

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية
وزارة التعليم العالي والبحث العلمي
REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE
MINISTERE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR ET DE LA RECHERCHE
SCIENTIFIQUE
UNIVERSITE 8 MAI 1945 DE GUELMA
FACULTE DES SCIENCES ET DE L'INGENIERIE
DEPARTEMENT DE BIOLOGIE



MEMOIRE DE MASTERE

Domaine : Sciences de la Nature et de la Vie
Spécialité : Biochimie microbiologie appliquée
Option: Qualité des Produits et Sécurité Alimentaire

Thème : La Gestion De La Sécurité Alimentaire :
Microbiologie Prévisionnelle

Présenté par :
Rahouadj Safia
Ziaya Salima

Membres de jury :
- Président : HOUHAMDI Moussa (Professeur Université de Guelma)
- Examineur : SOUIKI Lynda (M.C B Université de Guelma)
- Encadreur : DJEKOUN Mohamed (M.A A Université de Guelma)

Juin /2010

Remerciement

Louange à Dieu qui nous donnons l'esprit, le courage pour surmonter toutes les difficultés durant cette étude ainsi que l'endurance pour terminer ce projet.

Nous tenons à remercier sincèrement et profondément le promoteur **M^D DJEKOUN Mohamed** maître de conférences **A** à l'université de Guelma, de bien vouloir diriger ce travail, pour ses précieux conseils, et pour avoir approfondi mes connaissances, par la mise à ma disposition de sa riche documentation et ses bonnes orientations.

Nous exprimons également mon profond respect aux membres du jury pour avoir accepté de juger et d'évaluer ce Modest effort **A. M^D HOUHAMDI Moussa** professeur à l'université de Guelma qui a bien voulu nous faire l'honneur de présider ce jury **A. M^{ME} SOUIKI Lynda** maître de conférences **B** qui a accepté d'examiner notre travail une immense reconnaissance. Aussi un grand remerciement aux enseignants de département de la biologie à l'université 8 mai 1945 de Guelma de nous avoir transmis leurs savoirs le long de notre cycle universitaire.

Enfin nous tenons à exprimer toute nous reconnaissance et nous remerciements à tous ceux qui ont contribué de près ou de loin à la réalisation de ce travail.



1.3.3.2.6. L'« anomalie Listeria »	21
1.4. Modèles probabilistes.....	23
Chapitre II : les banques de données	
2. SYM'PREVIUS	26
2.1. La base de donnée Sym'previus	27
2.1.1. Définition.....	27
2.1.2. Objectif de Sym'previus	28
2.1.3. Les implications internationales	29
2.1.4. Accès logiciels.....	29
2.1.4.1. Le module probabiliste.....	30
2.1.4.2. L'ajustement de courbes de croissance	31
2.1.4.3. Les interfaces croissance / non croissance	32
2.1.4.4. La base de données.....	33
2.2. Logiciel PMP (Pathogen Modelling Program).....	34
Chapitre III: les domaines d'applications de la MP	
3. Les domaines d'application de MP.....	37
3.1. Plan de maîtrise sanitaire (PMS)	37
3.1.1. Les Bonnes Pratiques d'Hygiène.....	38
3.1.2. Plan HACCP	39
3.1.2.1 Définition.....	39
3.1.2.2. Les 7 principes	39

3.1.3. Traçabilité.....	40
3.1.4. Agrément sanitaire.....	40
3.2. La Durée de Vie Microbiologique des Aliments.....	40
3.2.1. Date limite de consommation (DLC)	41
3.2.2. Date limite d'utilisation optimale (DLUO)	41
3.3. Analyse des risques microbiens	42
3.4. L'intérêt de la prévision en microbiologie alimentaire	44
Conclusion.....	46
Références bibliographiques	47
Résumés	

Produced with Scantopdf

Liste des abréviations

ACTIA : Centres techniques au service des entreprises

ADRINORD : (Assoc Développement Recherche Innovation N P d C) - Organisme de recherche scientifique et technique.

ARS : Africa regional services

AW : L'activité de l'eau

BPH : Bonnes pratiques d'hygiène.

CCP : les points critiques pour la maîtrise

CPM : Cardinal pH Model

CSC : Continuous Slope Change.

CTM : Cardinal température Model.

CTPM : cardinal la température et du pH maximal.

CTPMI : cardinal la température et du pH minimale

CTSCCV : Centre technique de salaison de charcuterie de conserves de viandes

DLC : la date limite de consommation.

DLUO : la date limite d'utilisation optimale

DO : la densité optique

ENVA : Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort

GBPH : Guide Bonnes pratiques d'hygiène.

GIS : groupement d'intérêt scientifique

HACCP : Hazard Analysis Critical Control Point

Inra : Institut National de la Recherche Agronomique.

ISO : Organisation internationale de normalisation

ITFF : Institut Technique Français des Fromages

Lag : temps de latence.

μ : Le taux de croissance.

MFS : Maintenance and Facility – Management Society of Switzerland

MP : Microbiologie prévisionnelle

pH : Potentiel en Hydrogène

PMP : Pathogen Modelling Programme.

PMS : plan de maîtrise sanitaire.

SSSP : seafood Spoilage and safety predictor.

T : La température.

Tg : Le temps de génération.

UNIR : Union Nationale des Internes en Radiologie

USDA : United States Department of Agriculture.

X : : La densité cellulaire.

Liste des figures

Figures	Titres	pages
Figure 1	Courbe de croissance d'une culture bactérienne et ses différentes phases	05
Figure 2	Principales phases de la courbe de croissance bactérienne et paramètres qui les caractérisent.	07
Figure 3	Nature des facteurs environnementaux agissant sur le comportement des microorganismes dans les aliments.	13
Figure 4	Courbes d'isoreponse de μ_{max} d'après le modèle cardinal CTPM en fonction de la température et du pH.	16
Figure 5	Courbes d'iso réponse de μ_{max} d'après le modèle CTPMI en fonction de la température et du p^H	20
Figure 6 :	: Evolution du pH_{min} de <i>L. monocytogenes</i> ajustée par le modèle	21
Figure 7	Représentation en racine carrée de la relation μ_{max} -température pour <i>Escherichia. Coli</i> et <i>Listeria monocytogenes</i> .	23
Figure 8	Courbe théorique du modèle CSC en représentation racine carrée et interprétation graphique des paramètres.	24
Figure 9	la plate forme du projet sym'prevus	29
Figure 10	Ecrans de présentation et de simulation du accès logiciel SYM'PREVIUS	31
Figure 11	Simulation de croissance (en bleu) avec bande de confiance à 90% (en rouge).	32
Figure 12	Densité de contamination après 5,28 jours de stockage.	32
Figure 13	Représentation de l'ajustement du modèle de croissance sur un jeu de données expérimentales.	33

Figure 14	les simulations (Température, pH, activité de l'eau et acide lactique.)	34
Figure 15	la base des données	35
Figure 16	Ecrans de présentation et de simulation de l'accès logiciel	36
Figure 17	Interface du logiciel PMP version 7,0	37
Figure 18	Plan de Maitrise Sanitaire	39
Figure 19	Représentation schématique de l'analyse de risque	44
Figure 20	Schéma général de l'appréciation du risque	45

Tableau : Modèles primaires et secondaires publiés

25

Produced with ScanTOPDF

Chapitre I

La microbiologie prévisionnelle

Produced with ScanTOPDF

1. La microbiologie prévisionnelle

L'analyse des risques a été largement développée et appliquée à la pollution chimique de l'environnement. Son utilisation dans les problèmes liés à la consommation de produits alimentaires contaminés par des bactéries est relativement récente. L'appréciation quantitative du risque est un préalable essentiel de sa gestion. Elle est utile pour la santé du consommateur, les entreprises agro-alimentaires, la distribution, et pour les échanges nationaux et internationaux. Cependant, il est nécessaire d'adapter la démarche aux micro-organismes qui, contrairement aux produits chimiques, peuvent se multiplier ou se détruire dans l'aliment. L'adaptation doit tenir compte des interactions biologiques entre l'aliment et le microorganisme (Sanaa, 2002).

1.1. Définition :

La microbiologie prévisionnelle est une méthode quantitative qui vise à évaluer le comportement d'un micro-organisme dans un aliment. Cette approche, basée sur l'utilisation de modèles mathématiques, permet d'optimiser l'expérimentation directe.

Les modèles mathématiques développés permettent de simuler le comportement microbien (multiplication, survie, destruction) dans l'aliment, en fonction de certaines conditions environnementales rencontrées au cours d'une ou de plusieurs étapes de la « vie » du produit (par exemple fabrication, maturation, transport, distribution, conservation...). On entend par « conditions environnementales », les principaux facteurs pouvant influencer le comportement du micro-organisme, qu'ils soient spécifiques à l'aliment (pH, activité de l'eau, concentration en inhibiteurs comme des acides organiques...) ou extérieurs (température de conservation, température de chauffage).

Dans le cas où les conditions rencontrées permettent la multiplication du micro organisme, on utilisera un modèle de croissance. Dans le cas où ces conditions entraînent une diminution, on utilisera un modèle de décroissance, typiquement un modèle de destruction (thermique ou autre) [3].

1.2. Principe de La microbiologie prévisionnelle :

La microbiologie prévisionnelle permet de construire une courbe de croissance microbienne qui dépend d'un ensemble de facteurs. On pourrait penser qu'il est possible de relier directement l'intensité de ces facteurs à la courbe. Cependant, c'est difficile car la

courbe dépend de paramètres caractéristiques qui dépendent eux-mêmes de facteurs différents selon des lois différentes. On préfère donc exprimer ces paramètres en fonction de leurs facteurs déterminants. On en distingue trois principaux :

- Le temps de latence **lag** qui dépend de l'état initial des microorganismes et des caractéristiques de leur environnement.
- Le taux de croissance exponentielle μ qui dépend essentiellement des caractéristiques de l'environnement.
- Le maximum **A** relié à la concentration $[x]$ du facteur limitant grâce au rendement f selon la relation $A=k [L]$

La connaissance de ces trois paramètres grâce aux différentes valeurs des facteurs du milieu permet de tracer la courbe [21].

1.3. Les modèles de croissance bactérienne :

La modélisation de la croissance bactérienne peut être décomposée en plusieurs niveaux.

Le premier niveau est désigné sous le nom de **modélisation primaire**. Elle consiste à décrire une cinétique de croissance (évolution de la taille de la population au cours du temps). Les principaux paramètres des modèles sont le taux de croissance (μ_{max}) et le temps de latence (**lag**).

La **modélisation secondaire** décrit l'évolution des paramètres du modèle primaire (μ_{max} et **lag**) en fonction des facteurs environnementaux. Elle prend en compte l'influence des principaux facteurs tels que la température, le pH, l'activité de l'eau ou certains inhibiteurs de croissance dont font partie les acides organiques [18].

1.3.1. Dynamique de croissance d'une population microbienne :

L'évolution de l'effectif d'une population bactérienne (notée x) en fonction du temps comporte sept phases caractéristiques (Buchanan, 1918), qui peuvent être regroupées fonctionnellement :

- la phase stationnaire initiale ou phase de latence. Elle est caractérisée par une vitesse de multiplication nulle. Cette phase correspond à une période d'adaptation de l'inoculum à son nouvel environnement de croissance. La durée de cette période

dépend de la nature du milieu d'accueil, de l'état physiologique des cellules inoculées et éventuellement de la taille de l'inoculum (Penfold, 1914 ; Winslow et Wilson, 1939 ; Monod, 1958) ;

- la phase d'augmentation (correspondant aux phases 2 et 3) : la vitesse de croissance qui passe plus ou moins rapidement de zéro à sa valeur maximale. Cette phase est considérée par certains auteurs comme faisant partie de la phase de latence (Monod, 1958) ;

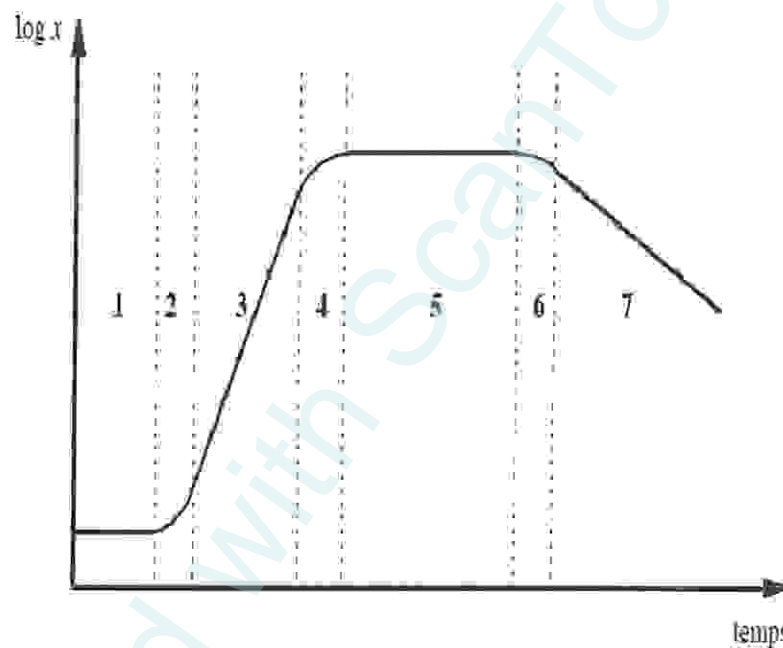


Figure 1 : Courbe de croissance d'une culture bactérienne et ses différentes phases (Yvan, 2001).

x représente la densité ou la biomasse de la culture. Les phases sont : (1) phase stationnaire initiale ou de latence, (2) phase d'accélération de la croissance, (3) phase de croissance à vitesse constante, (4) phase de ralentissement de la croissance, (5) phase stationnaire maximale, (6) et (7) phases de décroissance.

