (mg/ 100 g)*
Total Volatile Basic Nitrogen	0	8-45
	4	8.5-65
	8	8-73

*Nmin و Nmax نشان‌دهنده حداقل و حداکثر مقادیر هستند.

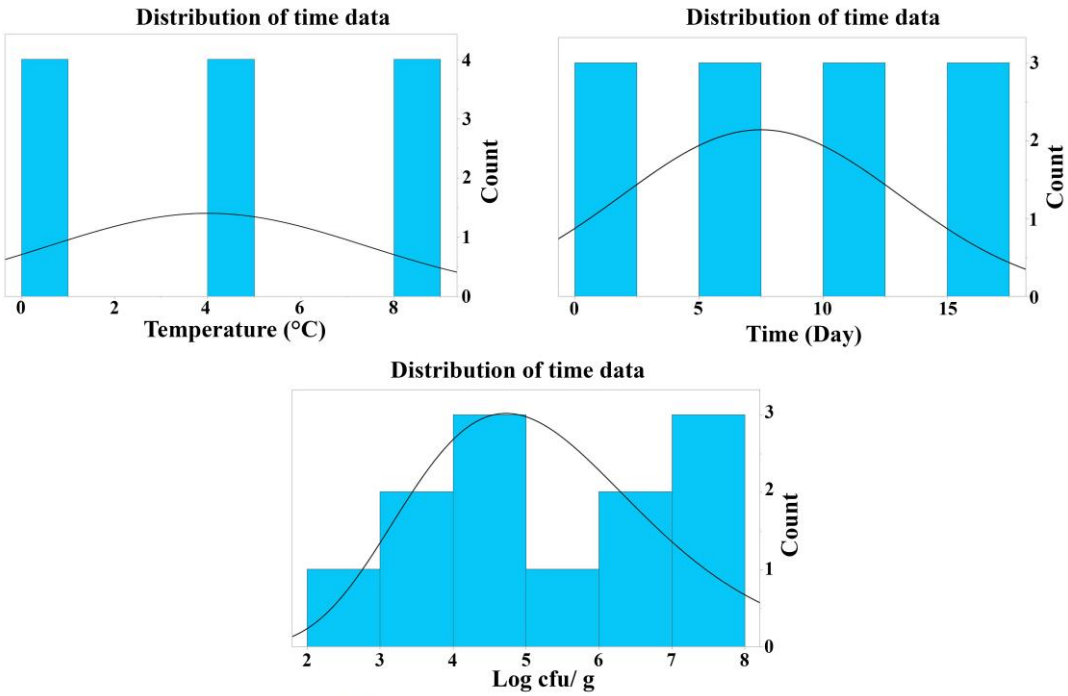
* N_{min} and N_{max} representing the minimum and maximum limits.

از روز دهم به بعد، افزایش TVC و TVB-N در دماهای بالاتر بارزتر شد و در بیشتر موارد، دمای ۸ درجه سانتی‌گراد بیشترین مقدار این شاخص‌ها را نسبت به دماهای کمتر نشان داد($p<۰/۰۵$). در خصوص *Pseudomonas* spp.، پاسخ به دما نسبت به دو شاخص دیگر یکنواخت‌تر نبود به‌طوری‌که اگرچه در روزهای پنجم و دهم بیشترین مقدار در دمای ۸ درجه سانتی‌گراد مشاهده شد، اما در روز پانزدهم مقدار این شاخص در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد از دماهای ۰ و ۸ درجه سانتی‌گراد بیشتر بود ($p<۰/۰۵$).

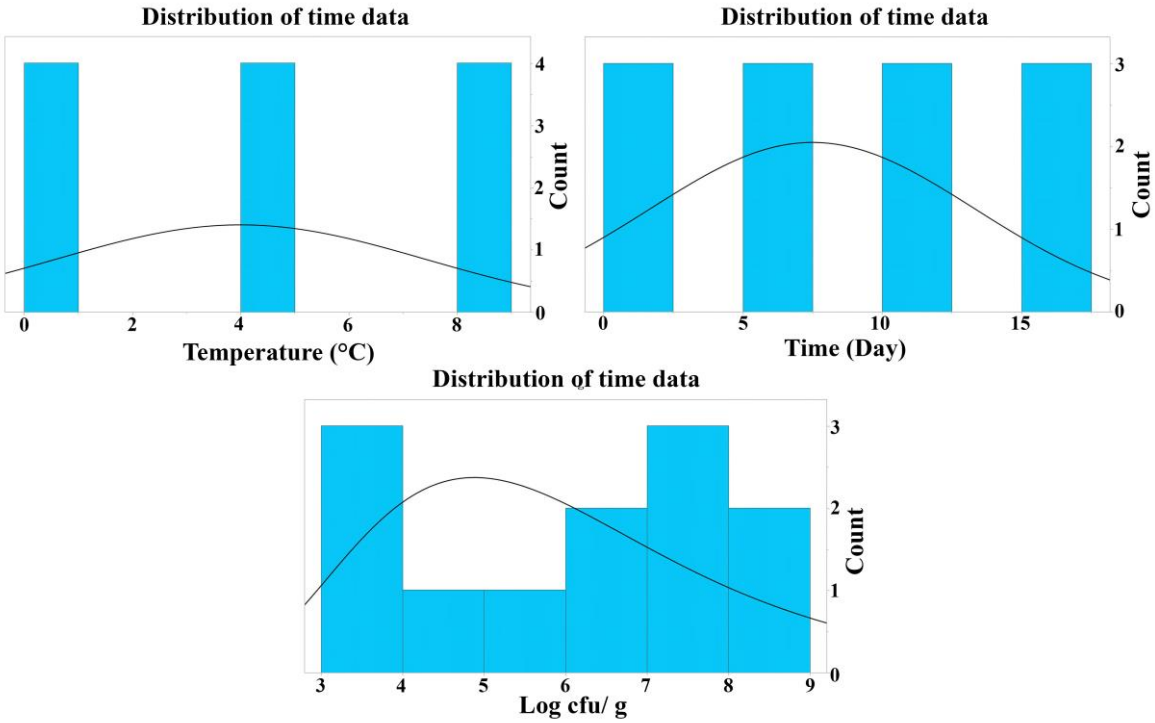
در شکل ۲ نمودار پراکندگی مجموعه داده‌های اصلی نشان داده شده است. در مواردی که مجموعه داده‌های اصلی برای یادگیری الگوریتم یادگیری ماشین کافی نیست، محققان سعی می‌کنند مجموعه داده‌ها را افزایش دهند. معیار مهمی که باید در این فرآیند در نظر گرفته شود، این است که داده‌های جدیدی که در فرآیند افزایش تعداد داده‌ها تولید می‌شوند، تا حد امکان کیفیتی مشابه با مجموعه داده‌های اصلی داشته باشند.

در شکل ۳ نمودار پراکندگی مجموعه داده جدید پس از اعمال افزایش داده‌ها نشان داده شده است. داده‌های افزوده در این مطالعه حاصل فرآیند محاسباتی CF بر پایه داده‌های واقعی بودند و به منظور افزایش پوشش نقاط زمان-دما در محدوده آزمایش تولید شدند.

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

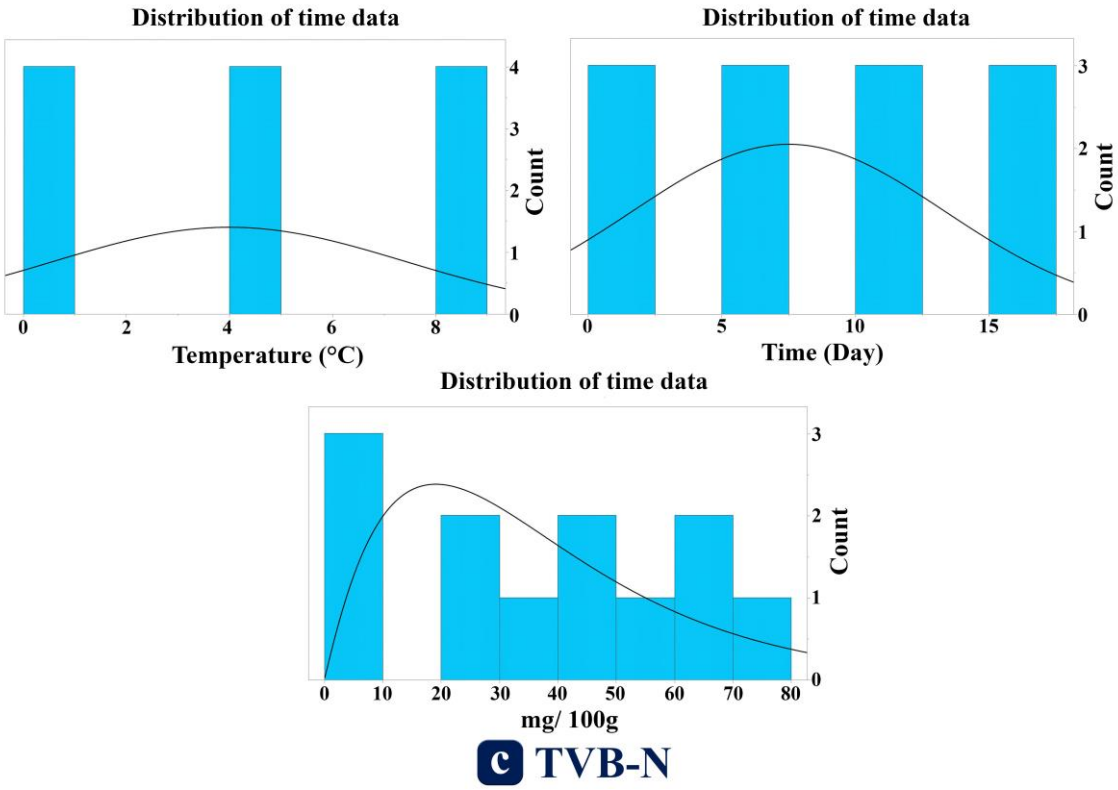


a *Pseudomonas* spp.



b TVC

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]



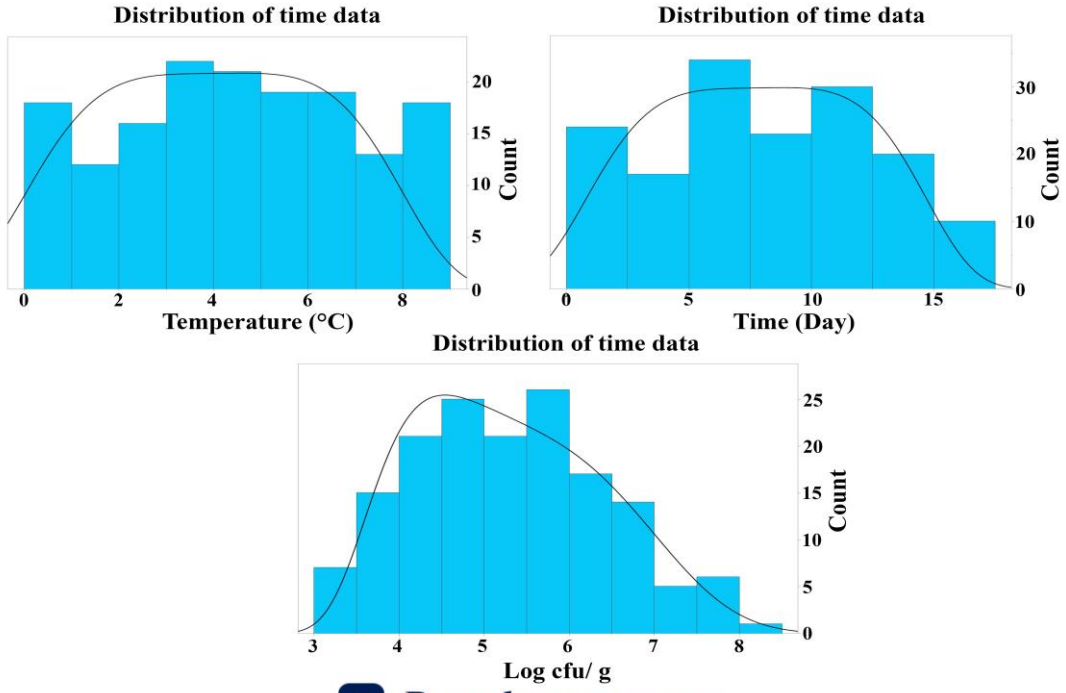
شکل ۲: نمودار پراکندگی مجموعه داده‌های اصلی

