

DEVELOPPEMENT D'UN MODELE TERTIAIRE POUR LA PREDICTION DE LA CROISSANCE DE *LISTERIA MONOCYTOGENES* ET *SALMONELLA* SPP. DANS LA VIANDE HACHEE DE PORC

DELHALLE L., ADOLPHE Y., JASICK A., DAUBE G., CLINQUART A.

Université de Liège – Faculté de Médecine Vétérinaire – Département des Sciences des Denrées Alimentaires
Sart Tilman B43Bis - 4000 Sart Tilman - Belgique

Introduction

La microbiologie prévisionnelle permet de mieux comprendre et de maîtriser les niveaux de contamination dans les aliments à risque (McMeekin, 2002). Des modèles primaires, secondaires et tertiaires sont utilisés pour modéliser le comportement des micro-organismes. Les modèles primaires consistent à suivre l'évolution de la concentration en micro-organismes au cours du temps dans un environnement donné. Les modèles secondaires permettent de décrire l'influence des facteurs environnementaux sur les paramètres primaires. Les modèles tertiaires utilisent des systèmes experts et des bases de données pour faire le lien entre les modèles primaires et secondaires. Le but de la présente étude est de développer un modèle tertiaire permettant de prédire les comportements de *Listeria monocytogenes* et *Salmonella* spp. dans la viande hachée de porc en fonction des conditions environnementales (température, pH et activité de l'eau (a_w)). Le principal défi est de programmer l'ensemble des modules constituant le modèle tertiaire tout en rendant son utilisation aisée et efficace.

Matériel et Méthodes

Pour constituer la base de données, des cinétiques de croissance microbiologique, appelées challenge-tests, ont été mesurées afin de suivre en conditions environnementales prédéfinies les agents pathogènes dans des viandes hachées artificiellement contaminées dans la masse. Les résultats des cinétiques de croissance ont été analysés afin d'estimer les taux de croissance maximum, les temps de latence, les concentrations initiales et les concentrations finales. Sur base de ces données, des modèles prédictifs ont été développés afin de simuler le comportement des agents pathogènes suite à des modifications des conditions environnementales.

Le modèle primaire utilisé est le modèle logistique avec délai de rupture. Ce modèle suppose qu'il n'y a pas de possibilité de croissance lors de la phase de latence et qu'il n'y a pas de transition entre la phase de latence et la phase exponentielle. Le modèle cardinal (CM), utilisé comme modèle secondaire pour le calcul de μ_{\max} , est basé sur le principe que chaque effet environnemental peut être intégré dans une fonction par des facteurs multiplicatifs. L'équation suivante montre le CM incluant l'effet de la température, du pH et de l' a_w sur la vitesse de croissance optimale (μ_{opt}) (Rosso et al., 1995) :

$$\mu_{\max} = \mu_{opt} CM_2(T) CM_1(pH) CM_2(a_w)$$

Dans l'approche suivie pour déterminer le temps de latence, il a été considéré que le temps de latence est proportionnel au temps de génération des bactéries et que celles-ci doivent réaliser une certaine quantité de travail pour s'adapter à leur nouvel environnement (Robinson et al., 1998). Il existe donc une corrélation entre le temps de latence et l'inverse du taux de croissance. Dans une approche cardinale, on peut déduire l'équation suivante (Le Marc, 2001) :

$$\lambda = \frac{\lambda_{\min}}{CM_1(T) CM_2(pH) CM_2(a_w)}$$

Les modèles primaires et secondaires ont alors été intégrés dans une interface de saisie programmée sous Microsoft Excel en relation avec la base de données regroupant les résultats des challenge-tests réalisés sur de la viande hachée de porc standardisée et contenant une flore totale aérobie résidente à 4,3 log ufc/g.