- une phase de ralentissement de la croissance, puis une phase de saturation liée aux fortes densités bactériennes, à la limitation en substrat ou aux modifications du milieu (phases 4 et 5). Cette phase est suivie d'une décroissance de la population des microorganismes (phases 6 et 7) (Yvan, 2001).



La cinétique de croissance des cultures bactériennes est donc essentiellement composée d'une phase de latence suivie d'une phase exponentielle puis d'une phase stationnaire. Les microbiologistes utilisent classiquement les paramètres suivants pour caractériser ces différentes phases : la densité cellulaire initiale (x_0), le temps de latence (lag), la vitesse de multiplication maximale (μ_{max}) ou le temps de génération (T_g) et la densité maximale atteinte (x_{max}) (Jean-Christophe, 1999).

Le temps de latence, lag , est classiquement défini par convention (Yvan, 2001) comme étant l'intersection de la droite correspondant à la phase exponentielle (en coordonnées semi-logarithmiques) avec la droite horizontale passant par la concentration initiale, x_0 (Figure 2). Buchanan et Cygnarowicz (1990) ont récemment proposé de définir le temps de latence comme étant le point d'accélération maximale de la vitesse de multiplication.

Ces deux définitions peuvent aboutir à des valeurs différentes de la durée de la phase de latence en fonction du modèle utilisé pour décrire la cinétique de croissance (Zwietering et al., 1992a).

La vitesse de multiplication ou taux de croissance (vitesse de croissance par unité de densité) maximum, μ_{max} , est la pente correspondant à la phase exponentielle (en coordonnées semi-logarithmiques). Les microbiologistes utilisent également fréquemment le temps de génération, T_g , qui est lié au taux de croissance maximum par la relation :

$$T_g = \ln 2 / \mu_{max} \text{ (Jean-Christophe, 1999).}$$

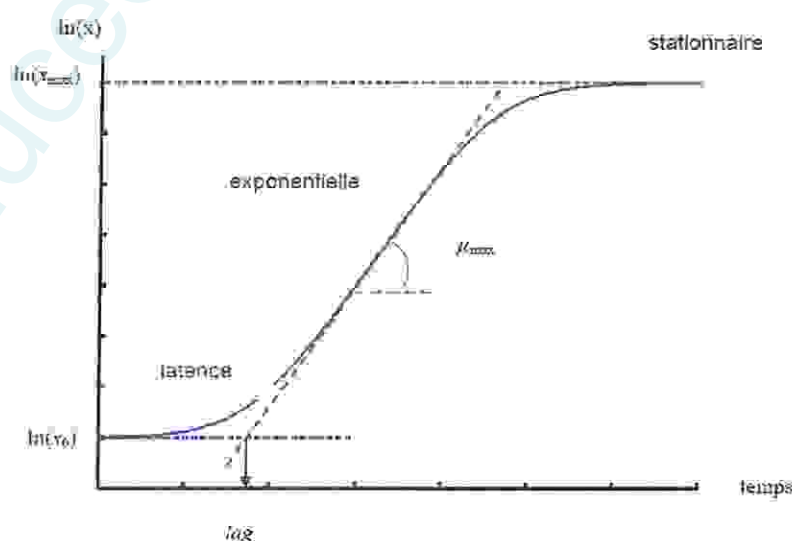


Figure 2 : Principales phases de la courbe de croissance bactérienne et paramètres qui les caractérisent. (Jean-Christophe, 2005).

lag est le temps de latence, μ_{\max} est le taux de croissance maximum, x_0 et x_{\max} sont les densités cellulaires initiale et maximale.

La modélisation se fait habituellement en deux étapes. La première consiste à ajuster les cinétiques de croissance de façon à estimer les valeurs de lag et μ_{\max} . On parle alors de modélisation primaire. Dans la seconde étape, appelée modélisation secondaire, les estimations du taux de croissance et du temps de latence sont reliées aux facteurs environnementaux : température, pH, concentrations d'acide et activité de l'eau.

1.3.2. Modélisation primaire :

Les modèles primaires de croissance permettent de décrire la cinétique de croissance des populations microbiennes dans un environnement donné (Whiting et Buchanan, 1993).

1.3.2.1. Ajustement d'une cinétique de croissance obtenue par énumération sur boîte de Pétri :

Plusieurs modèles primaires ont été proposés dans la littérature afin d'ajuster les cinétiques de croissance microbienne. Le modèle de Gompertz reparamétré par Zwietering et al (1990) a d'abord été couramment utilisé dans les travaux de microbiologie prévisionnelle (équation [I.1]).

$$\ln(x) = \ln(x_0) + A \cdot \exp\left(-\exp\left(\frac{\mu_{\max}}{A}(\text{lag} - 1) + 1\right)\right) \quad [\text{I.1}]$$

x : est la concentration microbienne (en UFC/ml).

$$A = \ln(x_{\max}) - \ln(x_0).$$

Certains auteurs, notamment Rosso (1995b), ont mis en évidence certains problèmes dans l'utilisation de ce modèle : l'ajustement au modèle de Gompertz induit une surestimation du taux de croissance par rapport à la définition classique de μ_{\max} (pente obtenue en représentation logarithmique pendant la phase de croissance exponentielle). De plus, l'inoculum est différent du paramètre x_0 . A $t=0$, on a en effet :

$$\ln(x(0)) = \ln(x_0) + A \cdot \exp\left(-\exp\left(\frac{\mu_{\max}}{A}(\text{lag}) + 1\right)\right) \neq \ln(x_0) \quad [\text{I.2}]$$

Baranyi et al. (1994, 1993a, 1993b) ont développé une équation non autonome modélisant la croissance bactérienne. La forme générale de l'équation est la suivante :

$$\frac{dx}{dt} = \mu_{\max} \alpha_n(t) \left(1 - \frac{x}{x_{\max}}\right) \quad [I.3]$$

Avec $\alpha_n(t) = \frac{t^n}{lag+t^n}$

Selon Delignette-Muller (1998a), ce modèle semble être un meilleur descripteur des cinétiques microbiennes que le modèle de Gompertz. Les paramètres sont consistants par rapport aux définitions proposées. Un des inconvénients du modèle de Baranyi réside dans sa complexité.

Des modèles plus simples ont donc été développés. Rosso et al. (1996) ont proposé un modèle logistique avec délai et rupture qui sous sa forme différentielle, s'écrit :

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = 0 & \text{si } t \leq lag \\ \frac{dx}{dt} = \mu_{\max} \left(1 - \frac{x}{x_{\max}}\right) & \text{si } t > lag \end{cases} \quad [I.4]$$

Rosso (1995b) a montré que dans la grande majorité des cas, le modèle [I.4] était suffisant pour décrire les cinétiques de croissance microbiennes.

Citons enfin le modèle trilineaire (Buchanan et al., 1996). Ce modèle est apparu plus robuste que le modèle de Baranyi surtout dans le cas d'échantillons de petite taille. Ce modèle s'écrit sous la forme suivante :

$$\ln(x) = \begin{cases} \ln(x) = 0 & \text{si } t \leq lag \\ \ln(x_0) + \mu_{\max}(t - lag) & \text{si } t > lag \text{ et } t \leq t_s \\ \ln(x_{\max}) & \text{si } t > t_s \end{cases} \quad [I.5]$$

t_s est l'instant où la population bactérienne x atteint son niveau maximal x_{\max} .

Le choix d'un modèle primaire n'est pas sans conséquences : pour une même cinétique de croissance, les estimations des taux de croissance sont différentes suivant le modèle utilisé (Delignette-Muller, 1998a). De ce fait, la comparaison des résultats d'équipes de chercheurs différentes n'utilisant pas les mêmes modèles primaires peut être difficile.

Pour résoudre ce problème, certains auteurs ont cherché à établir des relations entre les valeurs de μ_{\max} estimées d'après la même cinétique par différents modèles.

1.3.2.2. Méthodes automatisées d'estimation du taux de croissance :

Les modèles présentés dans le paragraphe ci-dessus permettent d'ajuster des cinétiques de croissance obtenues par dénombrement sur boîtes de Pétri. Cette technique classique présente les avantages de ne dénombrer que des cellules viables et d'être utilisable pour

estimer les concentrations des microorganismes aussi bien en milieu synthétique que dans les produits alimentaires. L'inconvénient majeur de cette méthode réside dans son coût en termes de matériel, de milieux de culture et de temps de manipulation. Une estimation correcte des paramètres de croissance (lag , μ_{max}) nécessite en effet l'acquisition d'un nombre important de points expérimentaux.

Face à ce problème, des méthodes d'acquisition rapide ont été développées, telles que la turbidimétrie et l'impédancemétrie.

1.3.2.2.1. Turbidimétrie

❖ Principe :

Selon Yvan (2001). La méthode est basée sur la proportionnalité entre la densité optique d'une suspension bactérienne et la concentration cellulaire. Dans la limite de cette linéarité (entre 10^6 et $5 \cdot 10^7$ bactéries/ml), l'évolution de la densité optique (DO) reflète la croissance bactérienne. Le taux de croissance bactérien peut être estimé par la méthode dite des dilutions ou par ajustement à un modèle de croissance.

❖ Méthode des dilutions :

Selon le même auteur, Temps de latence et taux de croissance sont en principe indépendants du taux d'inoculation. Le décalage entre deux courbes correspondant à des taux d'inoculation différents obtenus par dilution au milieu correspond à un temps de génération ($\ln(2)/\mu_{\text{max}}$).

Certaines études ont montré qu'il n'existait pas de différence significative entre les taux de croissance calculés par cette méthode et ceux estimés par l'ajustement des modèles de Baranyi ou du modèle logistique avec délai et rupture à des cinétiques de croissance obtenues par dénombrement (Bajard, 1996b., Augustin, 1999).

1.3.2.2.2. Ajustement à un modèle de croissance :

μ_{max} peut être estimé en ajustant un modèle de croissance à la totalité de l'évolution de DO en fonction du temps. Ainsi Cheroutre-Vialette et al. (1998) proposent l'ajustement au modèle de Gompertz suivant :

$$\log \left(\frac{(\Delta D_o)_t}{\Delta D_{o_{min}}} \right) = A \exp \left(-\exp \left(\frac{\mu_e}{A} (\text{lag} - 1) + 1 \right) \right) \quad [I.6]$$

ΔD_o : Est la différence de densité optique entre le milieu inoculé et le milieu témoin non inoculé.

$\Delta D_{o_{min}}$: est la valeur de ΔD_o minimale, c'est à dire la première valeur supérieure au seuil de détection.

Plus récemment, Augustin et al. (2000) ont proposé d'estimer μ_{max} à partir d'une courbe de suivi de DO par l'ajustement de la fonction suivante :

$$\ln(DO(t) + 1) = \ln(kx_0 \exp(t - \text{lag})) \quad [I.7]$$

Où k : Est le coefficient de proportionnalité entre la densité optique et la concentration bactérienne.

L'ajustement de l'équation [I.7] se fait sur la partie exponentielle de la courbe de croissance de la densité optique. Pour *Listeria*, Augustin et al. (2000) ont montré que, à pH 7 et pour des températures comprises entre 4 et 35°C, cette zone exponentielle de croissance est comprise entre 0 et 0.1. Les auteurs ont mis en évidence une bonne correspondance entre les taux de croissances calculés par l'ajustement de l'équation [I.7] et les valeurs de μ_{max} calculées par la méthode des dilutions. Contrairement à cette dernière méthode, l'ajustement du modèle [I.7] ne nécessite qu'un seul suivi de DO par condition testée.

1.3.2.2.3. Impédancemétrie :

Le principe de cette technique repose sur le fait que le métabolisme des microorganismes dans un milieu de culture se traduit par une transformation des molécules peu chargées électriquement (protéines, glucides) en des molécules plus chargées (peptides, acides organiques). Les caractéristiques électriques du milieu peuvent s'exprimer de la façon suivante :

$$Z = \sqrt{R^2 + \left(\frac{1}{2\pi FC} \right)^2} \quad [I.8]$$

Z : Est l'impédance, R la résistance, C la capacité, F la fréquence.

La présence de microorganismes modifie les propriétés électriques du milieu et la croissance bactérienne peut être mise en évidence par l'augmentation de la conductance ($1/R$). La variation de conductance qui traduit la détection apparaît d'autant plus tôt que l'inoculum est élevé. Le temps de détection peut ainsi être relié à l'inoculum de départ. La méthode des dilutions peut alors être utilisée pour l'estimation du taux de croissance.