Figure 2: Original data set scatter plot

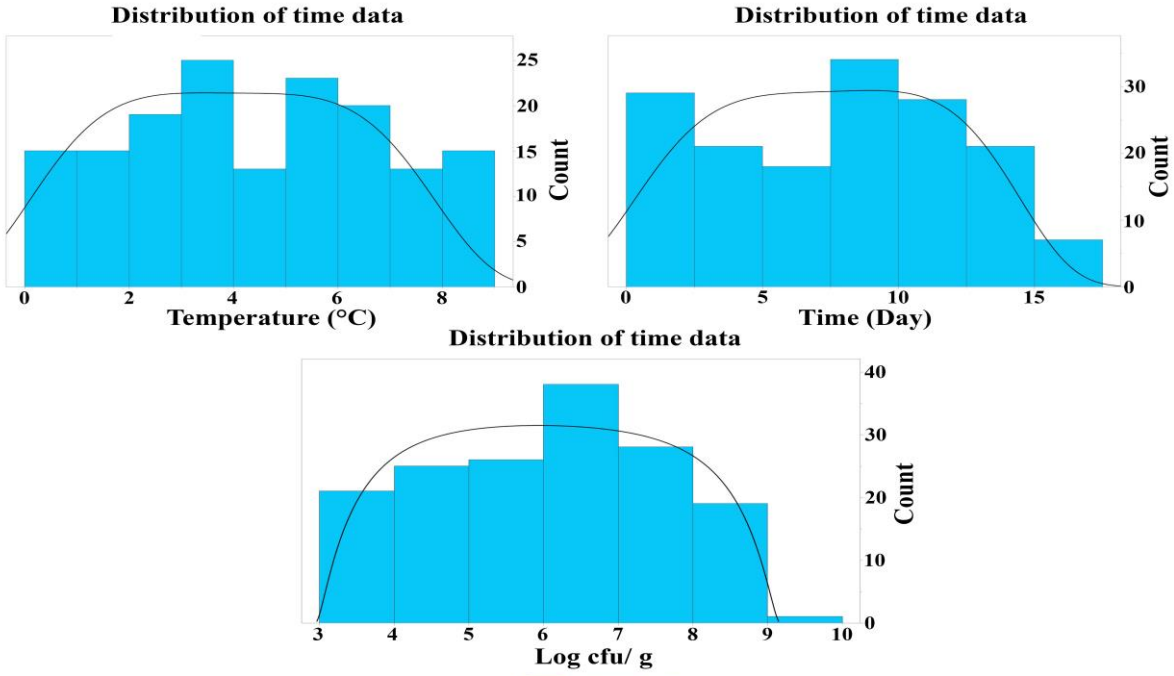
در مطالعه حاضر، همان‌طوری‌که در شکل مشاهده می‌شود، مجموعه داده جدید پوشش پیوسته‌تری از دامنه زمان و دما ایجاد کرد و امکان آموزش بهتر مدل‌های یادگیری ماشین را فراهم نمود. شواهد کمی عملکرد مدل‌ها نیز با استفاده از شاخص‌های R^2، RMSE، MSE و MAE گزارش شد و نتایج نشان داد که مدل SVR در میان الگوریتم‌های مورد بررسی، بهترین عملکرد را برای پیش‌بینی شاخص‌های *Pseudomonas*، TVC و TVB-N ارائه داد. علاوه‌براین، شیب خط در شکل ۲ و شیب خط در شکل ۳ مشابه یکدیگر هستند. این روش برای متغیرهای مطالعه تکرار شد. نمودارهای پراکندگی و شیب برای *Pseudomonas*، TVC و TVB-N در شکل‌های ۲ و ۳ مشابه هستند. توزیع دما در ۰، ۴ و ۸ درجه سانتی‌گراد که در شکل ۲ نشان داده شده است، در شکل ۳ برای تمام مقادیر بین ۰ و ۸ درجه سانتی‌گراد پر شده است. این موضوع نشان می‌دهد که داده‌های تولیدی، روند کلی داده‌های واقعی را حفظ کرده‌اند، اما ماهیت آنها محاسباتی بود و برای توسعه مجموعه داده مورد استفاده در مدل‌سازی یادگیری ماشین به‌کار رفتند.

با توجه به نتایج ارائه‌شده در شکل‌های ۲ و ۳، مشخص است که داده‌های اولیه و داده‌های تولیدی با روش برازش منحنی، از نظر دامنه تغییرات و الگوی کلی با داده‌های واقعی قابل مقایسه بودند. از طریق شکل‌های ۴ و ۵ می‌توان نشان داد که داده‌های اصلی و داده‌های ساخته‌شده ویژگی‌های مشابهی دارند. در شکل ۴ نمودار همبستگی مجموعه داده اصلی نشان داده شده است که اثرات فراسنجه‌ها را بر یکدیگر نمایش می‌دهد. مجموعه نمودارهایی که به صورت ستونی و نقطه‌ای تجمیع شده‌اند، تعاملات ردیف-ستونی داده‌های دما، زمان، میزان باکتری و مقدار TVB-N را نشان می‌دهند. در شکل ۵ نمودارها با حفظ موقعیت در چهارچوب‌های نمودارهای ترسیم‌شده در شکل ۴ قرار گرفته‌اند.

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

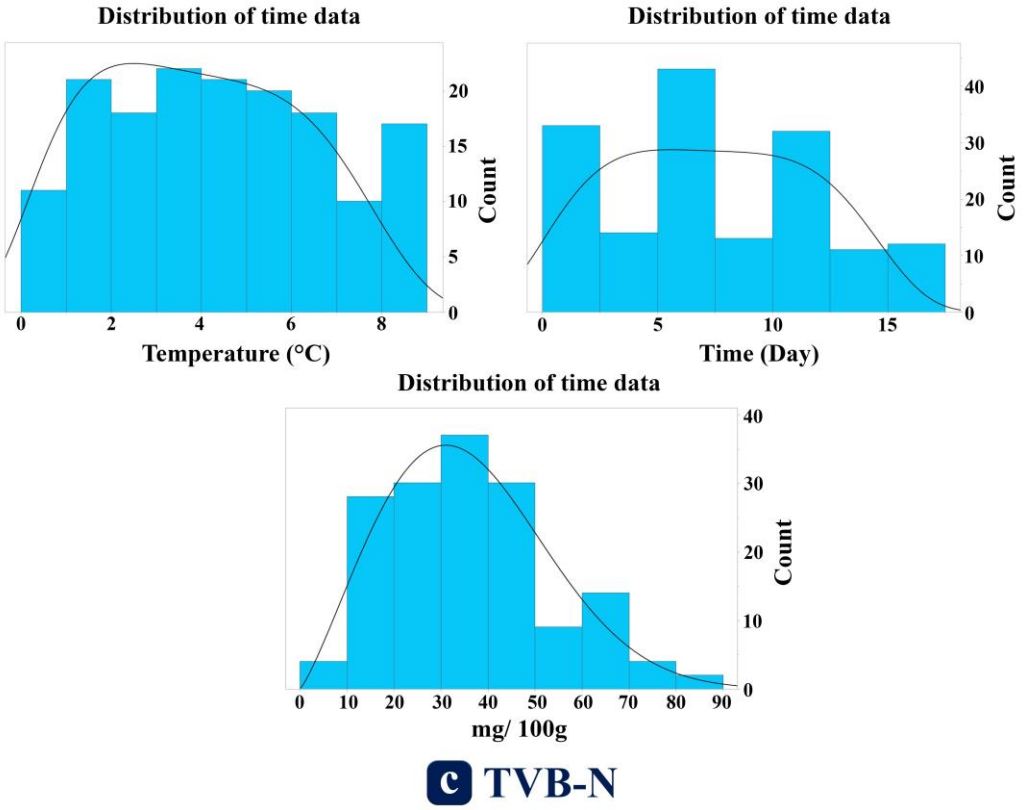


a *Pseudomonas* spp.



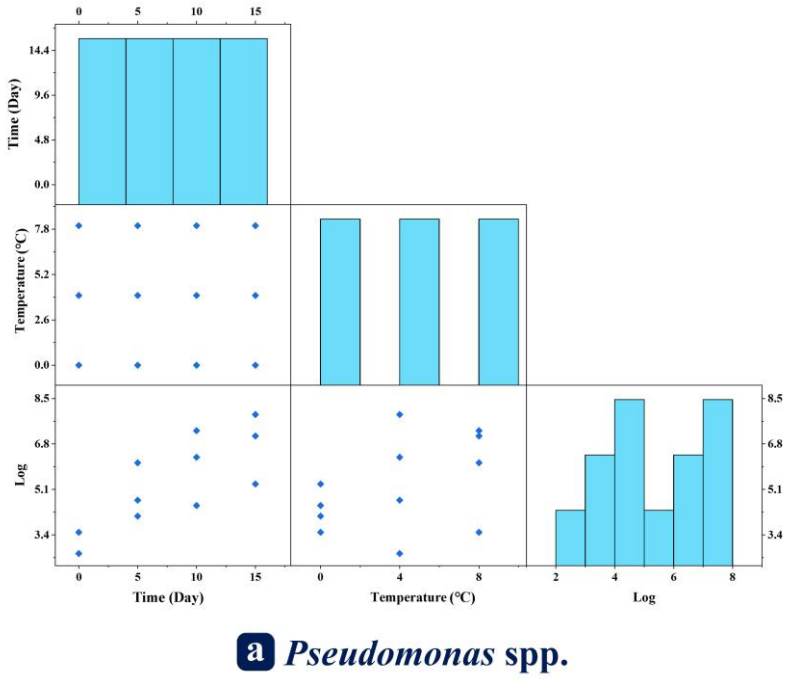
b TVC

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

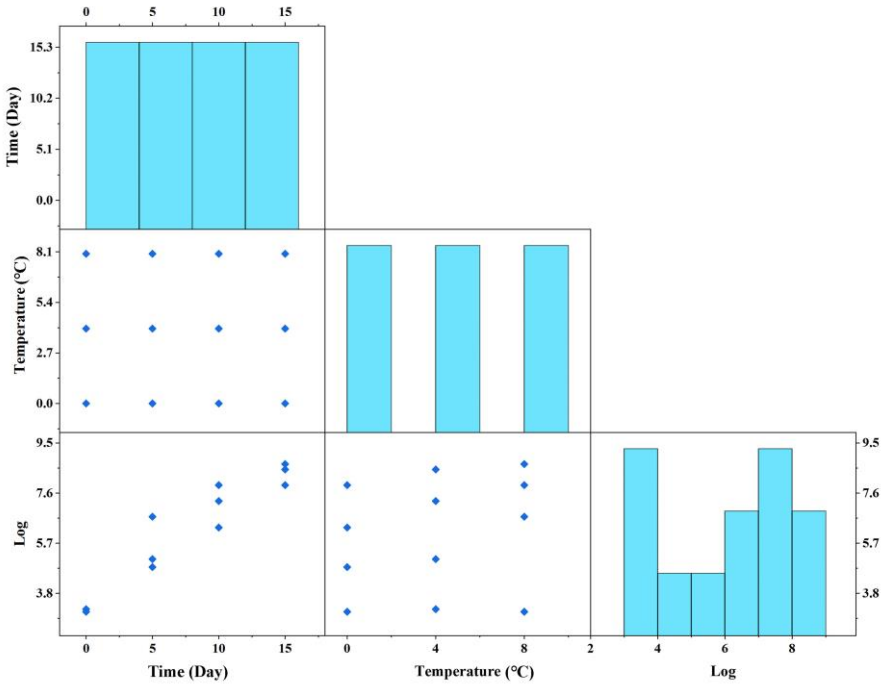


شکل۳: نمودار پراکندگی مجموعه داده‌های افزوده

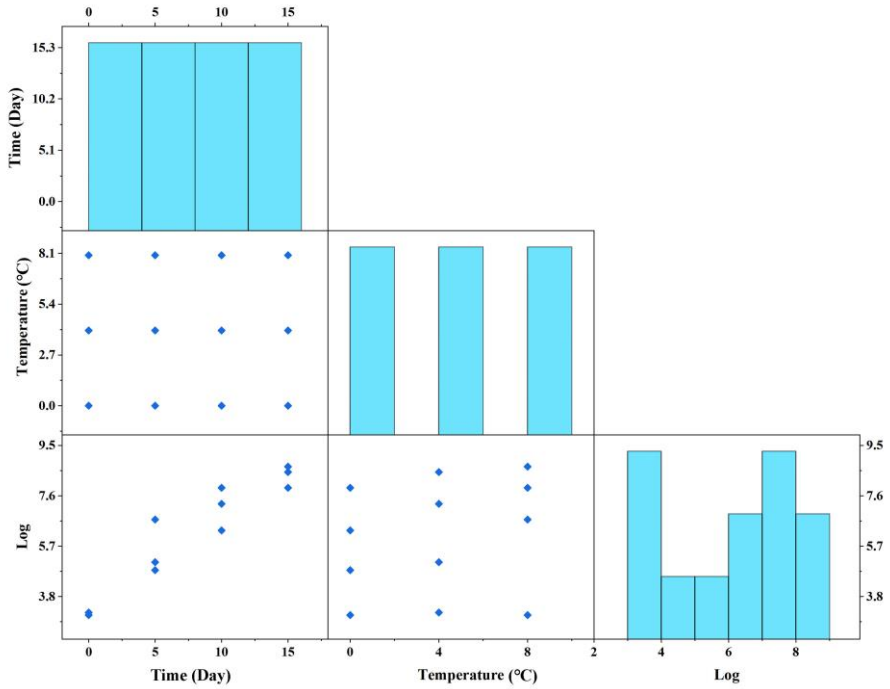
Figure 3: Augmented dataset scatterplot



[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]