Résultats et discussion

Des simulations de la croissance de *Listeria monocytogenes* ainsi que de *Salmonella* spp sur la viande hachée de porc conditionnée sous film étirable ont été réalisées à trois températures différentes. Les simulations de la croissance de *Listeria monocytogenes* et *Salmonella* spp ont été réalisées à partir des données de challenge-tests réalisés respectivement à 8 et 12°C. Les résultats issus des challenge-tests (n=6) pour ces pathogènes aux mêmes températures ont également été inclus à des fins de validation

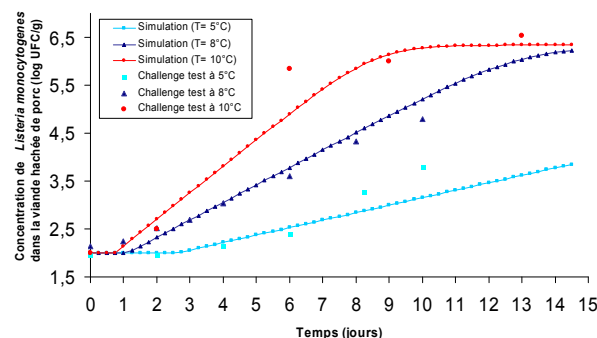
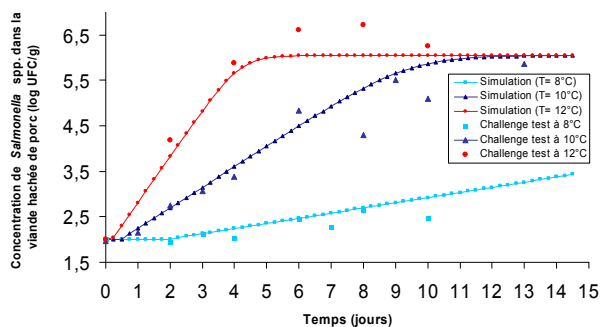


Figure 1 et 2 : Comparaison des résultats obtenus par simulation de la croissance respectivement de *Salmonella* spp. et *Listeria monocytogenes* sur de la viande hachée de porc avec les résultats obtenus lors de challenge-tests à 3 températures différentes (pH=5,9, a_w =0,99)

Les comparaisons des valeurs obtenues à partir des simulations et des données observées pour *Listeria monocytogenes* à 5, 8 et 10°C et pour *Salmonella* spp à 8, 10 et 12°C donnent respectivement des coefficients de détermination (r^2) de 0,94, 0,98 et 0,95 et de 0,80, 0,92 et de 0,98. Le modèle donne de bonnes prévisions du comportement des pathogènes en fonction des températures.

Suite à ces résultats on peut observer que les abus de température dans la chaîne du froid peuvent provoquer une augmentation substantielle de la concentration de ces germes pathogènes qui peuvent être présents dans la viande hachée de porc. Lorsque la température est égale à 5°C, la croissance de *Salmonella* est nulle mais pas celle de *Listeria monocytogenes*. La date limite de consommation (DLC) commerciale de ce produit étant de 3 jours, le risque d'ingestion d'une concentration élevée de *Listeria monocytogenes* est très faible si la température de conservation ne dépasse pas 5°C. Le risque est beaucoup plus important si la température atteint ou dépasse 8°C puisque les concentrations de *Salmonella* spp et de *Listeria monocytogenes* augmentent toutes deux de plus de 1 log ufc.

Conclusions et perspectives

La base de données constituant le modèle est en permanence alimentée par des résultats issus de challenge-tests sur la viande hachée de porc obtenus dans des conditions environnementales ou avec des germes pathogènes différents. De plus, une autre matrice alimentaire à base de viande de porc est actuellement à l'étude (boudin blanc). Les applications potentielles du modèle sont nombreuses aussi bien pour les industriels que pour les responsables de la gestion de la santé publique. On peut citer, entre autres, l'accélération de l'innovation via de nouvelles formulations ou de nouvelles conditions de conservation, la validation de la durée de vie d'un produit, le renforcement d'un plan HACCP d'une entreprise en permettant une simulation et un contrôle des points critiques ou l'optimisation de la chaîne du froid. Les simulations permettent de proposer des alternatives de gestion afin de garantir la sécurité sanitaire des produits mais également de maximiser la gestion et l'utilisation des outils de la chaîne de production.

Références bibliographiques

- Le Marc, Y., 2001. Thèse présentée à l'Université de Bretagne occidentale, Brest.
 McMeekin, T.A., Ross, T., 2002. Int. J. Food Microbiol. 78, 133-153.
 Robinson, T.P., Ocio, M.J., Kaloti, A., Mackey, B.M., 1998. Int. J. Food Microbiol. 44, 83-92.
 Rosso, L., Lobry, J.R., Bajard, S., Flandrois, J.P., 1995. Appl. Environ. Microbiol. 61, 610-616.

Remerciements

Project financé par la Région Wallonne (DGO6, Convention n°5713, 2008-2011). Pour plus d'informations : <http://www.wagralim.be/consalim.php>.