L'inconvénient de la méthode est lié aux interférences électriques pouvant se produire dans des milieux acides ou salés (Yvan M, 2001).

L'utilisation du modèle de Gompertz (équation [1.2]) entraîne une surestimation du taux de croissance maximum (Whiting et Cygnarowicz-Provost, 1992 ; Baranyi et al., 1993a ; Labuza et Fu, 1993 ; Dalgaard, 1995 ; Rosso, 1995 ; Farber et al., 1996 ; Membré et al., 1999) et du temps de latence (Whiting et Cygnarowicz-Provost, 1992 ; Labuza et Fu, 1993 ; Farber et al., 1996) par rapport à l'utilisation du modèle exponentiel classique (équation [1.1]). L'utilisation du modèle logistique (équation [1.4]) entraîne des déviations identiques (Rosso, 1995). Par contre, l'ajustement du modèle logistique avec délai et rupture (équation [1.5]) donne des estimations proches de celles obtenues avec la méthode classique (Rosso, 1995).

1.3.3. L'influence des facteurs environnementaux et les modèles secondaires

1.3.3.1. Nature des facteurs environnementaux :

Les facteurs écologiques susceptibles d'agir sur le comportement et donc la croissance des micro-organismes au sein des aliments sont classés en cinq groupes (Mossel et Ingram, 1955 ; Mossel, 1983). On trouve (Figure 3) :

- Les facteurs intrinsèques : Ce sont les caractéristiques physico-chimiques d'un aliment. Ils englobent le pH, l'activité de l'eau, le potentiel d'oxydoréduction, les substances antimicrobiennes, la composition en nutriments et la structure de l'aliment :

- ✓ **L'activité de l'eau :** (symbole a_w pour activity of water) représente la pression de vapeur d'eau d'un produit humide sur la pression de vapeur saturante à la même température. Ce paramètre traduit les interactions de l'eau avec la matrice de l'aliment [16].
- ✓ **pH (Potentiel en Hydrogène) :** Mesure de l'acidité ou de l'alcalinité d'une solution en fonction de sa concentration en ions hydrogènes et suivant une échelle logarithmique de un à quatorze.

- Les facteurs technologiques : Ce sont les traitements délibérément appliqués aux aliments généralement dans le but de détruire la flore microbienne. Ils consistent pour l'essentiel en l'application de chaleur, de radiations U.V. ou ionisantes, de hautes pressions hydrostatiques, ou en des modifications de la structure de l'aliment (émulsions).
- Les facteurs extrinsèques : Ils sont appliqués pendant la conservation des denrées alimentaires. Ils consistent essentiellement en l'utilisation de froid positif ou négatif et d'atmosphères modifiées :

✓ **Température :**

La température d'un système est une fonction croissante du degré d'agitation thermique des particules, c'est-à-dire de son énergie thermique. Elle est définie par l'équilibre de transfert de chaleur avec d'autres systèmes [15].



Figure 3 : Nature des facteurs environnementaux agissant sur le comportement des microorganismes dans les aliments (Jean-Christophe, 2005)

- Les facteurs microbiens : Ce sont les interactions qui peuvent exister avec les autres micro-organismes présents dans l'aliment. Ils peuvent favoriser ou ralentir la croissance des micro-organismes étudiés.

- Les effets combinés : Ce sont les interactions qui peuvent exister entre les facteurs cités auparavant. L'effet d'un facteur écologique sur un micro-organisme est généralement dépendant du niveau des autres facteurs. On peut ainsi observer des synergies ou des antagonismes entre les facteurs. Les synergies entre facteurs environnementaux ont été illustrées par Leistner et Rödel (1976) avec le concept des barrières ("hurdle concept").

1.3.3.2. Les Modèles secondaires :

La modélisation secondaire consiste à relier l'effet des facteurs environnementaux (température, pH, concentrations d'inhibiteurs) au taux de croissance (μ_{max}) et au temps de latence (lag). On peut distinguer deux approches méthodologiques :

- ❖ La première consiste à décrire simultanément l'effet de tous les facteurs environnementaux à l'aide de fonctions polynomiales. Le développement de ces modèles se fait de façon systématique selon un plan d'expérience défini et dans une gamme de variation donnée. Cette approche permet d'obtenir dans tous les cas un modèle prenant en compte les interactions entre les différents facteurs. Cependant ces modèles sont souvent peu robustes (Delignette-Müller, 1998a ; Baranyi et al., 1996).
- ❖ La seconde approche, consiste à modéliser individuellement l'effet de chaque facteur. A partir de ces modules simples, un modèle général prenant en compte l'effet combiné de l'ensemble des facteurs environnementaux est ensuite élaboré.

Cette dernière approche présente de nombreux avantages : les modèles sont en général définis par un petit nombre de paramètres. Au moins une partie de ces paramètres ont une signification biologique simple. Ils apparaissent aussi plus robustes que les modèles polynomiaux (Delignette-Muller et al., 1995). C'est donc l'approche modulaire qui semble offrir les meilleures perspectives.

Certains auteurs ont mis en évidence une corrélation entre le temps de latence et l'inverse du taux de croissance (Cooper, 1963 ; Rosso, 1995b). On a alors pour des conditions pré-incubatoires identiques :

$$\text{lag}\mu_{\max} = k \quad [I.9]$$

Où k : Est une constante pour des conditions pré-incubatoires données

Delignette-Müller (1998b) a montré que si la présence d'inhibiteurs pouvait avoir un effet sur le produit 'lag, μ_{\max} ', l'utilisation de la relation [I.10] donnait des résultats satisfaisants dans la plupart des cas. L'estimation du temps de latence pouvant être déduite de μ_{\max} , la plupart des auteurs n'ont donc modélisé que le taux de croissance.

1.3.3.2.1. Les modèles de type racine carrée :

Les modèles secondaires les plus utilisés sont les modèles racine carrée.

Historiquement, le premier facteur étudié a été la température. Ratkowsky et al. (1983) ont proposé la fonction suivante pour décrire l'effet de la température sur μ_{\max} :

$$\sqrt{\mu_{\max}} = [b_1(T - T_{\min})(1 - e^{c_1(T - T_{\min})})] \quad [I.10]$$

Où T_{\min} , T_{\max} : sont les valeurs extrapolées des températures minimale et maximale de croissance pour la bactérie

b_1 , c_1 : sont des coefficients sans signification biologique

Ce modèle fait suite à une première version basée sur l'hypothèse d'une relation linéaire entre $\sqrt{\mu_{\max}}$ et la température dans la zone suboptimale (Ratkowsky et al., 1982) :

$$\sqrt{\mu_{\max}} = b(T - T_{\min}) \quad [I.11]$$

Ces modèles ont ensuite été complexifiés pour prendre en compte le pH. Ainsi pour décrire les effets de la température et du pH dans la zone suboptimale sur le taux de croissance de *Yersinia Enterocolitica*, (Adams et al., 1991) proposent le modèle suivant :

$$\sqrt{\mu_{\max}} = b(T - T_{\min})\sqrt{(p^H - p^H_{\min})} \quad [I.12]$$

Certains auteurs, notamment (Wijtzes et al., 1993), ont étendu ce dernier modèle pour intégrer l'effet de l'activité de l'eau :

$$\sqrt{\mu_{\max}} = b(T - T_{\min})\sqrt{(p^H - p^H_{\min})}\sqrt{(a_w - a_{w_{\min}})} \quad [I.13]$$

1.3.3.2.2. Le modèle Gamma

Zwietering et al. (1992) proposent un modèle appelé « modèle Gamma », décrivant le taux de croissance μ_{max} relativement à sa valeur maximale μ_{opt} obtenue pour des conditions optimales de culture :

$$\mu_{max} = \mu_{opt} \text{ avec } \gamma = \gamma(T)\gamma(p^H)\gamma(a_w) \quad [I.14]$$

Chaque fonction γ décrit l'effet relatif (normalisé entre 0 et 1) d'un facteur sur μ_{max} . En zone suboptimale, μ_{max} est supposé varier avec le carré de la température :

$$\mu_{max} = (b(T - T_{min}))^2 \quad [I.15]$$

Lorsque T prend sa valeur optimale, l'équation s'écrit :

$$\mu_{opt} = (b(T_{opt} - T_{min}))^2 \quad [I.16]$$

L'effet relatif de la température $\gamma(T)$ s'obtient en divisant les valeurs de μ_{max} à la température T (équation [I.15]) par la valeur à T_{opt} (équation [I.16]):

$$\gamma(T) = \left(\frac{T - T_{min}}{T_{opt} - T_{min}} \right)^2 \quad [I.17]$$

Les effets relatifs du pH $\gamma(p^H)$ et de l'activité de l'eau $\gamma(a_w)$ s'obtiennent de façon similaire :

$$\gamma(p^H) = \frac{p^{H_{opt}} - p^{H_{min}}}{p^H - p^{H_{min}}} \quad [I.18]$$

$$\gamma(a_w) = \frac{a_w - a_{w_{min}}}{1 - a_{w_{min}}} \quad [I.19]$$

L'effet combiné de l'ensemble des facteurs est supposé pouvoir être décrit par la multiplication de l'effet de chacune des contributions (équation [I.14]).

1.3.3.2.3. Le modèle des températures et des pH cardinaux

Le modèle cardinal noté CTPM développé par Rosso et al. (1993, 1995a) est un autre exemple de modèle construit selon l'approche modulaire. L'effet de la température sur μ_{max} est décrit par un module (appelé CTM, « Cardinal Temperature Model ») défini par les températures cardinales (T_{min} , T_{max} , la température maximale de croissance, T_{opt} , la température à laquelle le taux de croissance est optimal) :

$$\rho(T) = \begin{cases} T < T_{min} & 0 \\ T_{min} < T < T_{max} & \frac{(T - T_{min})^2 (T - T_{max})}{(T_{opt} - T_{min})(T_{opt} - T_{min})(T - T_{opt}) - (T_{opt} - T_{max})(T_{opt} - T_{min} - 2T)} \\ T > T_{max} & 0 \end{cases} \quad [I.20]$$

De la même façon, une fonction (appelée module CPM, « Cardinal pH Model ») définie par les pH cardinaux est utilisée pour décrire l'effet du pH sur le taux de croissance (équation [I.21]):

$$\gamma(pH) = \begin{cases} pH < pH_{min} & 0 \\ pH_{min} < pH < pH_{max} & \frac{(pH - pH_{min})(pH - pH_{max})}{(pH - pH_{min})(pH - pH_{max}) - (pH - pH_{opt})^2} \\ pH > pH_{max} & 0 \end{cases} \quad [I.21]$$

Les fonctions $\rho(T)$ et $\gamma(pH)$ proposées par Rosso (1993, 1995a) représentent comme dans le modèle de Zwietering et al. (1992) les effets relatifs de la température et du pH. Comme pour le modèle Gamma, l'effet combiné de ces facteurs sur μ_{max} est obtenu en multipliant leurs effets séparés.

$$\mu_{max} = \mu_{opt} \gamma(pH) \rho(T) \quad [I.22]$$

Plus récemment, Rosso (1998) a proposé de décrire l'effet de l' a_w sur μ_{max} par le module suivant :

$$\delta(a_w) = \begin{cases} a_w < a_{w_{min}} & 0 \\ a_{w_{min}} < a_w & \frac{(a_w - a_{w_{min}})^2 (a_w - 1)}{(a_{w_{opt}} - a_{w_{min}})(a_{w_{opt}} - a_{w_{min}})(a_w - a_{w_{opt}}) - (a_{w_{opt}} - 1)(a_{w_{opt}} + a_{w_{min}} - 2a_w)} \end{cases} \quad [I.23]$$

La qualité d'ajustement du modèle cardinal [I.23] est aussi bonne que celle des modèles de type Belehradek ou du modèle Gamma. Les avantages du modèle résident dans la faible corrélation entre les différents paramètres et la signification biologique de tous les paramètres (Rosso et al., 1995a ; Geeraerd et al., 1998). Dans l'approche cardinale, le temps de latence est comme mentionné plus haut déduit de la corrélation entre lag et l'inverse de μ_{max} (équation [I.10]). Rosso (1995b) propose une autre paramétrisation de

cette équation. Quand le taux de croissance est optimal, le temps de latence est minimal. Il vient alors :

$$\mu_{opt} lag_{min} = K \quad [I.24]$$

Où lag_{min} : est le temps de latence minimal

En intégrant la valeur de K dans l'équation [I.10], elle s'écrit alors :

$$\mu_{max} lag = \mu_{opt} lag_{min} \quad [I.25]$$

En intégrant l'équation [I.24] dans la relation ci-dessus, il vient finalement :

$$lag = \frac{lag_{min}}{\gamma(p^H)\rho(T)} \quad [I.26]$$

1.3.3.2.4. Modélisation des interactions : le modèle CTPMI :

Dans les modèles modulaires, les valeurs T_{min} , pH_{min} et aw_{min} sont supposées constantes, indépendantes des conditions expérimentales. Pourtant de nombreux auteurs ont signalé l'influence de ces conditions sur les températures, les aw et les pH minimaux de croissance observés expérimentalement. Ainsi, plus la température est basse, plus le pH pour lequel une croissance bactérienne pourra être observée sera élevé (Farber et al., 1989; Cole et al., 1990). Le même phénomène est observé pour le pH : la température minimale permettant la croissance est d'autant plus haute que les niveaux de pH sont bas.