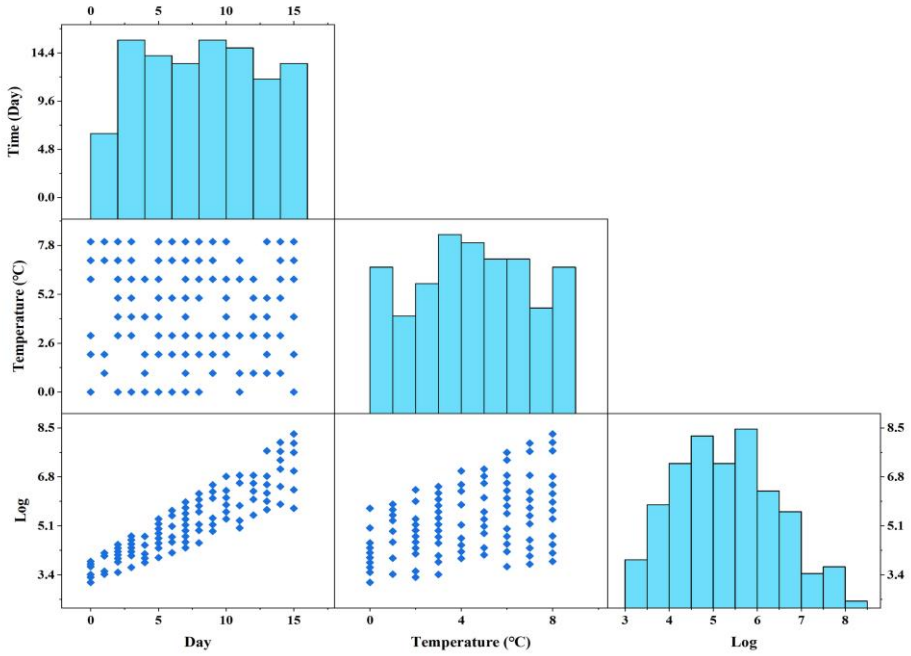
b TVC



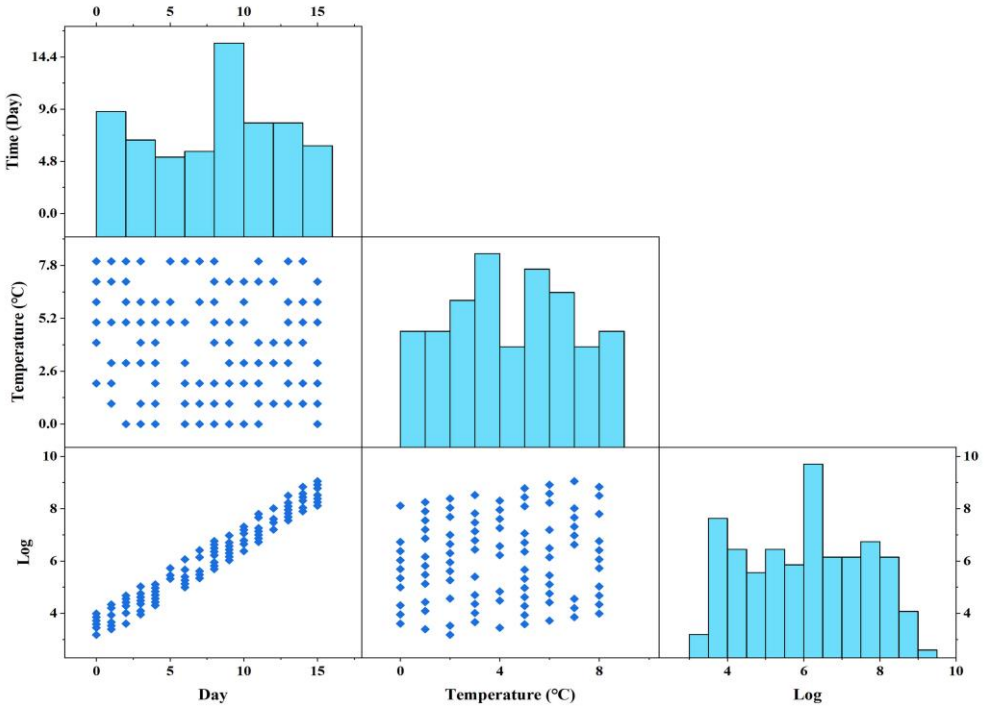
c TVB-N

شکل۴: ماتریس همبستگی مجموعه داده‌های اصلی
Figure 4: Augmented dataset correlation matrix

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

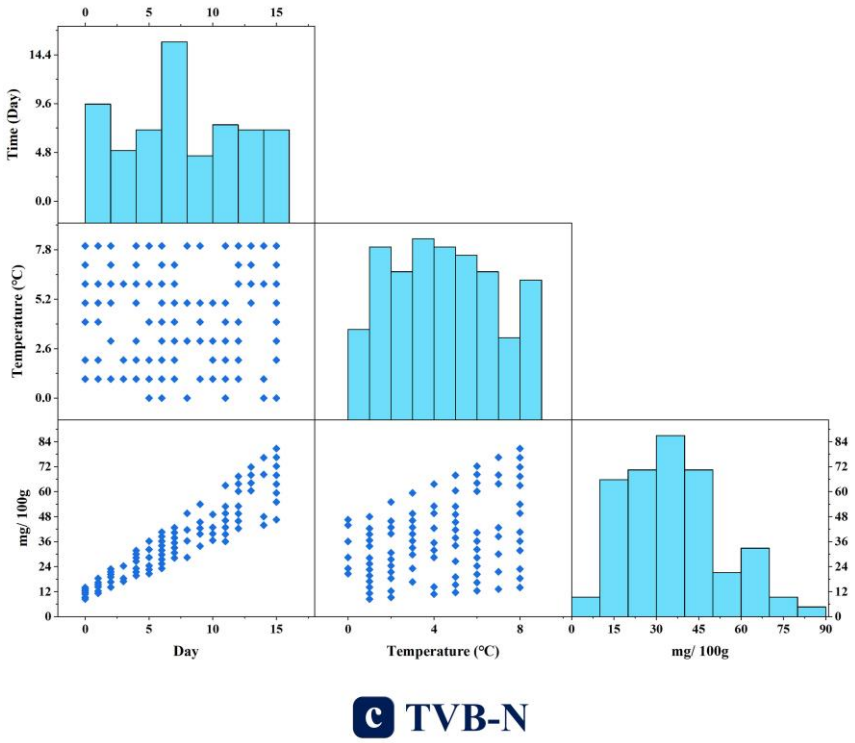


a ***Pseudomonas* spp.**



b TVC

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]



شکل ۵: ماتریس همبستگی مجموعه داده‌های افزوده
Figure 5: Augmented dataset correlation matrix

این شباهت نشان می‌دهد که در داده‌های تولیدی، الگوی کلی همبستگی بین متغیرها، روند تغییرات وابسته به زمان و دما، جهت شیب روابط و محدوده پراکندگی داده‌ها نسبت به داده‌های اصلی تا حد زیادی حفظ شده است. این بررسی نشان‌دهنده شباهت اثرات فراسنجه‌ها در مجموعه داده قدیمی و جدید بر یکدیگر است. به طور مشخص، حفظ همبستگی به معنای مشابه‌بودن جهت روابط بین زمان، دما، شاخص‌های میکروبی و TVB-N در دو مجموعه داده بود. حفظ روند بدین معنا بود که افزایش شاخص‌های فساد با افزایش زمان و دمای نگهداری در داده‌های تولیدی نیز مشاهده شد. حفظ شیب به معنای مشابه‌بودن جهت خطوط برازش‌شده در داده‌های اصلی و تولیدی بود، بدون آن‌که رابطه بین متغیرهای ورودی و پاسخ معکوس یا غیرمنطقی شود. همچنین حفظ پراکندگی بدین معنا بود که داده‌های تولیدی در محدوده کلی داده‌های اصلی قرار گرفتند و الگوی پراکنش آنها با ساختار داده‌های واقعی ناسازگار نبود. در جداول ۳ و ۴ نتایج اندازه‌گیری‌های انجام‌شده بر مقادیر مجموعه داده اصلی و جدید افزوده‌شده از نظر تعداد داده‌ها، میانگین، انحراف‌معیار، حداقل معیارها، اولین چارک، میانه، آخرین چارک و حداکثر معیارها ارائه شده است. این شاخص‌های توصیفی برای پشتیبانی کمی از مقایسه دو مجموعه داده استفاده شدند. نزدیکی مقادیر عددی در نتایج، نشان‌دهنده انطباق داده‌های تولیدی با داده‌های اصلی است (جداول ۳ و ۴). در مورد معیارهای مربوط به *Pseudomonas*، حداکثر انحراف بین داده‌های افزوده‌شده و اصلی در تعداد باکتری‌ها مشاهده شد که در آن تعداد اولیه باکتری‌ها ۶/۹ لوگ بود درحالی‌که داده‌های افزوده‌شده ۸/۲ لوگ بودند. با این‌حال، تفاوت بین داده‌های اصلی و افزوده‌شده قابل‌توجه نبود. در مورد TVB-N انحراف بین داده‌های افزوده‌شده و اصلی کم بود به‌طوری‌که میزان اولیه این فراسنجه ۷۳ و مقدار افزوده شده ۸۰/۷۳ میلی‌گرم بر ۱۰۰ گرم بود.

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

جدول ۳: تحلیل ریاضی مجموعه داده اصلی در مقابل مجموعه داده افزوده برای TVC و *Pseudomonas*

Table 3: Mathematical inferences from the original dataset vs. augmented dataset for TVC and *Pseudomonas* spp.

	Metrics	Original temperature (°C)	Augmented temperature (°C)	Original time (Day)	Augmented time (Day)	Original (log cfu/ g)	Augmented (log cfu/ g)
Pseudomonas spp.	Count	12	158	12	158	12	158
	Mean	4.00000	4.03797	7.5	7.75316	5.25000	5.30738
	Std	3.41121	2.50066	5.83874	4.36355	1.68658	1.12893
	Min	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	2.70000	3.14000
	25%	0.00000	2.00000	1.25000	4.00000	3.65000	4.44633
	50%	4.00000	4.00000	7.50000	8.00000	5.00000	5.30850
	75%	8.00000	6.00000	13.75000	11.00000	6.90000	6.07833
	Max	8.00000	8.00000	15.00000	15.00000	6.90000	8.29000
TVC	Count	12	158	12	158	12	158
	Mean	4.00000	3.96202	7.5	7.55063	6.05000	6.06245
	Std	3.41121	2.44138	5.83874	4.06962	2.13009	1.55435
	Min	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	2.10000	3.18125
	25%	0.00000	2.00000	1.25000	3.75000	3.60000	4.66671
	50%	4.00000	4.00000	7.50000	8.00000	6.50000	6.19510
	75%	8.00000	6.00000	13.75000	11.00000	7.90000	7.35875
	Max	8.00000	8.000000	15.00000	15.00000	8.70000	9.05312

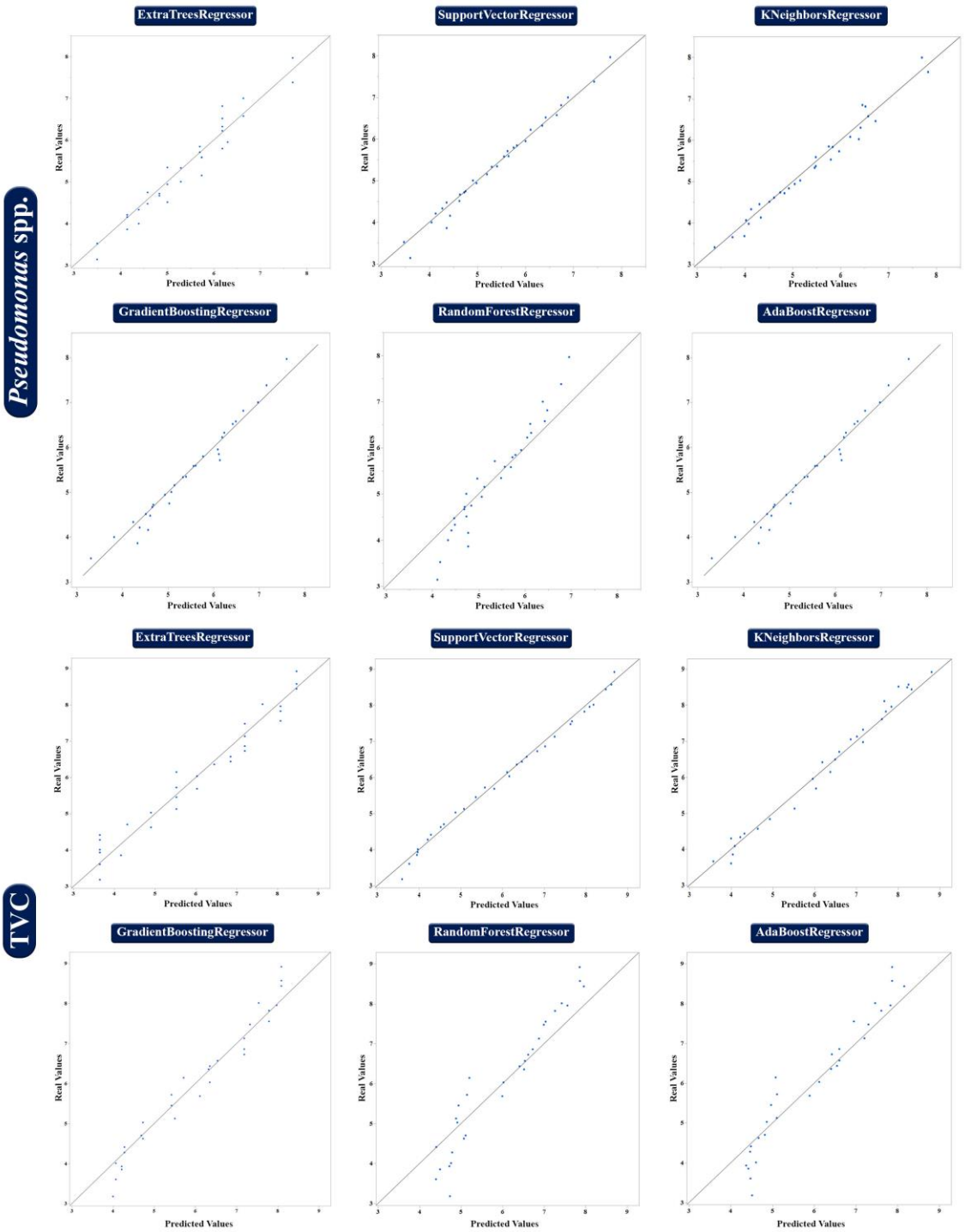
جدول۴: تحلیل ریاضی مجموعه داده اصلی در مقابل مجموعه داده افزوده برای تغییرات TVB-N