Augustin et al. (2000) ont illustré la conséquence de l'hypothèse de la constance des valeurs cardinales sur l'interface entre la croissance et l'absence de croissance de *L.monoytogenes* en fonction du pH et de la température (Fig. 4).

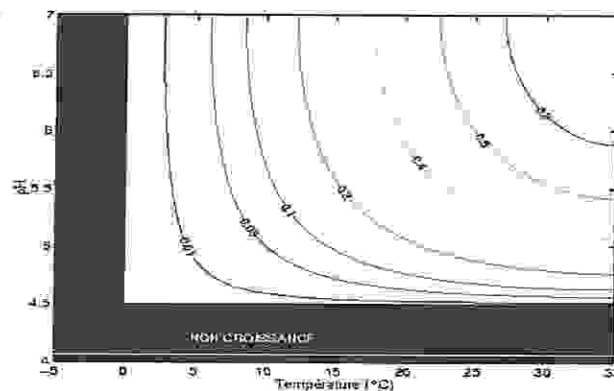


Figure 4 : Courbes d'isoreponse de μ_{max} d'après le modèle cardinal CTPM en fonction de la température et du pH (Augustin et al., 2000).

Les paramètres du modèle utilisés pour la simulation sont : $\mu_{opt} = 1 \text{ h}^{-1}$; $T_{min} = 0^\circ\text{C}$; $T_{opt} = 35^\circ\text{C}$; $T_{max} = 45^\circ\text{C}$; $pH_{min} = 4.5$; $pH_{opt} = 7$; $pH_{max} = 9.5$.

Les combinaisons des deux facteurs pour laquelle aucune croissance n'est prédite sont représentées par la surface sombre. Aucune croissance n'est prédite lorsque la température est inférieure à T_{min} ou lorsque le pH est inférieur à pH_{min} . Cette frontière entre les zones de croissance et de non croissance semble peu réaliste (Augustin et al., 2000). Les modèles modulaires tendraient donc à sous-estimer l'effet des interactions entre les facteurs environnementaux. La conséquence la plus importante est la surestimation du taux de croissance bactérien dans des conditions limites pour la croissance (Augustin et al., 2000). Afin de mieux appréhender l'effet des interactions sur la croissance de *L.monocytogenes*, Augustin et al. (2000) proposent une nouvelle utilisation du modèle cardinal (équation [1.28]) : les valeurs cardinales minimales ne sont plus constantes mais dépendent du niveau des autres facteurs. Ce modèle, pour l'effet combiné de la température, du pH et de l' aw (modèle CTPMI) s'écrit :

$$\mu_{max} = \mu_{opt} \gamma(p^H) \rho(T) \delta(aw) \quad [1.27]$$

Avec

$$p^H_{min} =$$

$$p^H_{opt} - (p^H_{opt} - p^H_{min}^0) \left(1 - \left(\frac{T_{opt} - T}{T_{opt} - T_{min}^0} \right)^3 - \left(\frac{aw_{opt} - aw}{aw_{opt} - aw_{min}^0} \right)^3 \right)^{\frac{1}{3}}$$

$$T_{min} = T_{opt} - (T_{opt} - T_{min}^0) \left(1 - \left(\frac{p^H_{opt} - p^H}{p^H_{opt} - p^H_{min}^0} \right)^3 - \left(\frac{aw_{opt} - aw}{aw_{opt} - aw_{min}^0} \right)^3 \right)^{\frac{1}{3}}$$

$$aw_{min} =$$

$$aw_{opt} - (aw_{opt} - aw_{min}^0) \left(1 - \left(\frac{p^H_{opt} - p^H}{p^H_{opt} - p^H_{min}^0} \right)^3 - \left(\frac{T_{opt} - T}{T_{opt} - T_{min}^0} \right)^3 \right)^{\frac{1}{3}}$$

T_{min}^0 est la température minimale de croissance lorsque le pH et l' aw sont optimaux

pH_{min}^0 est la température minimale de croissance à aw_{opt} et T_{opt} aw_{min}^0 est la température

minimale de croissance à pH_{opt} et T_{opt}

D'après le modèle, il n'y a pas croissance (μ_{max} est égal à 0) lorsque :

$$\left(\frac{T_{opt}-T}{T_{opt}-T_{min}^0}\right)^3 + \left(\frac{pH_{opt}-pH}{pH_{opt}-pH_{min}^0}\right)^3 + \left(\frac{aw_{opt}-aw}{aw_{opt}-aw_{min}^0}\right)^3 = 1 \quad [1.28]$$

La Figure 5 montre l'effet de la température et du pH sur la prédiction de l'évolution de μ_{max} par le modèle CTPMI. L'interface entre croissance et non croissance semble plus réaliste que pour le modèle cardinal classique (Augustin et al., 2000).

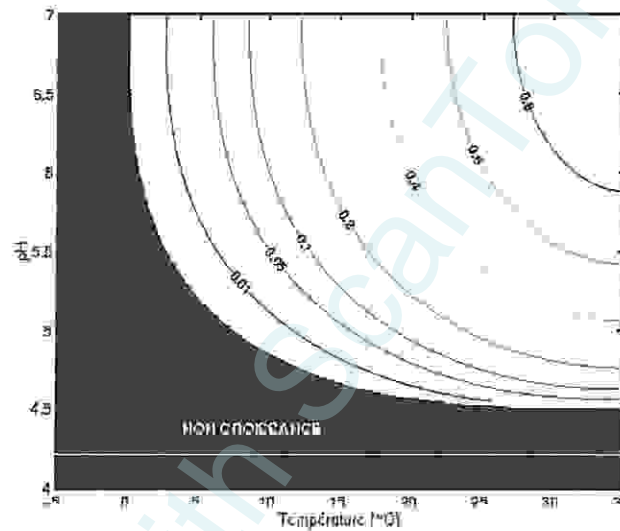


Figure 5 : Courbes d'isoréponse de μ_{max} d'après le modèle CTPMI en fonction de la température et du pH (Augustin et al., 2000).

Les paramètres utilisés pour la simulation sont : $\mu_{opt}=1 \text{ h}^{-1}$; $T_{0min}=0^\circ\text{C}$; $T_{opt}=35^\circ\text{C}$; $T_{max}=45^\circ\text{C}$; $pH_{0min}=4.5$; $pH_{opt}=7$; $pH_{max}=9.5$.

1.3.3.2.5. Modélisation de l'effet des acides organiques sur le taux de croissance :

Les modèles présentés jusqu'ici concernent les effets de la température, du pH et de l'activité de l'eau. En ce qui concerne l'effet des acides organiques, deux approches sont proposées dans la littérature pour décrire leur effet sur μ_{max} . La première approche est basée sur la description du taux de croissance en fonction des concentrations d'acide. Ainsi Presser et al. (1997) ont proposé le module [1.30] pour décrire l'effet de l'acide lactique non dissocié sur le taux de croissance d'E. Coli. Cette fonction est basée sur l'hypothèse de l'existence d'une concentration minimale d'acide non dissocié inhibant la croissance, notée CU :

$$\theta([AH]) = 1 - \frac{[AH]}{C_U} \quad [I.29]$$

Où $[AH]$: Est la concentration d'acide non dissocié.

C_U : est la concentration minimale d'acide non dissocié inhibant la croissance.

La seconde approche a été proposée par Rosso (1997, 1995b). Elle est différente de la précédente dans la mesure où le modèle développé ne fait pas intervenir directement les concentrations d'acide : il est basé sur la description du pH minimal de croissance (lorsque le pH est contrôlé par ajout d'acide faible) en fonction de la nature de l'acide.

Le modèle proposé relie le pH minimum de croissance à la nature de l'acide impliqué, en choisissant le pKa pour caractériser l'acide. Il a été développé à partir des observations suivantes :

- En dessous d'une valeur seuil de pKa notée pKa^0 , pH_{min} est constant et égal à une valeur minimale, notée pH_{0min} .
- Pour des valeurs supérieures à pKa^0 , pH_{min} augmente en suivant une évolution de type polynomiale du second degré.

Compte tenu de ces observations, le modèle s'écrit sous la forme :

$$\begin{cases} pKa < pKa^0, & pH_{min} = pH_{0min} \\ pKa \geq pKa^0, & pH_{min} = k(pKa - pKa^0)^2 + pH_{0min} \end{cases} \quad [I.30]$$

Où pH_{0min} : est le pH minimal de croissance en présence d'acide fort pKa^0 est la valeur seuil de pKa en dessous de laquelle pH_{min} est constant

Un exemple d'ajustement du modèle [I.30] proposé par Rosso (1995b) pour *L. monocytogenes* est présenté (Fig. 6).

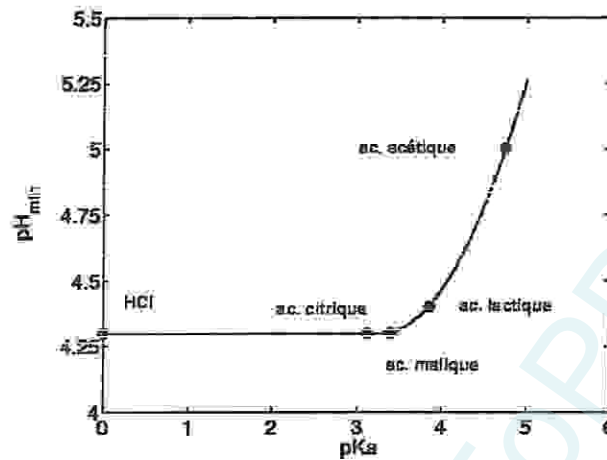


Figure 6 : Evolution du pH_{\min} de *L. monocytogenes* ajustée par le modèle [I.31] (Rosso, 1995).

La valeur prédite de pH_{\min} en fonction de l'acide majoritaire dans le milieu est alors introduite dans le module CPM du modèle cardinal (équation [I.22]). La technique d'évaluation du pH minimum consiste à étudier les aptitudes de croissance du microorganisme dans un milieu à des valeurs de pH de plus en plus faibles, par l'ajout d'une quantité croissante d'acide, jusqu'à que l'inhibition soit constatée. Pour Rosso et al. La valeur de pH_{\min} est liée à une concentration critique en acide non dissocié inhibant la croissance. Ceci expliquerait que les pH minimaux observés pour les acides faibles prennent souvent une valeur voisine de $\text{pKa}+1$, qui correspond la limite supérieure de la zone tampon de l'acide. L'effet tampon de l'acide apparaissant, une solution à un pH plus faible nécessite un ajout proportionnellement plus important d'acide. Cette augmentation importante de la concentration d'acide associée à une diminution du pH provoque un afflux d'acide non dissocié dans le milieu, ce qui cause l'inhibition (Rosso, 1995b).

L'approche développée par L. Rosso est basée, comme le modèle [I.30] proposé par Presser et al. (1997), sur l'hypothèse d'une concentration critique d'acide non dissocié permettant l'inhibition. L'inconvénient du modèle [I.31] vient du fait que les valeurs du pH_{\min} dépendent du pouvoir tampon du milieu et peuvent donc varier d'un milieu à l'autre (Rosso, 1995b).

1.3.3.2.6. L'« anomalie Listeria » :

Les modèles modulaires présentés dans les paragraphes précédents sont théoriquement valables pour l'essentiel des espèces bactériennes. Augustin et al. (2000) ont certes

développé leur modèle d'interaction pour *Listeria monocytogenes*, mais les auteurs estiment possible de développer la même approche pour d'autres bactéries.

Tous ces modèles sont donc en théorie utilisables pour *Listeria*. Cependant certains auteurs (Rosso, 1995b; Bajard, 1996a) ont mis en évidence la non conformité du comportement de certaines souches de *Listeria* aux basses températures.

Pour la plupart des bactéries, il a été constaté que la racine carrée du taux de croissance variait linéairement en fonction de la température dans la majeure partie de la zone de température suboptimale. Cette constatation expérimentale est à la base des modèles de température proposés dans la littérature. Cependant pour certaines souches de *Listeria*, la relation $\sqrt{\mu_{\max}}$ température suboptimale n'est pas linéaire : une température de cassure apparaît entre 10 et 15°C (Fig. 7).