Table 4: Mathematical inferences from the original dataset vs. augmented dataset for TVB-N

	Metrics	Original temperature (°C)	Augmented temperature (°C)	Original time (day)	Augmented time (Day)	Original mg/ 100g	Augmented mg/ 100g
TVB-N	Count	12	158	12	158	12	158
	Mean	4.00000	3.93038	7.5	7.24683	37.20833	36.05551
	Std	3.41121	2.41048	5.83874	4.58145	23.33692	17.50909
	Min	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	8.00000	8.42083
	25%	0.00000	2.00000	1.25000	4.00000	12.12500	22.76750
	50%	4.00000	4.00000	7.50000	7.00000	37.50000	33.97958
	75%	8.00000	6.00000	13.75000	11.00000	59.50000	96.19500
	Max	8.00000	8.00000	15.00000	15.00000	73.00000	80.73333

در شکل‌های ۶ و ۷ نمودارهای موفقیت مدل‌های مختلف یادگیری ماشین در مورد *Pseudomonas*، TVC و TVB-N نشان داده شده است. نقاط آبی‌رنگ در نمودارها نقطه تقاطع مقادیر محورهای x و y در نمودارها هستند. در این نوع نمودارها، انتظار می‌رود که مقدار پیش‌بینی‌شده مدل و مقدار واقعی به عنوان یک خط روی محورهای x و y قرار گیرند. پراکندگی نقاط در محور نشان‌دهنده این است که موفقیت پیش‌بینی مدل کاهش یافته است. همان‌طوری‌که از نمودارها مشاهده می‌شود، موفق‌ترین نتایج با استفاده از الگوریتم SVR برای سه متغیر به‌دست آمده است. بر اساس شاخص‌های عملکرد گزارش‌شده در جدول ۵، SVR برای هر سه شاخص فساد کمترین مقدار RMSE و بیشترین مقدار R^2 را نشان داد. در پیش‌بینی *Pseudomonas* spp. مقدار R^2 و RMSEبرای SVR به‌ترتیب ۰/۹۸۲۸ و ۰/۱۵۰۲ بود. این مدل در مقایسه با RF، افزایش ۰/۱۱۳۸ در R^2 و کاهش ۰/۲۶۳۵ در RMSE نشان داد. اختلاف SVR با KNNمحدودتر بود به‌طوری‌که R^2 به میزان ۰/۰۰۰۲ افزایش و RMSE به میزان ۰/۰۰۰۴ کاهش یافت. در پیش‌بینی TVC، مدل SVR با R^2 برابر ۰/۹۹۲۸ و RMSEبرابر ۰/۱۳۳۷ عملکرد بالاتری نسبت به RF و KNN داشت.

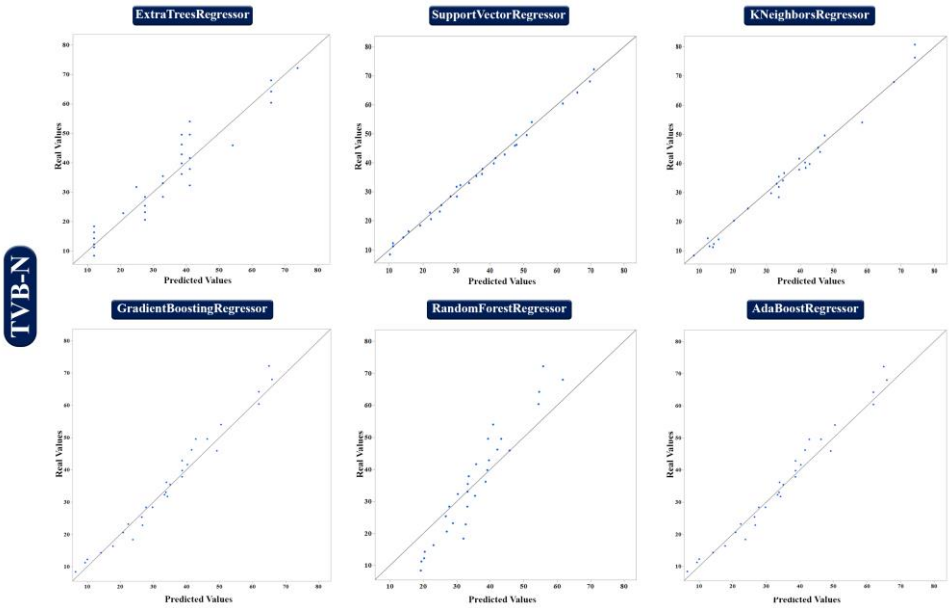
[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]



شکل۶: نمودارهای موفقیت مدل‌های آموزش‌دیده برای *Pseudomonas* spp. و TVC (نسبت داده‌های واقعی به داده‌های پیش‌بینی‌شده به خط مرکزی)

Figure 6: Success graphs of trained models *Pseudomonas* spp. and TVC (Ratio of actual data to predicted data to the centerline)

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]



شکل ۷: نمودارهای موفقیت مدل‌های آموزش‌دیده برای TVB-N (نسبت داده‌های واقعی به داده‌های پیش‌بینی‌شده به خط مرکزی)

Figure 7: Success graphs of trained models TVB-N (Ratio of actual data to predicted data to the centerline)

جدول ۵: نتایج آزمایش و مقادیر معیار خطای الگوریتم‌های یادگیری ماشین

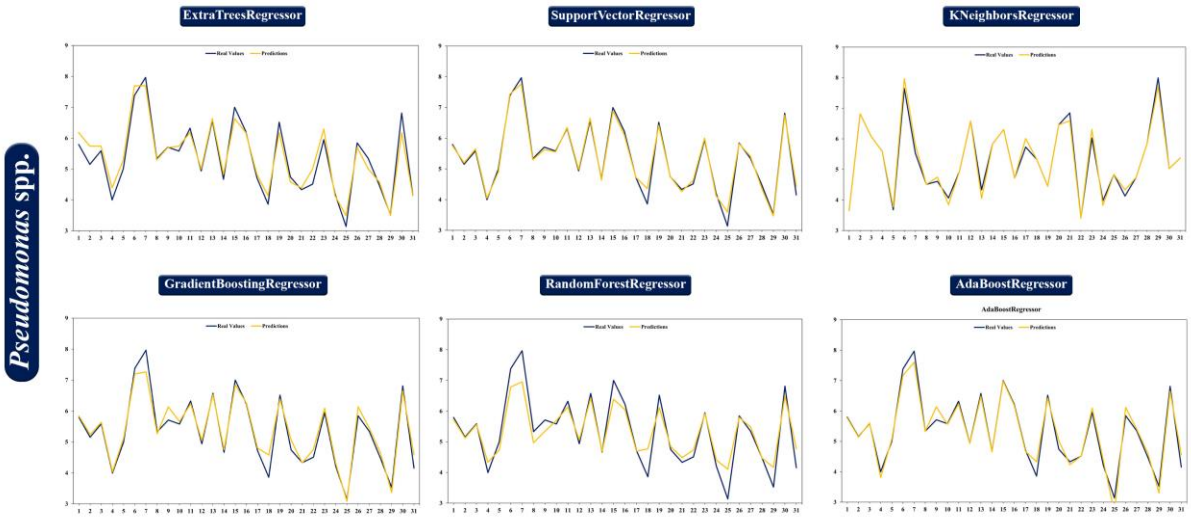
Table 5: Test results and error metric values of machine learning algorithms

Algorithm and metrics	Bacteria type								Chemical Properties			
	Pseudomonas spp.				TVC				TVB-N			
	R^2	RMSE	MSE	MAE	R^2	RMSE	MSE	MAE	R^2	RMSE	MSE	MAE
Extra Tree	0.9402	0.2795	0.0781	0.2233	0.9484	0.3602	0.1297	0.3066	0.9004	5.2778	27.8552	4.1385
KNN	0.9826	0.1506	0.0226	0.0995	0.9845	0.2085	0.0423	0.1658	0.9829	2.3718	5.6257	1.8222
Random Forest	0.8690	0.4137	0.1702	0.29800	0.8694	0.5732	0.3286	0.4557	0.8190	7.1165	50.6448	5.7826
Gradient Boosting	0.9532	0.2471	0.0610	0.1749	0.9538	0.3408	0.1161	0.2603	0.9696	2.9124	8.4823	2.2933
AdaBoost	0.9665	0.2091	0.0437	0.1491	0.8298	0.5034	0.2543	0.3709	0.9732	2.7352	7.4816	1.9903
Support Vector Regression	0.9828	0.1502	0.0225	0.0889	0.9928	0.1337	0.0178	0.1058	0.9940	1.2895	1.6629	1.1305

در مقایسه با RF، مقدار R^2 در SVR به میزان ۰/۱۲۳۴ بیشتر و مقدار RMSE به میزان ۰/۴۳۹۵ کمتر بود. در مقایسه با KNN نیز، SVR افزایش ۰/۰۰۸۳ در R^2 و کاهش ۰/۰۷۲۱ در RMSE نشان داد. در پیش‌بینی TVB-N، مدل SVR با R^2 برابر ۰/۹۹۴۰ و RMSE برابر ۱/۲۸۹۵ دقیق‌ترین پیش‌بینی را ارائه کرد. این مدل نسبت به RF افزایش ۰/۱۷۵۰ در R^2 و کاهش ۵/۸۲۷۰ در RMSE داشت. همچنین در مقایسه با KNN، مقدار R^2در SVR به میزان ۰/۰۱۱۱ بیشتر و مقدار RMSE به میزان ۱/۰۸۲۳ کمتر بود. این نتایج نشان می‌دهد که اختلاف عملکرد SVR با RF در هر سه شاخص قابل توجه بود درحالی که اختلاف آن با KNN برای *Pseudomonas* spp.محدود و برای TVC و TVB-N مشخص‌تر بود.

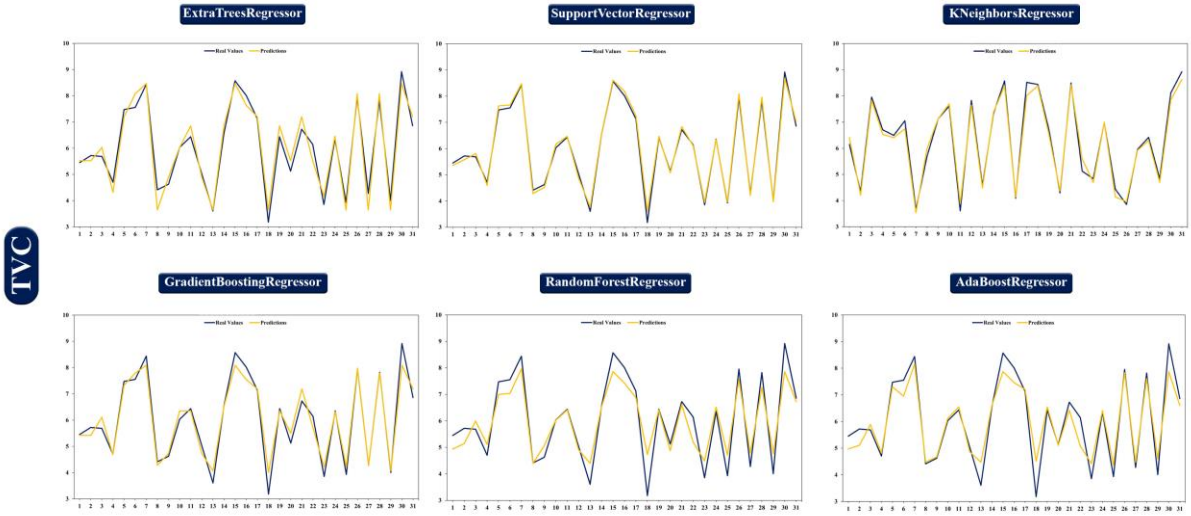
در شکل‌های ۸ الی ۱۰خطوط آبی‌رنگ در نمودارها، مقادیر واقعی که باید پیش‌بینی شوند و خطوط نارنجی، مقادیر پیش‌بینی‌شده به‌وسیله مدل‌ها را نشان می‌دهند.

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]



شکل ۸: الگوریتم‌های موفقیت پیش‌بینی مدل‌های آموزش‌دیده برای *Pseudomonas aeruginosa*

Figure 8: Prediction success value graphs of trained models for *Pseudomonas aeruginosa*

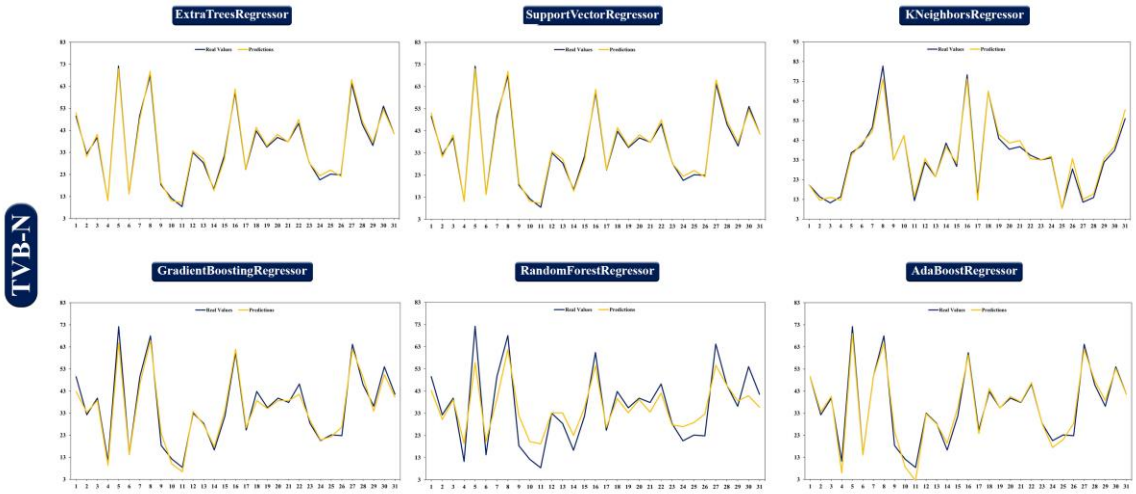


شکل ۹: الگوریتم‌های موفقیت پیش‌بینی مدل‌های آموزش‌دیده برای TVC

Figure 9: Prediction success value graphs of trained models for TVC

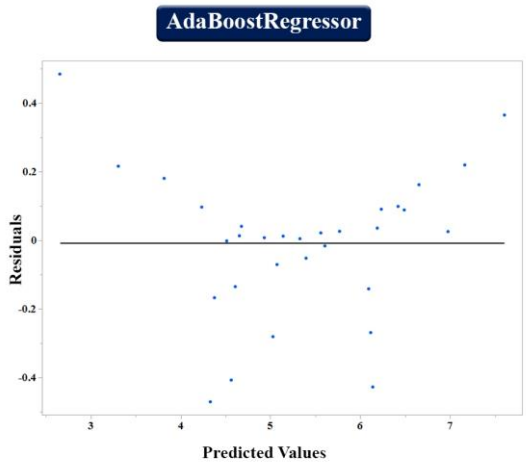
هرچه خطوط آبی و زردرنگ روی هم باشند و از هم فاصله نداشته باشند، مدل دقیق‌تر و داده‌های پیش‌بینی‌شده به داده‌های واقعی نزدیک‌تر هستند. مقادیر حاصله در شکل‌های مذکور، نتایج به‌دست‌آمده از آموزش روی مجموعه داده‌های افزوده‌شده هستند. در شکل‌های ۱۱ الی ۱۳ اختلاف داده‌های واقعی و پیش‌بینی‌شده روی خط صفر مرکزی نشان داده شده است. هر چقدر داده‌ها به خط صفر مرکزی نزدیک‌تر باشند، مدل دقیق‌تر است. همان‌طوری‌که نتایج نشان می‌دهند، الگوریتم یادگیری ماشین با کمترین توزیع و فراوانی خطا، الگوریتم SVR است. نقاط آبی‌رنگ روی نمودارها، نقطه تقاطع مقادیر بر محورهای x و y هستند. در این نوع نمودار، انتظار می‌رود که مقدار پیش‌بینی‌شده مدل و مقدار واقعی به صورت خطی روی محور x و y قرار گیرند. ظاهر پراکنده نقاط نشان می‌دهند که موفقیت پیش‌بینی مدل کمتر می‌شود. نتایج این مطالعه نشان داد که موفق‌ترین مدل ماشین لرنینگ با الگوریتم SVR به‌دست آمد.

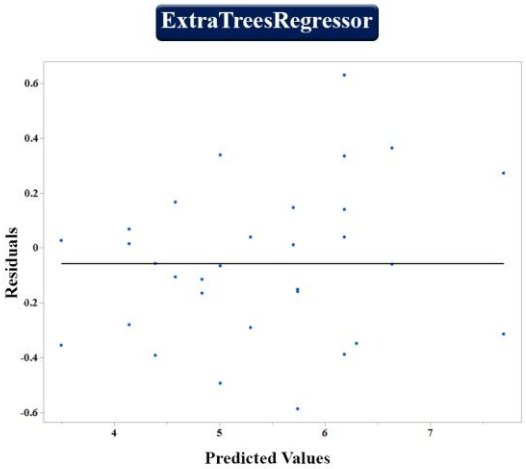
[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]



شکل ۱۰: الگوریتم‌های میزان موفقیت پیش‌بینی مدل‌های آموزش‌دیده برای TVB-N
Figure 10: Prediction success value graphs of trained models for TVB-N

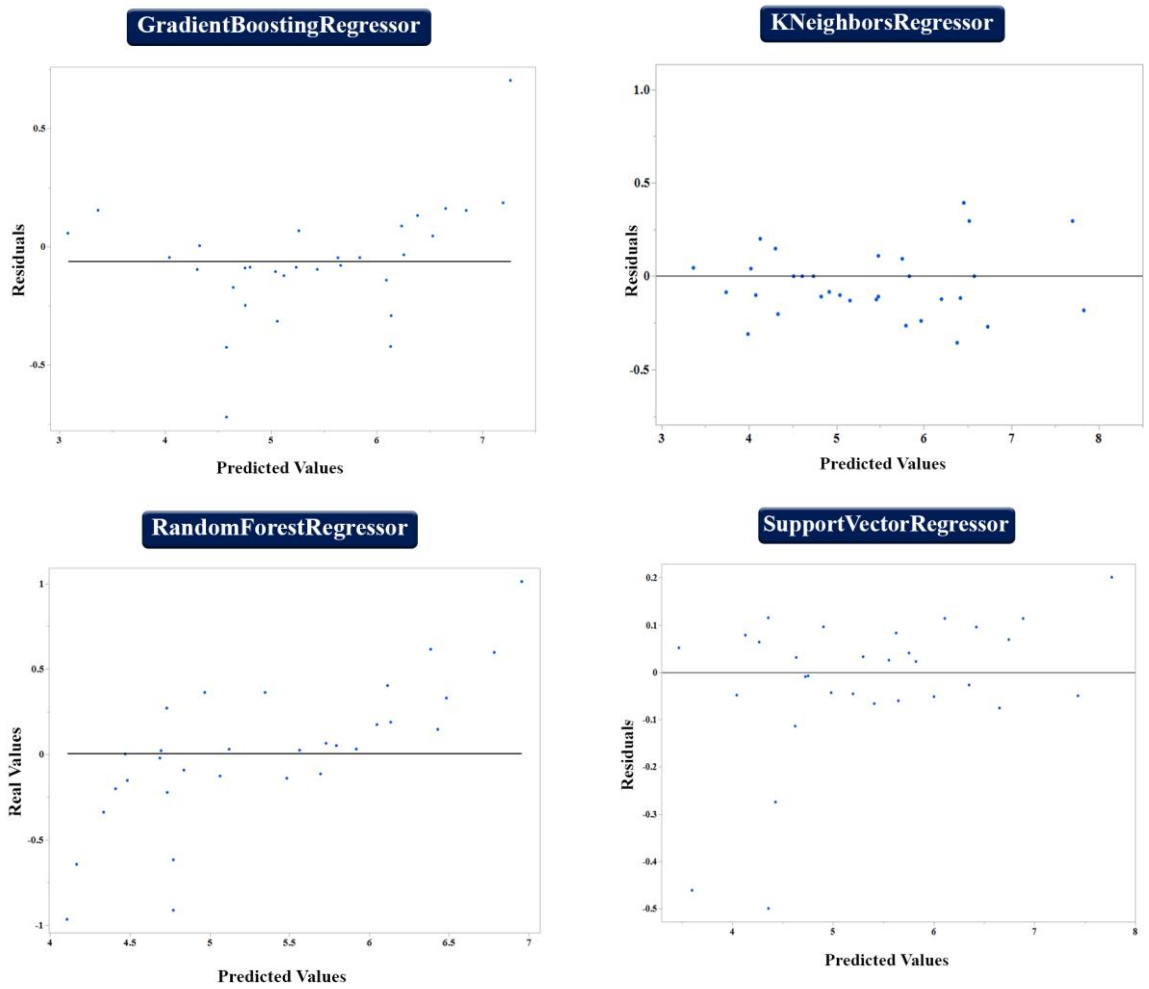
به منظور ارزیابی هم‌زمان عملکرد مدل‌های یادگیری ماشین در پیش‌بینی شاخص‌های میکروبی و شیمیایی فساد، نمودارهای تیلور برای *Pseudomonas* spp.، شمارش کل باکتری‌های زنده (TVC) و بازهای نیتروژنی فرارکل (TVB-N) ترسیم شد (شکل ۱۴). این شکل با ترکیب ضریب همبستگی[1]، انحراف معیار[2] و خطای جذر میانگین مربعات مرکزی (RMSE)، امکان مقایسه ساختار آماری مقادیر پیش‌بینی‌شده را با داده‌های تجربی فراهم می‌کند. در پیش‌بینی *Pseudomonas* spp.، مدل SVR نزدیک‌ترین موقعیت را نسبت به نقطه مرجع تجربی نشان داد و این الگو با شاخص‌های عددی عملکرد نیز تأیید شد به‌طوری‌که مقدار R^2 و RMSE این مدل به‌ترتیب ۰/۹۸۲۸ و ۰/۱۵۰۲ بود (سمت چپ شکل ۱۴).





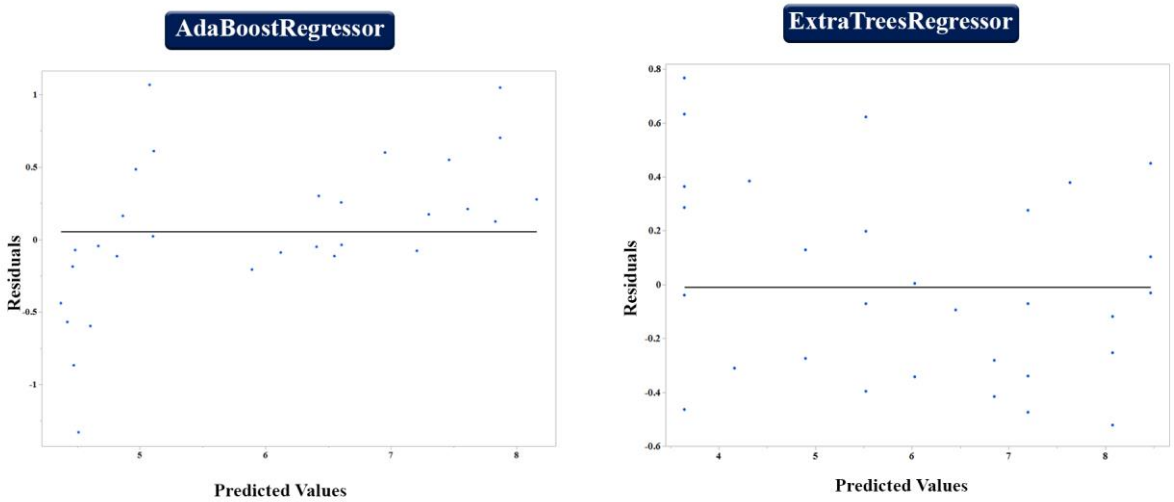
[1] Correlation coefficient
[2] Standard deviation

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

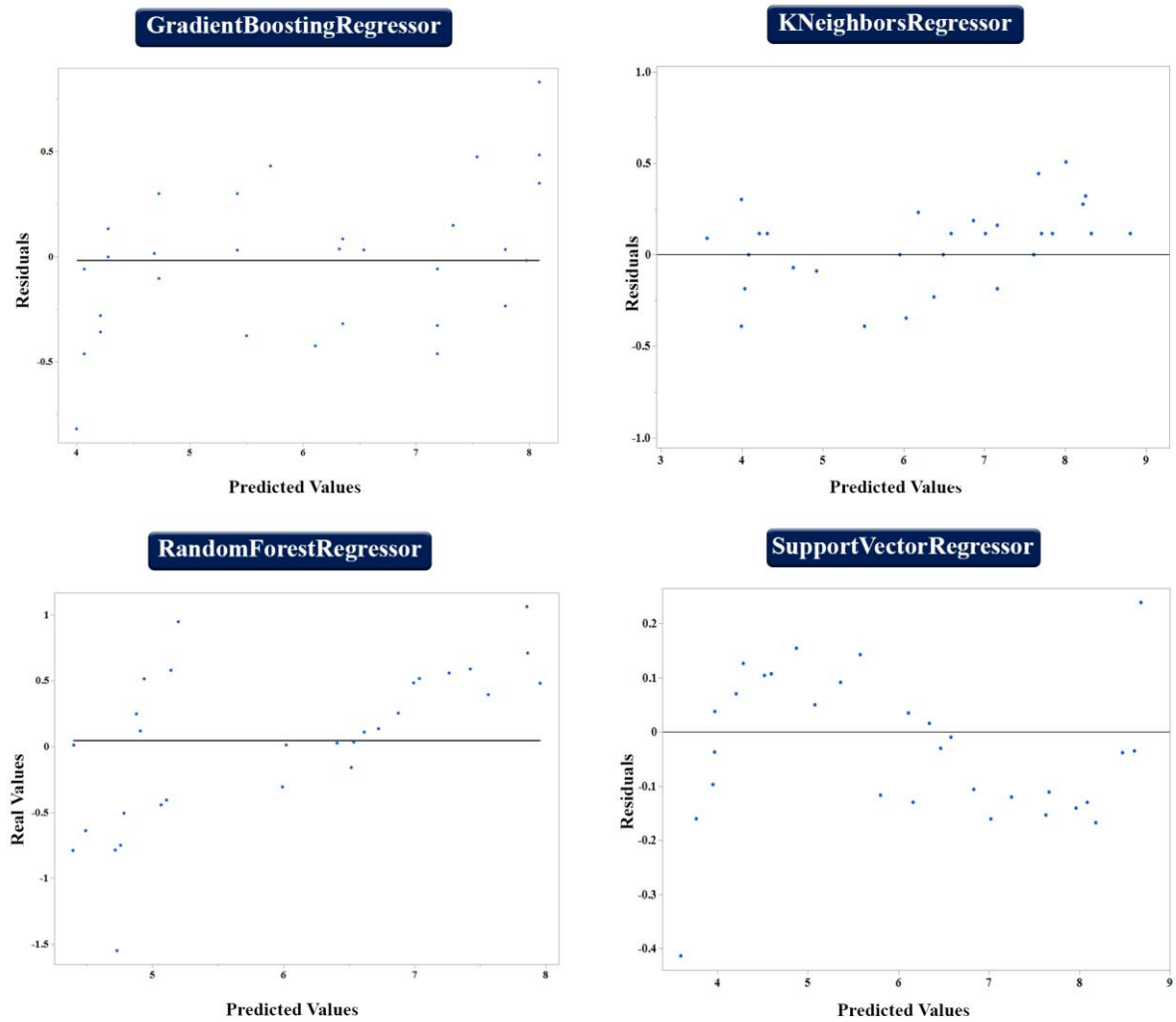


شکل ۱۱: نمودارهای پراکندگی خطای پیش‌بینی مدل‌های آموزش‌دیده برای *Pseudomonas* spp.