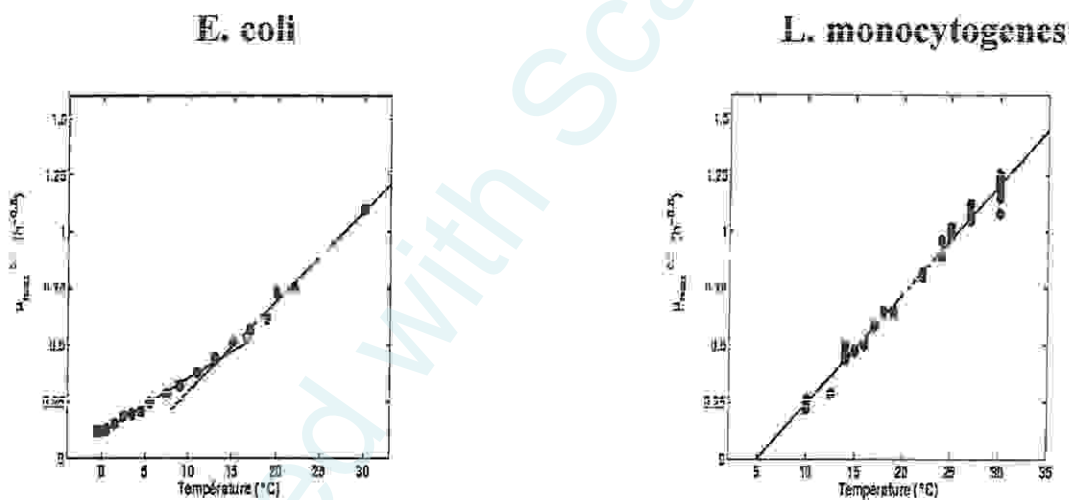


Figure 7 : Représentation en racine carrée de la relation μ_{\max} - température pour Escherichia. Coli et Listeria monocytogenes. Dans le cas de Listeria, une cassure de pente est visible entre 10 et 15°C (Bajard, 1996).

D'un point de vue mathématique, l'utilisation des modèles classiques (Modèle cardinal CTM, modèle de type Belehradek) entraîne une autocorrélation des résidus et une sous-estimation des taux de croissance aux basses températures (Bajard, 1996b). Pour décrire ce comportement particulier dans la zone suboptimale, Sandrine Bajard a développé un modèle appelé CSC (« Continuous Slope Change ») valable dans la zone suboptimale de croissance :

$$\mu_{\max} = \mu_c n_{\text{Listeria}}(T) \quad [I.31]$$

Avec

$$n_{\text{Listeria}}(T) = \left\{ \frac{T - T_{\min}}{T_c - T_1} + \frac{T_1 - T_{\min}}{(T_c - T_1)(T_c - T_{\min})} (1 + \exp(T_{\min} - T_c)) \ln \left[\frac{1 + \exp(T_c - T)}{1 + \exp(T_c - T_{\min})} \right] \right\}^2$$

L'interprétation des paramètres du modèle CSC apparaît explicitement sur la Figure 8. T_c est la température de rupture de pente et T_1 l'intersection de la première partie linéaire avec l'axe des abscisses. En fait, T_1 représente la température minimale que l'on obtiendrait si l'ajustement était réalisé pour les températures supérieures à la température de rupture. μ_c est la valeur du taux de croissance à la température T_c .

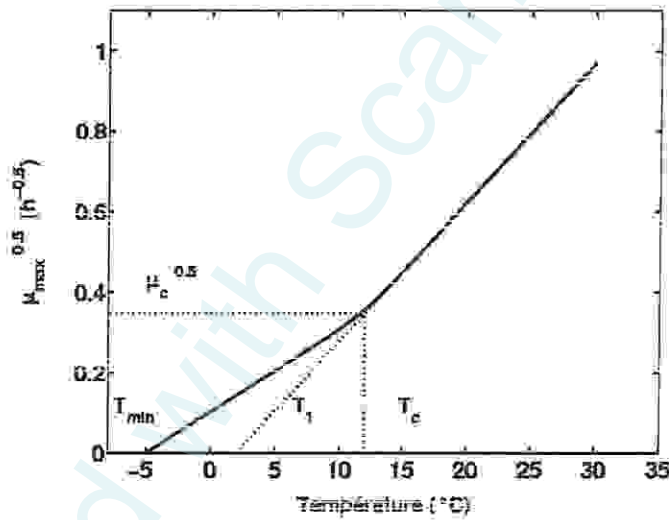


Figure 8 : Courbe théorique du modèle CSC en représentation racine carrée et interprétation graphique des paramètres. Les valeurs utilisées pour la simulation sont : $\mu_c = 0.15 \text{ h}^{-1}$; $T_{\min} = -5^\circ\text{C}$; $T_1 = 2^\circ\text{C}$; $T_c = 12^\circ\text{C}$ (Yvan, 2001).

Ce modèle a été utilisé avec succès pour prédire le taux de croissance de *Listeria* aux basses températures (Bajard, 1996b). Cependant, il ne permet pas la description du comportement de *Listeria* dans toute la zone de croissance.

1.4. Modèles probabilistes :

Des modèles probabilistes ont récemment été développés pour décrire l'interface croissance/ non croissance. Cette méthode a notamment été développée par les équipes australiennes (Ratkowsky et Ross, 1995 ; Presser et al., 1998 ; Tienungoon et al., 2000).

Le modèle de probabilité de croissance se construit généralement à partir d'un modèle de croissance de type modulaire. Les variables explicatives du modèle probabiliste sont les composantes linéarisées du modèle de croissance (Ratkowsky et Ross, 1995). La démarche est basée sur l'hypothèse d'une similitude entre la topographie séparant la croissance et le non croissance d'une part et la topographie entre deux taux de croissance d'autre part.

Ratkowsky et Ross (1995) proposent ainsi le modèle de croissance suivant pour décrire les effets du pH, de la température et du nitrite de sodium sur *Shigella flexneri* sur la racine carrée de μ_{max} :

$$\sqrt{\mu_{max}} = b(T - T_{min}) \sqrt{(p^H - p^H_{min})} \sqrt{(aw - aw_{min})} \sqrt{(NO_2_{max} - NO_2)} \quad [I.32]$$

Où NO_2 : est la concentration de nitrite de sodium

NO_2_{max} : est la concentration minimale inhibitrice de NO_2

Selon ces auteurs, un modèle de probabilité de croissance peut être déduit en prenant le logarithme de l'équation [I.32] et en remplaçant $\ln(\mu_{max})$ par $\text{logit}(p) = \ln(p/(1-p))$. Les paramètres du modèle sont les coefficients affectés à chaque composante de l'équation obtenue.

$$\text{logit}(p) = a_0 + a_1 \ln(T - T_{min}) + a_2 \ln(p^H - p^H_{min}) + a_3 \ln(aw - aw_{min}) + a_4 \ln(NO_2_{max} - NO_2) \quad [I.33]$$

où $(a_i)_{i=0, \dots, 4}$ sont des coefficients de régression

Les paramètres du modèle (a_0, \dots, a_4) sont ajustés aux observations expérimentales (croissance ou non croissance). Cette approche aide à délimiter les zones qui vont permettre d'assurer la sécurité microbiologique des aliments. Elle présente le désavantage de requérir un nombre important d'expériences afin d'estimer ces nouveaux paramètres.

Presser et al. (1998) et Tienungoon et al. (2000) ont remarqué le caractère abrupt de la frontière séparant la croissance du non croissance. En particulier, ils ont observé une très faible proportion de conditions expérimentales pour lesquelles seules certaines répétitions donnaient lieu à une croissance ou à un non croissance. Dans ces conditions, le choix d'une approche probabiliste (probabilité de croissance d'une population microbienne, $0 < p < 1$) par rapport à une approche déterministe comme celle développée par Augustin et al. (1999, 2000) Avec le modèle CTPMI (croissance : $\mu_{max} > 0$ ou non croissance : $\mu_{max} = 0$) n'est pas forcément convaincante.

Tableau 1. Modèles primaires et secondaires publiés (Jean-Christophe, 1999) :

Modèles primaires		$\ln x(t) = f(t, \Theta_1) + \varepsilon_t$
exponentiel	éq. [I.1.1]	$f(t) = \begin{cases} \ln x_0 & t \leq lag \\ \ln x_0 + \mu_{max} \cdot (t - lag) & t > lag \end{cases}$
Gompertz	éq. [I.1.2]	$f(t) = \ln x_0 - A \cdot \exp\left(-\exp\left(\frac{\mu_{max} \cdot e}{A} \cdot (lag - t) + 1\right)\right)$
logistique	éq. [I.1.3]	$f(t) = \ln x_0 + \frac{A}{1 + \exp\left(\frac{A \cdot \mu_{max}}{A} \cdot (lag - t) + 2\right)}$
Baranyi	éq. [I.1.4b]	$f(t) = \ln x_0 + \mu_{max} \cdot S(t) - \ln\left(1 + \frac{\exp(\mu_{max} \cdot A(t)) - 1}{\frac{N_{max}}{x_0}}\right)$ $A(t) = t + \frac{1}{\mu_{max}} \cdot \ln\left(\exp(-\mu_{max} \cdot t) + \exp(-\mu_{max} \cdot lag) - \exp(-\mu_{max} \cdot t - \mu_{max} \cdot lag)\right)$
logistique avec délai et rupture	éq. [I.1.5]	$f(t) = \begin{cases} \ln x_0 & t \leq lag \\ \ln N_{max} - \ln\left(1 + \left(\frac{N_{max}}{x_0} - 1\right) \cdot \exp(-\mu_{max} \cdot (t - lag))\right) & t > lag \end{cases}$
Modèles secondaires		$\sqrt{\mu_{max}} = g(e_1, \Theta_2) + \varepsilon_i$
racine carrée	éq. [I.1.6]	$g(T) = \begin{cases} 0 & T \leq T_{min} \\ b \cdot (T - T_{min}) & T > T_{min} \end{cases}$
cardinaux	éq. [I.1.7a]	$g(X) = \sqrt{\mu_{opt}(X) \cdot CM_n(X)}$ $CM_n(X) = \frac{(X - X_{min}) \cdot (X - X_{max})^n}{\mu_{opt} \cdot (X_{opt} - X_{min})^2 \cdot [(X_{opt} - X_{min}) \cdot (X - X_{opt}) - (X_{opt} - X_{max}) \cdot (X - X_{max})] \cdot ((n-1) \cdot X_{opt} + X_{min} + X_{max})}$
	éq. [I.1.9]	$\ln(\mu_{max} \cdot lag) = \ln K$

Chapitre II

Les banques des données

Produced with ScanTopDF

2. les banques de données :

La systématisation de cette modélisation a permis aux fournisseurs des banques de données et des logiciels de simulation de faciliter cette modélisation aux utilisateurs. Il s'agit de logiciel de simulation intégrant les paramètres maîtrisables en industrie ou en atelier (Alin *et al.*, 2007).

La base de données, élément central du système, réunira l'ensemble des informations concernant non seulement les micro-organismes (les flores pathogènes en premier lieu, puis les flores d'altération des produits), mais également les procédés de fabrication, les conditions de conservation de transport des produits et les produits eux-mêmes. C'est cet ensemble de données « microflore-procédé-produit » qui constituera « la base » de tous les calculs prévisionnels [22].

Voici quelques exemples parmi les bases de données existantes : sym'previus (France), combase predictor (USA) (www.combase.cc/predictor.html), seafood Spoilage and safety predictor (SSSP) (Danemark) (www.dfumin.dk/micro/sssp) (Alin *et al.*, 2007).

Le logiciel d'accès, via Internet, permettra la consultation en ligne de la base et la réalisation de simulations à partir des données issues de la base ou directement entrées par l'utilisateur. A ce jour, plusieurs outils étaient à la disposition des professionnels de l'agro-alimentaire :

- ❑ le logiciel **Food Micromodel**, mis au point au Royaume-Uni et largement commercialisé mais fondé sur un type de modélisation considéré aujourd'hui comme dépassé.
- ❑ le **Pathogen Modelling Programme (PMP)**, diffusé par la FDA, de même type que le précédent mais fournissant des intervalles de confiance des prévisions
- ❑ le système **Dyn@card**, développé par Danone, et fondé sur le modèle « cardinal » de prévision [22].

2.1. La base de données Sym'previus :

2.1.1. Définition La base de données Sym'previus :

Un système, étudié par Laurent Rosso et considéré par les spécialistes comme le meilleur existant, qui a été retenu. Conçu pour être utilisé au sein d'une entreprise pour le suivi des procédés de fabrication, il préfigurait, à une échelle réduite, ce à quoi est destiné PREVIUS : fournir des réponses concrètes aux questions des professionnels sur le développement des germes dans les aliments, sur la base de la connaissance des germes, des procédés et des produits. Conçu pour suivre un nombre relativement réduit de produits, le système devait subir une évolution afin de pouvoir traiter les besoins les plus larges possibles, en termes de famille d'utilisateurs comme de produits [22].

Le développement de ce logiciel a été réalisé au sein d'un groupement d'intérêt scientifique regroupant les Ministères en charge de l'Agriculture et de la Recherche, des centres techniques agro-alimentaires regroupés au sein de l'ACTIA (ADRIA, CTSCCV, IP Lille, ITFF), des organismes publics de recherche (ENVA, INRA) et des industriels membres de l'association UNIR (Bel, Bongrain, Danone, Pernod Ricard). Ce logiciel est accessible aux entreprises agro-alimentaires extérieures au GIS depuis le début de l'année 2005 et leur permet donc d'évaluer quantitativement le comportement de micro-organismes dans leurs produits (Jean-Christophe, 2005).

Les perspectives d'utilisation :

- ❖ **Connections via Internet (www.previous.com),**
- ❖ **par téléphone +33(0) 2 98 10 18 80**



Figure 9 : la plate forme du projet sym'previus (Jean-Christophe, 2005)

2.1.2. Objectif de Sym'previus :

L'objectif du projet sym'previus est l'élaborer une expertise en microbiologie des aliments afin de créer un outil interactif de prévision, à l'usage des industriels de l'agroalimentaire et de leur partenaire. Le système sym'previus fournira à ses utilisateurs des réponses concrètes concernant l'évaluation des micro-organismes pathogènes dans les aliments en cas de contamination. Sym'previus sera composé de 3 principaux :

- ❖ Une base de données (contenant des données sur les aliments, les procédés de transformation et les micro-organismes pathogènes)
- ❖ Des modèles mathématiques de microbiologie prévisionnelle (modèle de croissance, de survie et de décroissance de micro-organisme)
- ❖ Un logiciel convivial permettant d'accéder au système via internet, d'interroger la base de données à l'aide d'un module spécifique, et de réaliser des simulations à partir de données utilisateur [22].

Ensemble d'outils d'aide à l'expertise en sécurité des aliments, Sym'Previus est conçu pour les professionnels de l'alimentation pour :

- Renforcer les plans HACCP.
- Développer de nouveaux produits.

- Mieux comprendre et quantifier le comportement microbien.
- Déterminer les durées de vie et produire des aliments plus sûrs.

Sym'Previus est un outil en évolution permanente, avec un enrichissement de la base de données et des outils de simulation au travers de la participation à des programmes de recherche nationaux et européens.

C'est un outil fiable répondant aux exigences des **règlements européens (EC) n° 2073/2005 et n°1441/2007** concernant les critères microbiologiques applicables aux denrées alimentaires.

2.1.3. Les implications internationales :

- Faire reconnaître SYM'PREVIUS au niveau international
- Collaborer avec d'autres équipes, Européennes ou non, notamment sur les bases de données
- Système bilingue Français / Anglais
- Communiquer

2.1.4. Accès logiciels :

Sym'Previus propose un ensemble d'outils d'aide à l'expertise basés sur la microbiologie prévisionnelle. Ces outils sont accessibles en ligne, sur simple abonnement auprès de la cellule opérationnelle [1].

La complémentarité de ces modules ouvre de nombreuses possibilités de simulations :

- ✓ **Le module probabiiste.**
- ✓ **L'ajustement de courbes de croissance.**
- ✓ **Les interfaces croissance / non croissance.**
- ✓ **La base de données.**



Figure 10 : Ecrans de présentation et de simulation de l'accès logiciel

SYM'PREVIUS [1].

2.1.4.1. Le module probabiliste :

Evaluer l'exposition du consommateur aux dangers microbien au cours de la durée de vie du produit. Cette approche intègre les variabilités spécifiques du produit et du site de production, donnant ainsi une réponse personnalisée.

Le module probabiliste simule l'évolution d'une contamination microbienne tout au long de la durée de vie de l'aliment, en indiquant la probabilité de dépasser un seuil critique à différentes étapes de la durée de vie. Cette probabilité intègre les résultats des autocontrôles, les variabilités inhérentes à l'espèce bactérienne, au produit alimentaire et aux procédés pour donner une réponse personnalisée, adaptée au produit et au site de production [10].

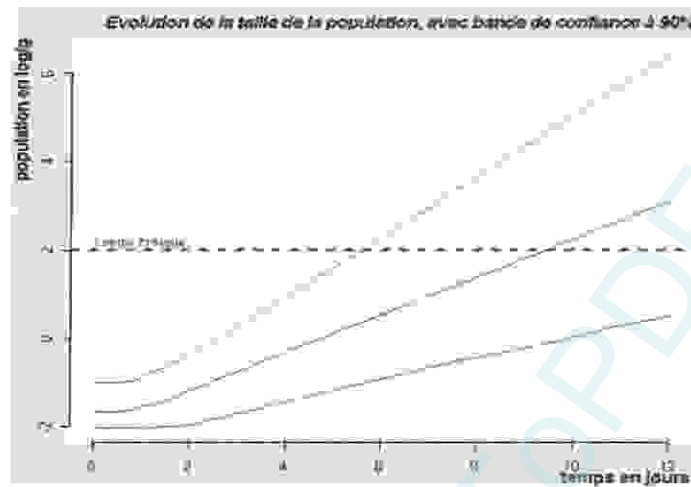


Figure 11 : Simulation de croissance (en bleu) avec bande de confiance à 90% (en rouge) [10].

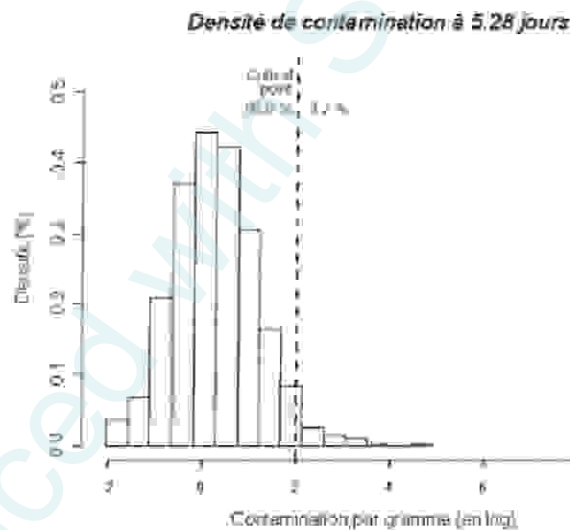


Figure 12 : Densité de contamination après 5.28 jours de stockage. Compte tenu des variabilités entrées par l'utilisateur, la probabilité d'atteindre le seuil critique de 2 log est de 3.2% [10].

2.1.4.2. L'ajustement de courbes de croissance :

Ajuster un modèle de croissance sur un jeu de données expérimental. Ce module calcule les paramètres caractéristiques de votre aliment. Ces paramètres sont ensuite utilisés dans les simulations pour mieux prendre en compte votre produit. L'ajustement d'un modèle de croissance sur un jeu de données expérimentales (test de

croissance) permet de déterminer les paramètres suivants : **taux de croissance maximal** (μ_{max}), **temps de latence (lag)**, **nombre de bactérie initial** (N_0) et **maximal** (N_{max}). A partir des caractéristiques du micro-organisme intégrées au logiciel, et des conditions dans lesquelles ont été obtenues cette cinétique, le logiciel calcule automatiquement les paramètres caractéristiques de l'aliment. Réutilisés dans le module de simulation, ces paramètres permettront de prendre en compte votre aliment dans des simulations de croissance dans de nouvelles conditions (profils de température variable, pH d'un autre lot de produits, etc...) [8].

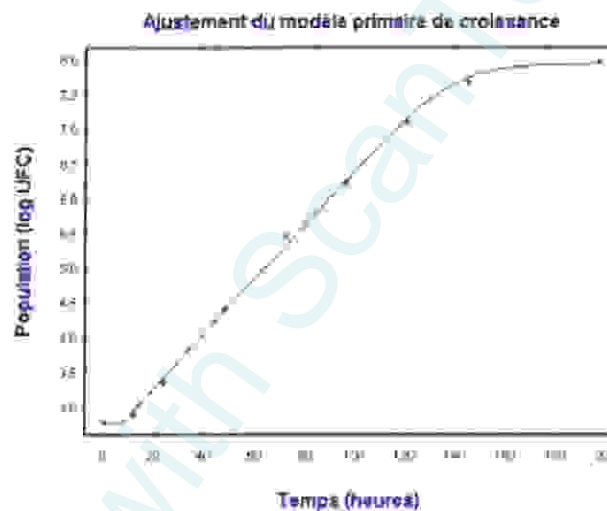


Figure 13: Représentation de l'ajustement du modèle de croissance sur un jeu de données expérimentales [8].

2.1.4.3. Les interfaces croissance / non croissance :

Le module d'interface calcule les combinaisons de facteurs environnementaux (température, pH, activité de l'eau, acide lactique) qui marquent la limite entre la croissance et le non-croissance d'une espèce bactérienne.

Le résultat des simulations est donné sous forme de graphique représentant 3 courbes d'iso-probabilité de croissance (10, 50 et 90%) [17].

Applications :

- Pour évaluer si tel pathogène est capable de se développer sur mon produit,
- Pour mesurer les conséquences d'un changement de formulation (ex : réduction de la teneur en sel),
- Pour optimiser la formulation (pH, aw), ou la température de stockage
- Pour développer de nouveaux produits plus sûrs.

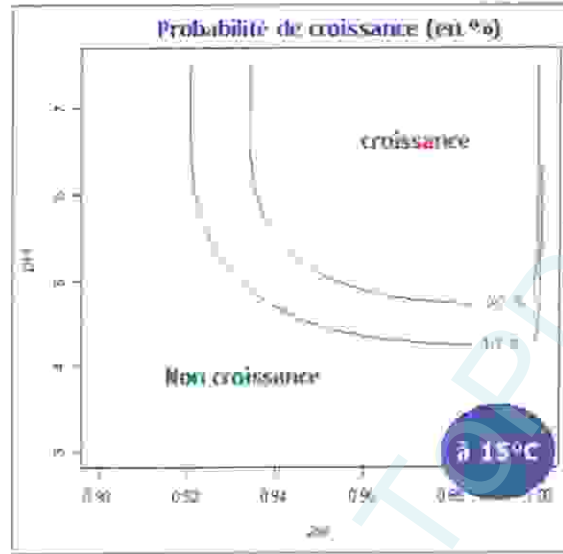


Figure 14 : les simulations (Température, pH, activité de l'eau et acide lactique.)[17].

2.1.4.4. La base de données :

Cette base contient des cinétiques de croissance, de décroissance ou de destructions thermiques obtenues sur des aliments pour les principaux microorganismes pathogènes. La base de données contient des courbes de croissance, de décroissance ou de destructions thermiques obtenues sur aliments pour les principaux microorganismes pathogènes. Les informations saisies sont essentiellement bibliographiques, mais s'enrichissent progressivement de données issues de programmes de recherches nationaux ou internationaux.

Cette base est accessible à l'aide d'un module d'interrogation permettant des requêtes structurées, selon l'aliment, le microorganisme et le facteur étudié. Les résultats sont présentés sous forme de graphiques ou de tableaux de valeurs directement enregistrables au format Excel [5].

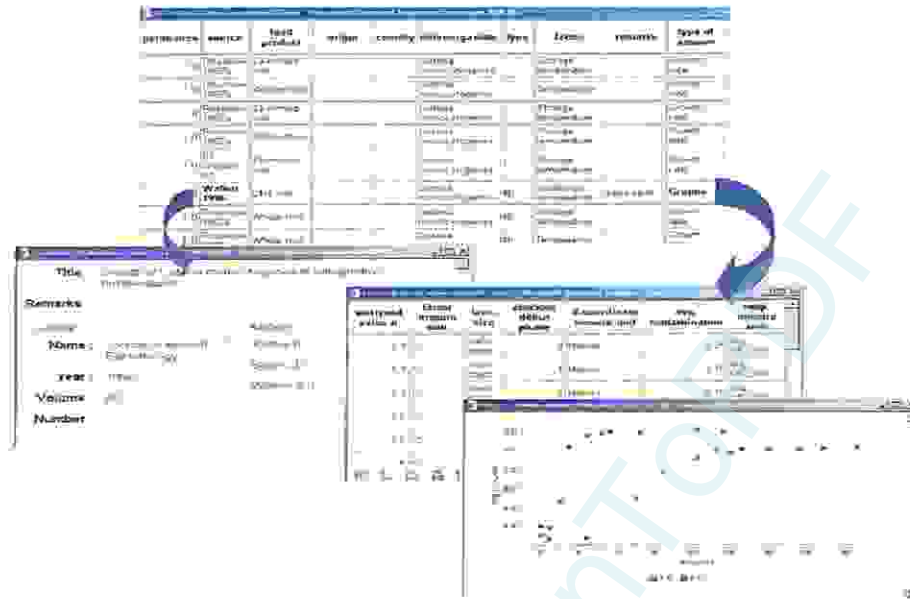


Figure15 : la base de données [5].

2.2. Logiciel PMP (Pathogen Modelling Program):

L'ARS pathogènes programme de modélisation (LTM', <http://www.arserrc.gov/infs/pathogen.htm>) est un progiciel de modèles microbiens et un produit de recherche de la sécurité alimentaire microbienne Unité de recherche (MFS), qui est de répondre aux besoins des clients ARS au sein du gouvernement, l'industrie et les universités [12].

Le PMP contient des modèles qui permettent aux utilisateurs de prévoir la formulation des aliments, la transformation et la manutention des conditions qui contrôlent la croissance, la survie et la mort de plusieurs bactéries pathogènes d'origine alimentaire.