Figure 11: Scatter plots of prediction error of trained models for *Pseudomonas* spp.

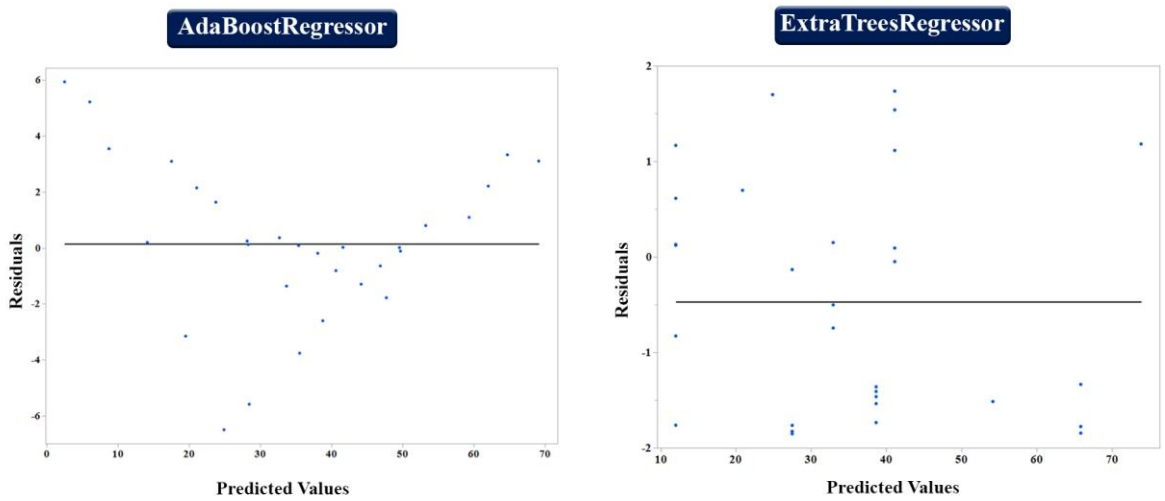


[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

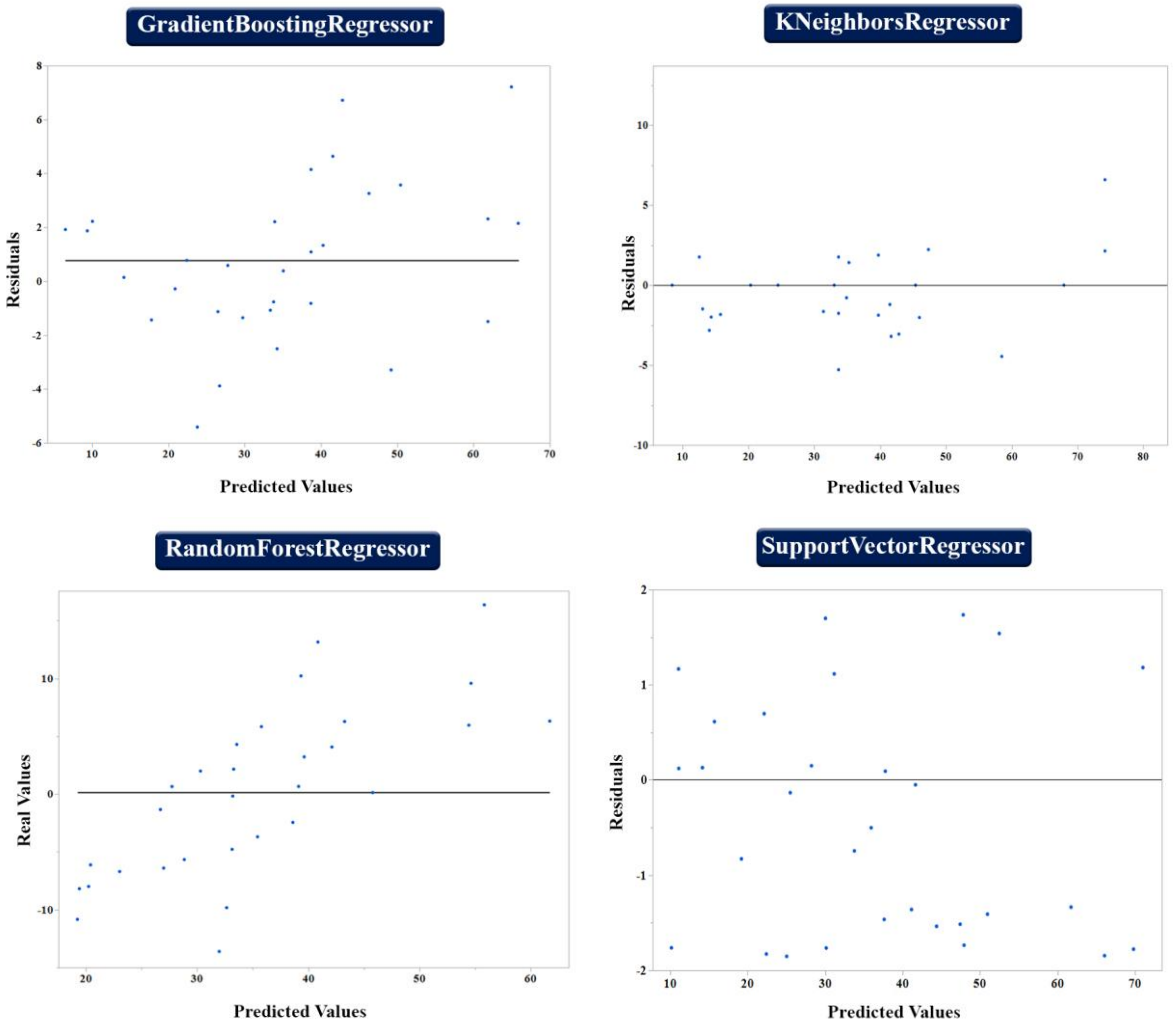


شکل ۱۲: نمودارهای پراکندگی خطای پیش‌بینی مدل‌های آموزش‌دیده برای TVC

Figure 12: Scatter plots of prediction error of trained models for TVC



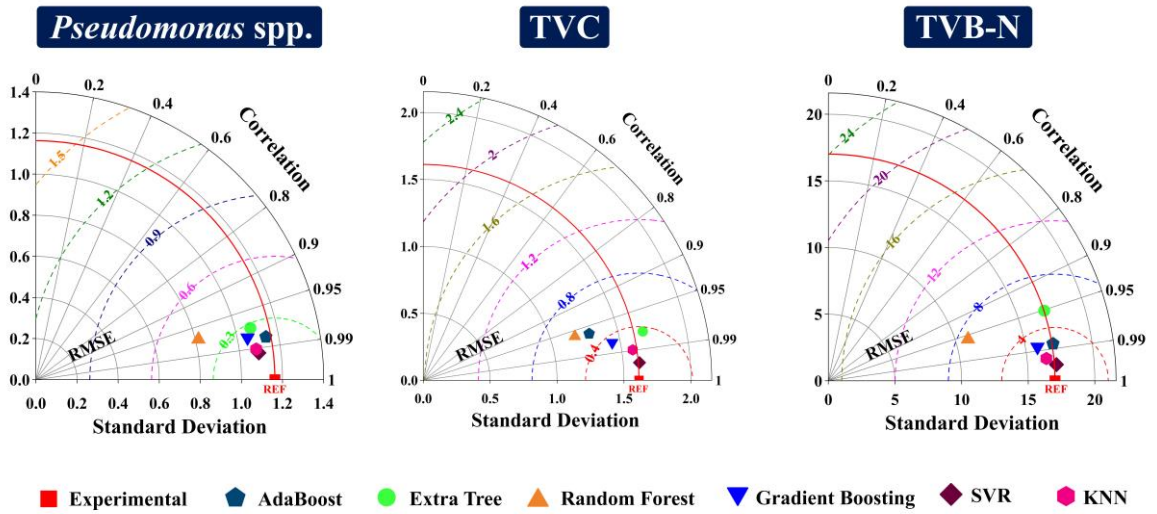
[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]



شکل ۱۳: نمودارهای پراکندگی خطای پیش‌بینی مدل‌های آموزش‌دیده برای TVB-N
Figure 13: Scatter plots of prediction error of trained models for TVB-N

در پیش‌بینی TVC نیز SVR با قرارگیری در نزدیکی نقطه مرجع و تطابق مناسب با انحراف معیار داده‌های تجربی، عملکرد برتری نسبت به سایر مدل‌ها نشان داد و به R^2 برابر ۰/۹۹۲۸ و RMSE برابر ۰/۱۳۳۷ دست یافت (سمت وسط شکل ۱۴). همچنین در پیش‌بینی TVB-N، با وجود دامنه تغییرات بیشتر این شاخص شیمیایی طی نگهداری، SVR با مقدار R^2 برابر ۰/ ۹۹۴۰ و RMSE برابر ۱/۲۸۹۵ دارای کمترین فاصله از نقطه مرجع بود و بیشترین دقت پیش‌بینی را ارائه کرد (سمت راست شکل ۱۴). در مقابل، برخی مدل‌های درخت‌مبنا به‌ویژه RF، در برخی شاخص‌ها فاصله بیشتری از نقطه مرجع و ناهمخوانی بیشتری در انحراف معیار نشان دادند که بیانگر انطباق ضعیف‌تر آنها با ساختار آماری داده‌های تجربی است. در مقایسه با RF، مدل SVR در پیش‌بینی *Pseudomonas* spp.، TVC و TVB-N به‌ترتیب کاهش RMSE به میزان ۰/۲۶۳۵، ۰/۴۳۹۵ و ۵/۸۲۷۰ نشان داد. نزدیکی نسبی KNN به SVR نشان‌دهنده عملکرد قابل قبول این مدل است.

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]



شکل ۱۴: نمودارهای تیلور برای مقایسه مشاهدات تجربی و پیش‌بینی مدل‌های یادگیری ماشین برای *Pseudomonas* spp.، TVC و TVB-N در میگوی *Litopenaeus vannamei* طی نگهداری

Figure 14: Taylor diagrams comparing experimental observations and machine-learning predictions for *Pseudomonas* spp., TVC, and TVB-N in *Litopenaeus vannamei* during storage

با این‌حال، موقعیت هندسی مناسب‌ترSVR در نمودارهای تیلور و مقادیر کمتر RMSE نشان می‌دهد که این الگوریتم از توانایی بالاتری در توصیف روابط غیرخطی بین زمان، دما و شاخص‌های فساد *Litopenaeus vannamei* طی نگهداری، برخوردار است. در مقایسه با KNN، کاهشRMSE مدل SVR برای *Pseudomonas* spp.، TVC و TVB-N به‌ترتیب ۰/۰۰۰۴، ۰/۰۷۲۱ و ۱/۰۸۲۳ بود. این نتایج نشان می‌دهد که اختلاف عملکرد SVR با RF در هر سه شاخص قابل‌توجه بود درحالی‌که اختلاف آن با KNN برای *Pseudomonas* spp. محدود و برای TVC و TVB-Nمشخص‌تر بود. به طور کلی، نتایج شکل ۱۴ با شاخص‌های عددی ارائه‌شده در جدول ۵ هم‌خوانی داشت و نشان داد که SVR در مقایسه با سایر الگوریتم‌ها، پیش‌بینی‌های نزدیک‌تری به داده‌های تجربی برای هر سه شاخص فساد ارائه کرد. در جدول ۵ مقادیر معیار موفقیت و خطای مدل‌های یادگیری ماشین پس از آموزش ارائه شده است که بر این اساس می‌توان موفق‌ترین مدل یادگیری ماشین را برای این مجموعه داده تعیین کرد. معیار R^2 مقادیری بین صفر و ۱ است. مقدار ۱ نشان می‌دهد که مدل می‌تواند تمام تغییرات را توضیح دهد درحالی‌که صفر نشان می‌دهد که متغیر مستقل مدل نمی‌تواند متغیر وابسته را به طور قابل‌توجهی توضیح دهد. به همین دلیل، مقدار موردنظر باید تا حد امکان به ۱ نزدیک باشد. نتایج نشان می‌دهد که الگوریتم SVR دارای نزدیک‌ترین مقدار R^2 به ۱ است. در نتیجه، الگوریتم قابلیت پیش‌بینی بسیار موفقی دارد. علاوه‌براین، مقادیر پایین MAE، MSE و RMSE به‌دست آمده، نتایج عددی مهمی هستند که از موفقیت مدل پشتیبانی می‌کنند. معیار RMSE نشان می‌دهد که مدل با نزدیک‌شدن به صفر، پیش‌بینی‌های نزدیک‌تری به مقادیر واقعی نشان می‌دهد. الگوریتم SVR دارای کمترین مقدار R^2 بود. معیار MSE برای *Pseudomonas* ۰/۰۲۲۵ و ۰/۰۱۷۸ برای TVC و ۱/۶۶۲۹ برای TVB-N به‌دست آمد. این مدل در مقایسه با سایر الگوریتم‌های آزمایش‌شده، عملکرد بهتری داشت. همچنین الگوریتم بهینه شده SVR برای تخمین مقدار *Pseudomonas* با مقدار معیار R^2 برابر با ۰/۹۸۲۶ و تخمین مقدار TVC با R^2 برابر با ۰/۹۹۲۸ و مقدار TVB-N با R^2 برابر با ۰/۹۹۴۰ موفق‌ترین است درحالی‌که سایر الگوریتم‌ها

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

نسبت به این الگوریتم موفقیت کمتری داشتند که نشان‌دهنده برازش بالای مدل SVR بود (جدول ۵).

بحث

امروزه، الگوریتم‌های یادگیری ماشین می‌توانند برای تعیین عمرماندگاری غذاهای فاسدشدنی مانند غذاهای دریایی مورد استفاده قرار گیرند. در مطالعه حاضر، در میان ۶ الگوریتم ارزیابی‌شده، SVR عملکرد خوبی به‌دست آورد (جدول ۱، شکل های۶ و ۷)، با مقادیر پیش‌بینی R^2 بیش از ۰/۹۸ برای شاخص‌های TVC، TVB-N و *Pseudomonas* (جدول ۵) که پتانسیل بالایی برای نظارت بر عمر ماندگاری میگو در زمان واقعی نشان می‌دهند.

در یک مطالعه، تغییرات کیفی نمونه‌های ماهی سی‌باس کامل و فیله‌شده که در یخ نگهداری شده بودند، طی ۱۶ روز نگهداری بررسی شد. محققان گزارش کردند که مقدار اولیه *Pseudomonas* در سی‌باس کامل log cfu/g ۲/۸-۱/۴ بیشتر از سی‌باس فیله شده بود. میزان *Pseudomonas* برابر با log cfu/g ۷ در روز هشتم نگهداری در سی‌باس فیله‌شده از حد مجاز فراتر رفت درحالی‌که تعداد *Pseudomonas* در روز شانزدهم نگهداری در ماهی سی‌باس کامل log cfu/g ۶/۴ بود (Taliadourou *et al*., 2003). در مقایسه با مطالعه حاضر (شکل۱، جدول۲)، مشاهده شد که میکروفلور اولیه میگو نزدیک به مطالعه قبل بود، اما حداکثر تعداد باکتری‌ها با گذشت زمان نگهداری بیشتر بود و این تفاوت می‌تواند به علت دمای نگهداری باشد. در مطالعه دیگری، Ntzimani و همکاران (۲۰۲۳) تأثیر یخ را بر کیفیت حمل‌ونقل و نگهداری ماهی سی‌باس بررسی کردند. محققان مقدار اولیه *Pseudomonas* را log cfu/g ۲ گزارش کردند که کمتر از مقادیر به‌دست‌آمده در این مطالعه است که در آن الگوریتم‌های مختلف دیگر به‌کار رفته بودند. در تحقیق دیگر، کیفیت میگو (*Litopenaeus vannamei*) بر اساس فراسنجه‌های بیوشیمیایی تعیین شد (Kim *et al*., 2020). محققان نشان دادند مقادیر TVB-N حدود ۸۶-۱ میلی‌گرم در ۱۰۰ گرم متغیر بود.

روش‌های مورداستفاده برای تعیین کیفیت و ماندگاری میگو، روش‌های پرزحمتی هستند. اخیراً Hou و همکاران (۲۰۲۵) با استفاده از الگوریتم YOLO، تغییرات کیفی میگو را طی نگهداری انجام دادند. محققان همبستگی بالایی به میزان ۰/۸۸ و ۰/۸۱ برای TVB-N و TVC به‌دست آوردند. در مطالعه دیگری، محققان با هدف تعیین میزان تازگی محصولات دریایی مختلف در زمان واقعی اقدام کردند (Cui *et al*., 2024). چهار الگوریتم یادگیری ماشین (شبکه عصبی، الگوریتم ژنتیک، ماشین یادگیری افراطی و شبکه عصبی تابع پایه شعاعی)، استفاده شد. طبق نتایج مطالعه، گزارش شد که مدل‌های الگوریتم ژنتیک و شبکه عصبی دقت بالاتری در پیش‌بینی ماندگاری محصولات دریایی مختلف نشان دادند. مدل شبکه عصبی دارای مقدار R^2 برابر با ۰/۹۹ بود و به عنوان بهترین مدل برازش گزارش گردید. این الگو نشان می‌دهد که پیشرفت فساد در میگو حاصل اثر هم‌زمان دما، زمان نگهداری و دینامیک رشد میکروبی است و شاخص‌های میکروبی و شیمیایی الزاماً در تمام مراحل نگهداری پاسخ کاملاً مشابهی نشان ندادند. مقایسه مقادیر نهایی TVC و TVB-Nبا حدود پذیرش گزارش‌شده برای محصولات شیلاتی نشان داد که افزایش زمان و دمای نگهداری موجب نزدیک‌شدن یا عبور شاخص‌های فساد از حدود قابل‌قبول شد. بر این اساس، افزایش TVC به محدوده حدودlog CFU/g ۷ و افزایش TVB-N به mg N/100 g ۳۵-۳۰ نشان‌دهنده پیشرفت فساد میکروبی و شیمیایی در میگو طی نگهداری بود (Roomiani *et al*., 2024).

افزایش داده روشی است که در پیش‌بینی داده‌ها در نقاطی که آزمایش نشده‌اند (شکل ۲)، در طبقه‌بندی دقیق‌تر و قابل اعتمادتر نقش دارد (Georgouli *et al*., 2018). در یک مطالعه ترکیب CNN و SVM با افزایش شبکه مولد تخاصمی (GAN)[1] برای بهبود کیفیت میگو به‌کار گرفته شد. محققان گزارش دادند که روش‌های CNN و SVM در مجموعه داده‌های جدید به‌دست‌آمده از افزایش داده‌های اصلی با GAN، دقتی معادل ۹۸/۱

[1] Generative Adversarial Network (GNA)

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

درصد داشت (Prema and Visumathi, 2022). در مطالعه حاضر، همان‌طوری‌که در شکل ۳ مشاهده شد، مجموعه داده‌های جدید به‌دست‌آمده در الگوریتم‌های یادگیری ماشین مورد استفاده در مطالعه دقیق‌تر شدند (شکل ۴ و ۵). در واقع، افزایش داده، عملکرد الگوریتم‌های مورداستفاده را بهبود بخشید (جدول ۳ و ۴). در یک مطالعه، هدف توسعه یک electronic nose برای کیفیت میگوی سفید اقیانوس آرام پرورشی بود (Srinivasan *et al.*, 2020). محققان تشکیل بو را طی نگهداری میگو که در دمای ۲ درجه سانتی‌گراد با یخ و بدون یخ نگهداری شده بود، بررسی کردند. الگوریتم‌های تشخیص الگو مبتنی بر تجزیه‌وتحلیل چندمتغیره، مانند تجزیه‌وتحلیل مؤلفه اصلی، درخت تصمیم، جنگل تصادفی، (KNN) و رگرسیون Soft-max در این مطالعه استفاده شدند. نتایج نشان داد که الگوریتم رگرسیون Soft-max به‌ترتیب حدود ۹۶ و ۹۵ درصد دقت، برای میگوی نگهداری‌شده در یخ و بدون یخ را نشان داد. شبکه عصبی مصنوعی برای ارزیابی همزمان آستاگزانتین، TBARS، TVB-N و ویژگی‌های حسی در میگو استفاده شد و به‌ترتیب ضریب تعیین ۰/۹۶، ۰/۹۵، ۰/۹۲ و ۰/۹۳ و خطای جذر میانگین مربعات ۱/۱۲ میکروگرم بر گرم، ۰/۲۲ میلی‌گرم MDA بر کیلوگرم، ۳/۱۹ میلی‌گرم نیتروژن بر ۱۰۰ گرم و امتیاز ۰/۶۸ سنجش شد (Siripatrawan and Makino, 2025). Joy و همکاران (۲۰۲۴) تعیین تازگی غذاهای دریایی را با استفاده از روش‌های یادگیری ماشین بررسی کردند. محققان، الگوریتم‌های شبکه متراکم و الگوریتم شبکه کارآمد را آزمایش کردند. طبق نتایج، الگوریتم‌های شبکه کارآمد و شبکه متراکم را به‌ترتیب میزان دقت ۰/۰۸۵ و ۰/۰۷۵ ثبت کردند. در مقایسه با مطالعات موجود، مشاهده شد که الگوریتم‌های یادگیری ماشین نتایج موثری در تعیین کیفیت، پیش‌بینی عمرماندگاری و تازگی محصولات دریایی ارائه داده‌اند، اگرچه در این مطالعه تفاوت‌های روش کار وجود داشت (شکل های ۸،۹ و۱۰). در مطالعه Chen و همکاران (۲۰۲۰) مدل‌سازی تغییرات کیفیت میگوی سفید اقیانوس آرام در طول نگهداری از طریق دو مدل آرنیوس و جنگل تصادفی مورد ارزیابی قرار گرفت. در مقایسه با مدل آرنیوس، خطاهای نسبی شاخص‌های کیفی مدل جنگل تصادفی کمتر از ۱۰ درصد، R^2 نزدیک به ۱ و خطای جذر میانگین مربعات عمدتاً کمتر از ۰/۱ بود، که به معنای برازش بهتر برای این شاخص‌هاست. بنابراین، مدل جنگل تصادفی با دقت پیش‌بینی بالاتر، روشی امیدوارکننده برای پیش‌بینی تغییرات در کیفیت میگو بود که با مطالعه حاضر همخوانی داشت (شکل ۱۴). در مطالعه آنها، RMSE مربوط به TVC مدل آرنیوس به دلیل بی‌نظمی داده‌های تجربی و برخی خطاها، بسیار بالاتر از مدل جنگل تصادفی بود. مقادیر R^2 عمدتاً حدود ۰/۵ بود که برازش مناسبی با مدل آرنیوس نداشت. با این‌حال، مدل جنگل تصادفی با R^2 بالاتر که عمدتاً از ۰/۹ فراتر رفت، برازش بهتری داشت. در مطالعه Hao و همکاران (۲۰۲۵) مدل پیشنهادی بر اساس یادگیری عمیق برای ارزیابی کیفیت میگو همراه با مجموعه داده تصویر انجام گردید که بر اساس مقادیر TVB-N به دقت ۹۳ درصد با خطای آزمایش ۰/۲ دست یافت. مطالعه Xi و همکاران (۲۰۲۵) تصویربرداری فراطیفی همراه با روش‌های یادگیری عمیق و یادگیری ماشین را برای شناسایی تغییرات در میزان TVB-N طی فساد میگو بررسی کردند. نتایج نشان داد که روش‌های یادگیری عمیق به دلیل ویژگی برتر و قابلیت‌برازش، عملکرد قابل مقایسه‌ای را نشان می‌دهند و این رویکرد امکان پیش‌بینی سریع تغییرات مرتبط با فساد را فراهم می‌کند. در مطالعه Yu و همکاران (۲۰۲۶) عملکرد پیش‌بینی ۱۲ مدل یادگیری ماشین برای شاخص‌های تازگی ماهی سالمون و میگو ارزیابی گردید. نتایج نشان داد که رگرسیون جنگل تصادفی و رگرسیون درخت تصمیم‌گیری به طور بهینه عمل کردند. هر دو مدل به ضرایب تعیین بالایی برای هر دو گونه دست یافتند. TVC در مقایسه با TVB-N و TBARS پیش‌بینی متوسطی داشت که می‌تواند به دلیل اثر تأخیری رشد میکروبی و ناهمگونی ترکیب فلور باکتریایی در بین نمونه‌ها باشد (Yavuzer, 2023). جالب توجه است که در میان چندین مدل یادگیری ماشین، مدلی که دارای بهترین شاخص است، ممکن است بهترین مدل در مجموعه پیش‌بینی

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

نباشد، زیرا مدل بیش‌برازش دارد که تحت تأثیر عوامل مختلفی از جمله بیش‌برازش داده‌های آموزشی، سوگیری مهندسی ویژگی و توزیع ناهموار داده‌ها، قرار می‌گیرد (Elshewey *et al*., 2024; Zhang *et al*., 2025). تفاوت در نتایج مطالعات، استفاده از یادگیری ماشین در تخمین عمرماندگاری آبزیان می‌تواند به این دلیل باشد که اکثر مدل‌ها بر مجموعه داده‌های کوچک در محیط آزمایشگاهی کنترل‌شده، آموزش داده می‌شوند. در نتیجه، آنها قابلیت‌های تعمیم ضعیفی نشان می‌دهند و نمی‌توانند به طور مؤثر در شرایط واقعی اعمال شوند (شکل ۱۱، ۱۲ و ۱۳). به‌علاوه، به دلیل ماهیت «جعبه سیاه» برخی مدل‌های یادگیری ماشین و یادگیری عمیق، تفسیر فرآیند تصمیم‌گیری آنها دشوار است، موضوعی که می‌تواند در حوزه ایمنی و کنترل کیفیت مواد غذایی چالش برانگیز باشد. در نهایت، روش‌های موجود در درجه اول بر پیش‌بینی غیرفعال ماندگاری موادغذایی تمرکز دارند که منجر به یک شکاف نظارتی می‌شود که با فقدان نظارت فعال و پویا بر عمرماندگاری مشخص می‌شود. مطالعه حاضر، بر مدل‌های کلاسیک یادگیری ماشین تمرکز دارد، اما کاربردهای برخی از مدل‌های یادگیری عمیق پیشرفته را بررسی نمی‌کند. ثانیاً، بیشتر داده‌های موجود در مقالات از محیط‌های آزمایشگاهی سرچشمه می‌گیرند که کاربرد آن را در محیط‌های تولید، محدود می‌کند. در نهایت، تحقیقات اغلب بر تأثیر عواملی مانند دما و رطوبت بر عمرماندگاری آبزیان تمرکز دارند و اغلب تنوع ذاتی خود محصولات غذایی را نادیده می‌گیرند.