ComBase (www.combase.cc), un projet de collaboration de l'Agricultural Research Service de l'USDA, l'Est de la recherche régionale Centre, UK Institute of Food Research et l'Australien Centre de la sécurité alimentaire d'excellence. Il contient plus de 35.000 ensembles de données qui décrivent la croissance, la survie et l'inactivation des bactéries dans des environnements divers pertinents pour les activités de transformation des aliments.

Cet outil apporte de grandes quantités de données aux gestionnaires de la sécurité alimentaire et l'évaluation des risques pour estimer le devenir des bactéries dans divers types d'aliments.



Figure 16 : Écrans de présentation et de simulation de l'accès logiciel version 6 (Sanaa, 2002)

2.2.1. L'Objectifs d'utilisation :

La modélisation microbienne et bioinformatique pour la sécurité alimentaire. L'équipe de recherche se penche sur ce qui suit haute thèmes de recherche prioritaires:

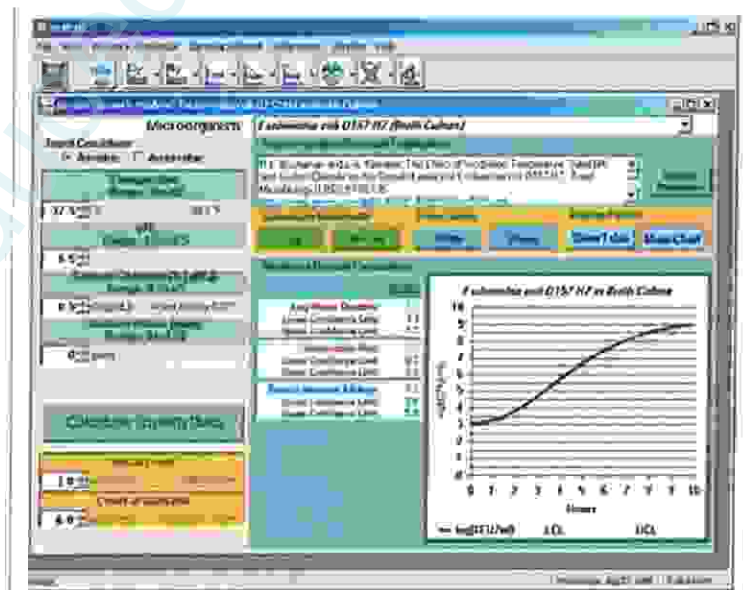


Figure 17 : Interface du logiciel version 7 [19].

- ❑ Le développement et la validation de nouveaux modèles de prévision pour estimer les réponses des agents pathogènes microbiens dans les matrices alimentaires sélectionner, en fonction de la formulation des aliments, de la flore compétitive, l'inactivation thermique, et les opérations unitaires processus.
- ❑ De nouvelles mesures et l'objectif Produire pour évaluer la performance et la robustesse du modèle.
- ❑ Déterminer les stratégies qui peuvent être utilisés pour réduire l'incertitude de la prévision des temps de latence des bactéries.

Le **PMP** est téléchargé à partir du site Web de **MFS** par plus de 5000 utilisateurs dans de nombreux pays. Ces modèles prédictifs également comblé d'importantes lacunes dans les connaissances d'évaluation des risques, produisant ainsi des estimations plus précises des risques d'origine alimentaire. Les initiatives actuelles comprennent également l'amélioration de la **PMP** et logiciels **ComBase** afin qu'ils puissent mieux aider les très petites entreprises alimentaires et des petites Règlement sur les aliments de réunion et des normes de performance [19].

Chapitre III

Les domaines d'applications de la MP

Produced with ScanTOPDF

3. Les domaines d'application de la MP :

La durée de vie microbiologique est souvent fixée en tenant compte d'un seuil de micro-organismes acceptable, qui correspond à une concentration au-dessus de laquelle le produit est considéré, soit comme préjudiciable à la santé, soit comme impropre à la consommation. Plusieurs seuils peuvent être définis, pour chacun des micro-organismes cibles identifiés. Dans des conditions raisonnablement prévisibles de conservation, le dépassement de ces seuils avant la fin de la durée de vie microbiologique peut révéler une durée de vie trop longue ou des insuffisances dans le **plan de maîtrise sanitaire (PMS)** de l'établissement concerné. Selon les cas, la sélection des matières premières, la mise en application des **bonnes pratiques d'hygiène (BPH)**, et des procédures fondées sur les principes **HACCP**, ou des déviations ponctuelles des éléments de maîtrise peuvent en être la cause. Il convient alors, de façon prioritaire à la conduite d'études de **durée de vie (DLC, DLUO)**, de mettre en place des actions correctives pour remédier à ces insuffisances. Il est effet indispensable, avant de déterminer une durée de vie, que le professionnel ait défini et mis en place les mesures de maîtrise de l'hygiène [14].

3.1. Plan de maîtrise sanitaire (PMS) :

Le plan de maîtrise sanitaire (PMS) est un outil mis au point par les Autorités pour garantir la sécurité sanitaire des aliments remis aux consommateurs en application du règlement CE 178/2002 et des textes du paquet hygiène [20].

Il comprend les éléments nécessaires à la mise en place et les preuves de l'application :

- des Bonnes Pratiques d'Hygiène (BPH)
- du plan HACCP
- de la gestion des produits non conformes (procédure de retrait/rappel)
- de la mise en place d'un système de traçabilité.

On retrouve une définition du Plan de Maîtrise Sanitaire dans l'arrêté ministériel du **08 juin 2006 relatif à l'agrément des établissements** mettant sur le marché des produits d'origine animale ou des denrées contenant des produits d'origine animale [13].

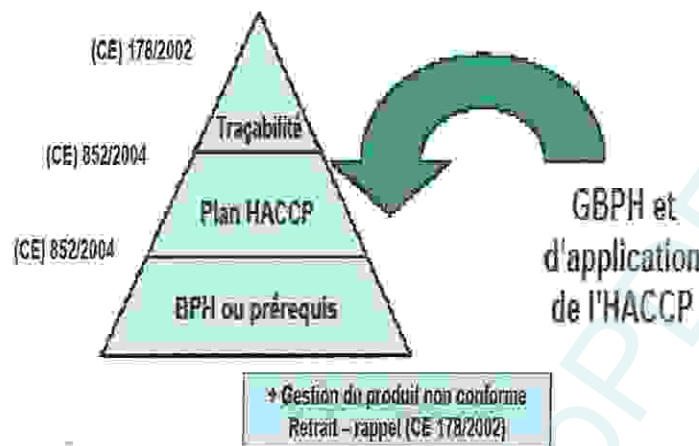


Figure 18 : Plan de Maitrise Sanitaire [9].

3.1.1. Les Bonnes Pratiques d'Hygiène :

Les Bonnes Pratiques d'Hygiène représentent les mesures de maîtrise de base prises par les professionnels pour assurer l'hygiène des aliments, c'est à dire la sécurité et la salubrité des aliments [13].

Les BPH sont encore appelées pré-requis ou programmes préalables selon le Codex Alimentaires.

L'efficacité du PMS repose sur la cohérence entre ses différents constituants, notamment les interactions BPH/HACCP.

Parmi les BPH, on retrouve les éléments concernant:

- le personnel
- la maintenance des matériels et locaux
- les procédures et instructions de travail (plan de nettoyage et désinfection, gestion des déchets...)
- le plan de lutte contre les nuisibles
- l'approvisionnement en eau,
- la maîtrise des températures.
- le contrôle à réception et expédition.

La formation aux **BPH** est rendue obligatoire par le règlement européen 852/2004 [13].

3.1.2. Plan HACCP :

3.1.2.1. Définition :

Hazard Analysis Critical Control Point = Analyse des dangers - points critiques pour leur maîtrise

L'**HACCP** est avant tout une méthode, un outil de travail, mais n'est pas Une norme. Est un document descriptif, élaboré par consensus et approuvé par un organisme de normalisation reconnu (**ISO**). L'origine de l'**HACCP** prouve qu'il ne s'agit pas d'une norme.

L'**HACCP** c'est donc un système qui identifie, évalue et maîtrise les dangers significatifs au regard de la sécurité des aliments. La mise en place et la formation à l'**HACCP** ont été rendues obligatoires par le règlement européen 852/2004.

Basée sur 7 principes, la mise en place de l'**HACCP** se fait en suivant une séquence logique de 12 étapes, dont l'analyse des dangers et la détermination des points critiques pour leur maîtrise [4]

L'**HACCP** s'intéresse aux 3 classes de dangers pour l'hygiène des aliments:

- les dangers biologiques (virus, bactéries...)
- les dangers chimiques (pesticides, additifs...)
- les dangers physiques (bois, verre...).

3.1.2.2. Les 7 principes :

- Procéder à une analyse des dangers.
- Déterminer les points critiques pour la maîtrise (**CCP**).
- Fixer le ou les seuil(s) critique (s).
- Mettre en place un système de surveillance permettant de maîtriser les **CCP**.
- Déterminer les mesures correctives à prendre lorsque la surveillance révèle qu'un **CCP** donné n'est pas maîtrisé.
- Appliquer des procédures de vérification afin de confirmer que le système **HACCP** fonctionne efficacement.

- Constituer un dossier dans lequel figurera toutes les procédures et tous les relevés concernant ces principes et leur mise en application [4].

3.1.3. Traçabilité :

Pour garantir la sécurité sanitaire des denrées alimentaires, il convient d'assurer la **chaîne d'information** sur l'ensemble de la chaîne alimentaire. C'est pourquoi le Plan de Maîtrise Sanitaire comprend un dernier étage de précision, celui relatif à la **traçabilité et la gestion des produits non-conformes** [23].

Le **PMS** doit décrire les éléments mis en place par l'établissement afin d'assurer la **traçabilité descendante**, des fournisseurs aux clients, et la **traçabilité montante**, des clients aux fournisseurs. La traçabilité est une obligation légale présentée dans le règlement européen 178/2002 de 28 janvier 2002.

De même, il convient de mettre en place des procédures de gestion des produits non conformes, notamment des procédures de **rappel, retrait et notification** aux autorités.

3.1.4. Agrément sanitaire :

La **mise sur le marché de denrées animales ou de produits contenant des denrées animales** peut être soumise à l'obtention d'un **agrément sanitaire**.

Issue du **règlement européen 853/2004**, cette obligation a été précisée dans un arrêté ministériel français, celui du **8 juin 2006**.

Cet arrêté oblige les professionnels rentrant dans son cadre à obtenir un **agrément sanitaire**, essentiellement constitué du **PMS**.

Cette obligation concerne les **activités nouvellement créées**, certaines **activités nouvellement soumises** à agrément mais également les professionnels possédant déjà un **agrément**, celui-ci devant être mis à jour **avant le 8 août 2008** [20].

3.2. La Durée de Vie Microbiologique des Aliments :

La durée de vie d'un aliment est définie comme la période durant laquelle un produit répond à des spécifications en termes de sécurité (innocuité) et de salubrité (absence

d'altération), dans les conditions prévues de stockage et d'utilisation, y compris par le consommateur. La durée de vie détermine la date de durabilité, exprimée par une **DLC** (date limite de consommation) ou une **DLUO** (date limite d'utilisation optimale) [7]

3.2.1. Date limite de consommation (DLC) :

Selon la directive 2000/13/CE (repris dans le code de la consommation, articles R112-9 et R112-22), les **DLC** sont fixées pour les **denrées microbiologiquement très périssables** « susceptibles de présenter, après une **courte période**, un **danger immédiat** pour la santé des consommateurs ».

Dans les termes du règlement (CE) n178/2002, ceci signifie que l'aliment pourrait **devenir préjudiciable à la santé quand la DLC est dépassée** de quelques heures, quelques jours, voire quelques semaines, selon le danger, l'aliment et la température d'entreposage [7].

- Doivent être pris en compte les micro-organismes pathogènes qui peuvent se développer dans l'aliment pendant sa durée de vie et atteindre une concentration inacceptable. Il est dans tous les cas essentiel que les exploitants prennent en compte, sur la base de l'analyse des dangers faite dans le cadre de l'application des principes **HACCP**, le développement des micro-organismes pathogènes pouvant être présents dans les aliments, aussi bien du fait d'une contamination initiale que d'une re-contamination après un traitement assainissant.
- Des micro-organismes utilisés comme indicateurs d'hygiène des procédés et des micro-organismes d'altération sont aussi à considérer s'ils peuvent atteindre une **concentration élevée** pendant la durée de vie de l'aliment, dans les conditions raisonnablement prévisibles de conservation.