در مطالعه حاضر، کارایی الگوریتم‌های یادگیری ماشین برای پیش‌بینی عمرماندگاری میگوی *Litopenaeus vannamei* بر اساس شاخص‌های میکروبی و شیمیایی ارزیابی شد. نتایج نشان داد که افزایش زمان و دمای نگهداری موجب افزایش معنی‌دار مقادیر TVC، *Pseudomonas* و TVB-N گردید. در میان مدل‌های مورد بررسی، الگوریتم SVR با بیشترین مقادیر ضریب تعیین و کمترین شاخص‌های خطا، بالاترین دقت پیش‌بینی را ارائه داد که بیانگر توانایی بالای این مدل در توصیف روابط غیرخطی مرتبط با فرآیند فساد میگوست. همچنین داده‌افزایی مبتنی بر برازش منحنی، با حفظ ویژگی‌های آماری داده‌های اولیه، موجب بهبود عملکرد مدل‌ها شد. در مجموع، یافته‌های این مطالعه نشان می‌دهد که رویکردهای مبتنی بر یادگیری ماشین می‌توانند به عنوان ابزاری سریع، دقیق و موثر برای ارزیابی کیفیت و پیش‌بینی عمرماندگاری محصولات دریایی مورد استفاده قرار گیرند و ظرفیت بالایی برای توسعه سامانه‌های هوشمند کنترل کیفیت در زنجیره سرد صنایع شیلاتی داشته باشند.

منابع

Ableguea, A.G.M., Zhangb, M., Guob, Q. and Ruib, L., 2025. Monitoring and shelf – life extension of food products based on machine learning and deep learning: progress and potential applications. *Food Reviews International*, 42:189-2214. DOI:org/10.1080/87559129.2025.2541856

AlOmar, M.K., Hameed, M.M. and AlSaadi, M.A., 2020. Multi hours ahead prediction of surface ozone gas concentration: robust artificial intelligence approach. *Atmospheric Pollution Research*, 11(9):1572-1587. DOI:org/10.1016/j.apr.2020.06.024

AOAC, 1995. Association of Official Analytiacal Chemists 15th ed; Washington DC, Chapter, 35:7–9.

Breiman, L., 2001. Random forests. *Mach Learning*, 45(1):5-32.

Chen, S., Tao, F., Pan, C., Hu, X., Ma, H., Li, C., Zhao, Y. and Wang, Y., 2020. Modeling quality changes in Pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*) during storage: Comparison of the arrhenius model and random forest model. *Food Processing*

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

and Preservation, 45:e14999. DOI:10.1111/jfpp.14999

Caldera, L., Franzetti, L., Van Coillie, E., De Vos, P., Stragier, P., De Block, J. and Heyndrickx, M., 2016. Identification, enzymatic spoilage characterization and proteolytic activity quantification of Pseudomonas spp. isolated from different foods. *Food Microbiology*, 54: 142e153. DOI:10.1016/j.fm.2015.10.004

Cui, F., Zhang, S., Wang, D., Ren, L., Meng, Y., Ma, R., Wang, S., Li, X., Li, T. and Li, J., 2024. Development of machine learning-based shelf-life prediction models for multiple marine fish species and construction of a real-time prediction platform. *Food Chemistry*, 450:139230. DOI:10.1016/j.foodchem.2024.139230

Elshewey, A.M., Alhussan, A.A., Khafaga, D.S., Elkenawy, E.S.M. and Tarek, Z., 2024. EEG- based optimization of eye state classification using modified-BER metaheuristic algorithm. *Scientific Reports*, 14 (1). DOI:10.1038/s41598-024-74475-5.

Georgouli, K., Osorio, M.T., Del Rincon, M.J. and Koidis, A., 2018. Data augmentation in food science: synthesising spectroscopic data of vegetable oils for performance enhancement. *Chemometrics*, 32(6):e3004. DOI:org/10.1002/cem.3004

Gürfidan, R., Genç, I.K., Armağan, H. and Colak, R., 2024. Hyperparameter optimized rapid prediction of sea bass shelf life with machine learning. *Food Analytical Methods*, 17:1134–1148.

Hammid, A.T., Bin Sulaiman, M.H. and Abdalla, A.N., 2018. Prediction of small hydropower plant power production in Himreen Lake dam (HLD) using artificial neural network. *Alexandria Engineering Journal*, 57(1):211-221. DOI: 10.1016/j.aej.2016.12.011

Hao, D., Zhang, C., Wang, R., Qiao, Q., Gao, L., Liu, J. and Lin, R., 2025. A non-destructive deep learning– based method for shrimp freshness assessment in food processing. *Processes*, 13:2895. DOI: 10.3390/pr13092895

Hou, M., Zhong, X., Zheng, O., Sun, Q., Liu, S. and Liu, M., 2025. Innovations in seafood freshness quality: non-destructive detection of freshness in *Litopenaeus vannamei* using the YOLO-shrimp model. *Food Chemistry*, 463:141192.

Hsu, C., Chang, C. and Lin, C., 2003. A practical guide to support vector classification; Department of Computer Science, National Taiwan University: Taipei, Taiwan.

Iranian National Standard, Number 2325, 2001. Microbiology of food and animal feed - General requirements and guidelines for microbiology tests.

James, G., Witten, D., Hastie, T. and Tibshirani, R., 2013. An introduction to statistical learning: with applications in R. Springer: Berlin/Heidelberg, Germany.

Joy, P., Metilda, M. and Johnraja, I., 2024. Identification of Chemicalsin Fish Using Machine Learning and IoT. S*N Computer Science*, 5:616. DOI:10.1007/s42979-024-02969-0

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

Kim, S.H., Jung, E.J., Hong, D.L., Lee, S.E., Lee, Y.B., Cho, S.M. and Kim, S.B., 2020. Quality assessment and acceptability of white leg shrimp (*Litopenaeus vannamei*) using biochemical parameters. *Fish Aquatic Science*, 23:1–10. DOI:10.1186/s41240-020-00167-6

Kumaravel, B., Amutha, A.L., Mary, T.P.M., Agrawal, A., Singh, A., Saran, S. and Govindarajan, N., 2025. Automated seafood freshness detection and preservation analysis using machine learning and paperbased pH sensors. *Scientific Reports*, 15:26051. DOI: 10.1038/s41598-025-08177-x

Liaw, A. and Wiener, M., 2022. Classification and regression by random Forest. *R News Journal,* 2:18–22.

Maharana, K., Mondal, S. and Nemade, B., 2022. A review: data pre-processing and data augmentation techniques. *Global Transitions Proceedings*, 3(1):91-99. DOI: 10.1016/j.gltp.2022.04.020

Ntzimani, A., Angelakopoulos, R., Semenoglou, I., Dermesonlouoglou, E., Tsironi, T., Moutou, K. and Taoukis, P., 2023. Slurry ice as an alternative cooling medium for fish harvesting and transportation: study of the effect on seabass flesh quality and shelf life. *Aquaculture Fisheries*, 8(4):385-392. DOI: 10.1016/j.aaf.2021.01.006

Prema, K. and Visumathi, J., 2022. An improved non-destructive shrimp freshness detection method based on hybrid CNN and SVM with GAN augmentation. In: International conference on advances in computing, communication and applied informatics (ACCAI). IEEE, pp 1-7. DOI:10.1109/ACCAI53970.2022.9752599

Ren, L., Li, P., Chen, W., Wei, B., Kuswandi, B. and Wang, Z., 2026. A total volatile basic nitrogen detection method for yellow croaker based on an electronic nose combined with an AIE-LSTM regression model. *Science of Food and Agriculture*, 106(6):3885-3897. DOI: 10.1002/jsfa.70484

Rokhva, S., Teimourpour, B. and Soltani, A.H., 2024. Computer vision in the food industry: Accurate, real-time, and automatic food recognition with pretrained MobileNetV2. *Food and Humanity*, 3:100378. DOI: 10.1016/j.foohum.2024.100378

Roomiani, L., Abaforoshan, A. and Maleki, N., 2024. Using hurdle technology: nisin in combination with vacuum or modified atmosphere packaging increases the surimi shelf life. *Iranian Journal of Nutrition Sciences and Food Technology*, 19(3):55-66. DOI:nsft.sbmu.ac.ir/article-1-3840-en.html

Shamaei, F. and Roomiani, L., 2021. Prediction of *Litopenaeus vannamei* under the influence of Peppermint (*Mentha piperita*) essential oil, temperature and storage by response surface methodology. *Journal of Fisheries*, 74:417-430. DOI:10.22059/jfisheries.2021.323201.1246

Siripatrawan, U. and Makino, Y., 2025. Rapid and chemical-free technique based

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]

on hyperspectral imaging combined with artificial intelligence for monitoring quality and shelf life of dried shrimp. *Food Research International*, 213:116422. DOI: 10.1016/j.foodres.2025.116422

Srinivasan, P., Robinson, J., Geevaretnam, J. and Rayappan, J.B.B., 2020. Development of electronic nose (Shrimp-Nose) for the determination of perishable quality and shelf-life of cultured Pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*). *Sensors and Actuators B: Chemical*, 317:128192. DOI: 10.1016/j.snb.2020.128192

Taliadourou, D., Papadopoulos, V., Domvridou, E., Savvaidis, I.N. and Kontominas, M.G., 2003. Microbiological, chemical and sensory changes of whole and filleted Mediterranean aquaculture sea bass (*Dicentrarchus labrax*) stored in ice. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 83(13):1373‑1379. DOI: 10.1002/jsfa.1553

Turgut, I.M. and Koc, D.G, 2025. Mapping frozen fish quality via machine learning for predictive spoilage kinetics under subzero conditions. *Applied Sciences*, 15:12611. DOI: 10.3390/app152312611

Wijaya, D.R., Syarwan, N.F., Nugraha, M.A., Ananda, D., Fahrudin, T. and Handayani, R., 2023. Seafood quality detection using electronic nose and machine learning algorithms with hyperparameter optimization. *IEEE Access*, 11:3286980. DOI:10.1109/ACCESS.2023.3286980

Wu, Z., Cha, S., Wang, C., Qu, T. and Zou, Z., 2025. Salmon consumption behavior prediction based on bayesian optimization and explainable artificial intelligence. *Foods*, 14:429. DOI:10.3390/foods14030429

Xi, Q., Chen, Q., Ahmad, W., Pan, J., Zhao, S., Xia, Y., Ouyang, Q. and Chen, Q., 2025. Quantitative analysis and visualization of chemical compositions during shrimp flesh deterioration using hyperspectral imaging: A comparative study of machine learning and deep learning models. *Food Chemistry*, 481:143997. DOI: 10.1016/j.foodchem.2025.143997

Yavuzer, E., 2023. Rapid detection of sea bass quality level with machine learning and electronic nose. *Food Science and Technology*, 58(5):2355–2359. DOI: 10.1111/ijfs.16365.

Yu, Q., Zhang, M., Wang, D., Mujumdar, A.S. and Huang, M., 2026. Intelligent freshness assessment of aquatic products through multimodal sensing and Machine learning. *Computers and Electronics in Agriculture*, 245:111571. DOI:10.1016/j.compag.2026.111571

Zhang, B., Yu, Y., Yi, S., Ding, Z., Yousefi, A.M., Li, J. and Lyu, X., 2025. Machine learning methods for compression capacity prediction and sensitivity analysis of concrete- filled steel tubular columns: State-of-the-art review. *Structures*, 72:1-25. DOI: 10.1016/j.istruc.2025.108259.

[Downloaded from isfj.ir on 2026-10-16]