3.2.2. Date limite d'utilisation optimale (DLUO) :

L'article R112-22 du code de la consommation précise qu'une **DLUO** doit être définie pour les produits préemballés non visés par une **DLC**. Les **DLUO** sont associées à une relative stabilité microbiologique, concernant en particulier les micro-organismes pathogènes. Elles concernent généralement des produits à durée de vie longue, mais une durée de vie longue n'est pas obligatoirement synonyme de **DLUO**. Quand cette date est dépassée, des altérations organoleptiques sont susceptibles d'apparaître **sans rendre**

l'aliment préjudiciable à la santé. Un produit concerné par une **DLUO** ne doit pas permettre la croissance des micro-organismes pathogènes et/ou d'altération jusqu'à un niveau pouvant rendre l'aliment dangereux, dans les conditions raisonnablement prévisibles de conservation et d'utilisation préconisées. Il convient de s'assurer que des éléments sont disponibles pour justifier le choix d'une DLUO [7].

3.3. Analyse des risques microbiens :

La terminologie adoptée dans ce texte est celle du Codex Alimentarius Cornu et *al.* (2003,2005). Le terme "danger alimentaire" désigne un agent biologique, chimique ou physique (ici un microorganisme) susceptible d'être présent dans la denrée alimentaire considérée et d'avoir un effet néfaste sur le consommateur. Le terme "risque" intègre à la fois des informations sur la probabilité de l'effet néfaste et sur sa gravité, du fait de la présence d'un ou de plusieurs dangers dans un aliment.

L'analyse des risques (risk analysis) comprend la phase d'évaluation ou **appréciation des risques** (risk assessment), mais aussi les phases de **gestion des risques** (risk management) et de communication sur les risques (risk communication), Figure 20. La séparation fonctionnelle entre l'évaluation des risques et la gestion des risques permet de garantir l'impartialité du processus d'évaluations des risques. Cependant, certaines interactions sont nécessaires entre les évaluateurs et les gestionnaires des risques pour garantir une évaluation exhaustive des risques.

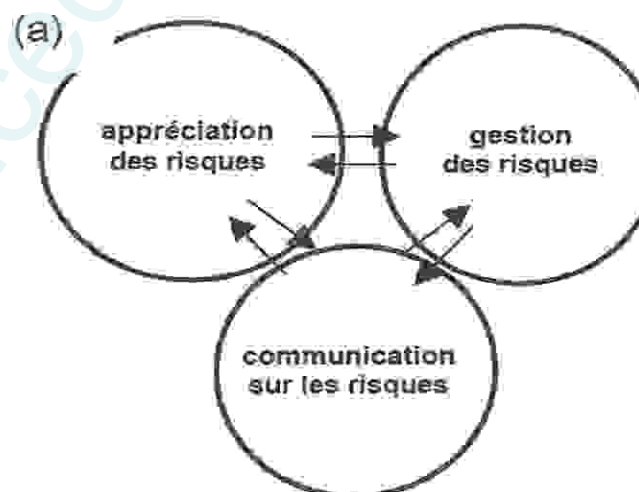


Figure 19 : Représentation schématique de l'analyse de risque [2].

Selon le même auteure, L'appréciation ou évaluation des risques, phase scientifique de l'analyse des risques, est elle même classiquement divisée en quatre parties, Figure20 identification des dangers (hazard identification), l'évaluation de l'exposition (exposure assessment), la caractérisation des dangers (hazard characterization) et la caractérisation des risques (risk characterization).

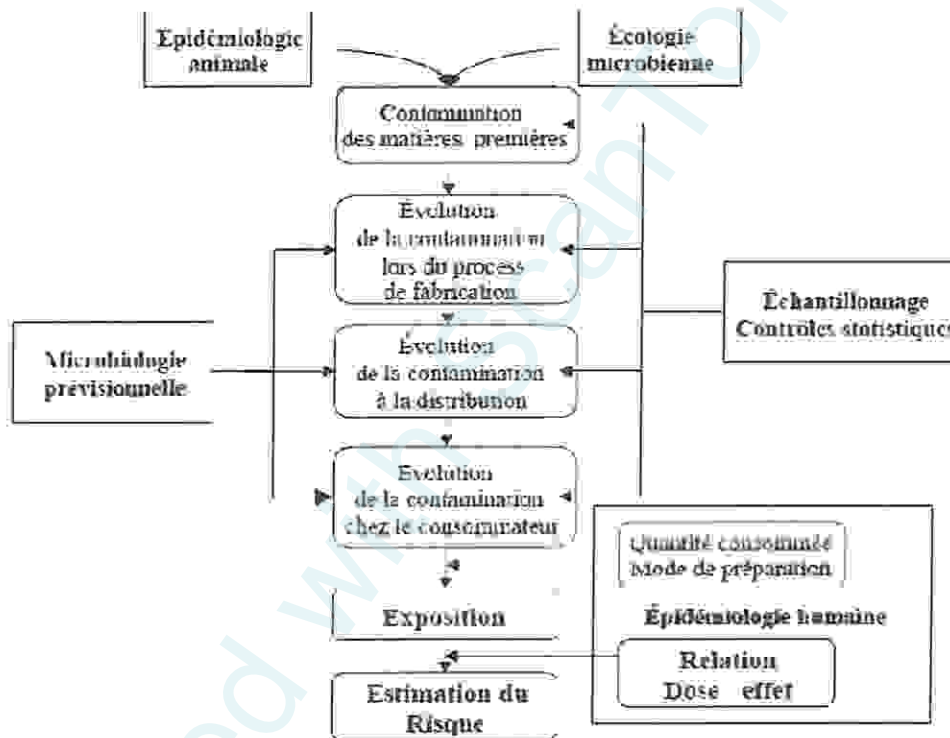


Figure 20 : Schéma général de l'appréciation du la MP [9].

- **L'identification des dangers** est une phase préalable d'étude du danger. Elle a pour but d'identifier les micro-organismes ou toxines en rapport avec les aliments. Cette identification est essentiellement un processus qualitatif. Les informations sur les dangers peuvent provenir de documentations scientifiques, de bases de données (industrie alimentaire, agences gouvernementales, organisations internationales), ainsi qu'en sollicitant des avis d'experts. Les informations pertinentes comprennent des données dans des domaines tels que : études cliniques, études et surveillance épidémiologiques, études sur les animaux en laboratoire, enquêtes sur les caractéristiques des micro-organismes, interaction entre les micro-organismes et

leur environnement ainsi que des études sur des micro-organismes et des situations analogues.

- **L'évaluation de l'exposition** détermine le niveau de présence des pathogènes ou des toxines microbiologiques (compte tenu des divers degrés d'incertitude) ainsi que la probabilité de leur apparition dans les aliments au moment de la consommation. L'évaluation de l'exposition doit donc décrire la chaîne alimentaire depuis un stade initial choisi par le modélisateur (production primaire, production secondaire, distribution) (MP) jusqu'à la consommation. La majorité des événements à modéliser dans ce processus peuvent être répertoriés en 6 catégories : croissance du danger (développement microbien), inactivation du danger (mortalité microbienne), mélange, partition, retrait (élimination de certaines unités) et (re)contamination [2].
- **La caractérisation des dangers** fournit une description qualitative ou quantitative de la gravité et de la durée des effets adverses pouvant résulter de l'ingestion d'un micro-organisme ou de ses toxines présents dans un aliment. Une évaluation de la relation dose-réponse devrait être effectuée si les données sont disponibles. Cette relation décrit la probabilité d'infection voire de maladie en fonction de la dose ingérée, c'est-à-dire de l'exposition.

Enfin, la caractérisation des risques consiste à intégrer le résultat des 3 étapes précédentes en effectuant une estimation qualitative ou quantitative de la probabilité et de la gravité des effets adverses susceptibles de se produire dans une population donnée. Ce résultat doit prendre en compte les facteurs d'incertitudes associés au résultat final [6].

3.4. L'intérêt de la prévision en microbiologie alimentaire :

La microbiologie prévisionnelle est une discipline qui vise à développer des modèles mathématiques permettant de prévoir les aptitudes de croissance, survie ou décroissance des populations microbiennes dans les aliments en fonction des facteurs environnementaux influents.

La sécurité et la qualité des aliments sont de plus en plus assurées par l'utilisation d'une démarche **HACCP** (Hazard Analysis Critical Control Points) qui cherche à maîtriser systématiquement l'incidence microbiologique de tout ce qui dans la fabrication peut contribuer à la contamination, à la destruction ou à la multiplication des contaminants.

Cette démarche est facilitée si l'on est capable de modéliser le devenir des microorganismes. Cette méthode permet donc de répondre aux questions suivantes :

- comment concevoir et fabriquer un produit offrant toute sécurité?
- comment modifier la composition d'un produit pour éviter un développement microbien indésirable sans nuire aux qualités organoleptiques?
- Quel niveau de contamination, quel facteur de multiplication peut on tolérer aux différents points de la chaîne?

Cette prévision est basée sur un modèle, c'est-à-dire un système établissant une correspondance entre un ensemble de conditions et une cinétique d'évolution de la population microbienne significative [11].



CONCLUSION:

Les industries alimentaires sont soumises à des contrôles stricts en termes de sécurité microbiologique, suite à l'implication de produits contaminés par des agents pathogènes dans des toxi-infections alimentaires. Actuellement, les mesures de gestion appliquées en usine ne permettent plus la détection, ni l'élimination de contaminations sporadiques de l'environnement d'une usine, pouvant être à l'origine d'une contamination des produits en cours de fabrication, et par conséquent de toxi-infections alimentaires.

Les résultats obtenus ont permis d'améliorer les modèles de microbiologie prévisionnelle et d'étendre leur domaine d'application. Nous disposons aujourd'hui des outils permettant de simuler la croissance microbienne dans une large gamme d'aliments. Cela permet de répondre aux problématiques des gestionnaires du risque, publics ou privés, suivantes :

- probabilité de croissance d'un micro-organisme dans un aliment.
- classement de produits en fonction de leur sensibilité au développement microbien.
- estimation de la vitesse de croissance d'un micro-organisme dans un aliment.

D'un point de vue de l'appréciation des risques liés à la présence de micro-organismes pathogènes dans les aliments, les résultats permettent de simuler le comportement de contaminants présents dans les aliments en très faible quantité. La variabilité des temps de latence observée pour des cellules stressées par des traitements technologiques permet d'expliquer en partie la variabilité des niveaux de contamination observés sur le terrain par les industriels de l'agroalimentaire lors de la découverte de lots de produits contaminés par des micro-organismes pathogènes. Ces résultats vont permettre d'améliorer sensiblement les modèles d'appréciation quantitative des risques en intégrant l'interaction entre le niveau de contamination initial et le comportement ultérieur des contaminants.

Certains phénomènes ayant un impact important sur le comportement microbien restent cependant à étudier pour évaluer correctement l'efficacité des systèmes de maîtrise de la sécurité sanitaire des aliments. Il faudrait ainsi être capable de prévoir l'impact de certains stress sur la cultivabilité et la latence des micro-organismes dans les aliments et dans les milieux de culture. Il faudrait également évaluer l'impact des flores annexes sur le développement des flores pathogènes dans les matrices alimentaires solides.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Adams, M.R., Little, C.L., Easter, M.C., 1991:** Modelling the effect of pH, acidulant and temperature on the growth rate of *Yersinia enterocolitica*. *J. Appl. Bacteriol.* **71**, 65-71.
- Aiin Branger., marie-Madeleine., Richer., Sébastien., Roustel., 2007 :** Microbiochimie et alimentation. lautence Audenet. verrier 2007 :119,120,121p
- Augustin, J.C. 1999 :** Modélisation de la dynamique de croissance des populations de *Listeria monocytogenes* dans les aliments. Thèse de l'Université Claude Bernard de Lyon.
- Augustin, J.C., Carlier V. 2000:** Modelling the growth rate of *Listeria monocytogenes* with a multiplicative type model including interactions environmental between environmental factors. *Int. J. Food Microbiol.* **56**, 53-70.
- Bajard, S., Rosso, L., Fardol, G., Fandros, J.P. 1996a:** The particular behaviour of *Listeria monocytogenes* under sub-optimal conditions. *Int. J. Food Microbiol.* **29**, 201-211.
- Bajard, S. 1996b :** Modélisation à visée prévisionnelle de la cinétique de croissance d'une population de *Listeria monocytogenes*. Thèse de doctorat (Université Claude Bernard-Lyon I).
- Baranyi, J., Roberts, T.A., McClure, P.J. 1993a:** A non-autonomous differential equation to model bacterial growth. *Food Microbiol.* **10**, 43-59
- Baranyi, J., Roberts, T.A., McClure, P.J. 1993b:** Some properties of a nonautonomous deterministic growth model describing the adjustment of the bacterial population to a new environment. *I.M.A. J. Math. Appl. Med. Biol.*, **10**, 293-299.
- Baranyi, J., Roberts, T.A. 1994:** A dynamic approach to predicting bacterial growth in food. *Int. J. Food Microbiol.*, **23**, 277-294.
- Baranyi, J., Ross, T., McMeekin, T.A., Roberts, T.A. 1996:** Effects of parameterization on the performance of empirical models used in 'predictive microbiology'. *Food Microbiol.* **13**, 83-91.
- Buchanan, R.E. 1918:** Lifes phases in a bacterial culture. *Journal of Infectious Diseases*, **23**, 109-125.
- Buchanan, R.L., Cygnarowicz, M.L. 1990 :** A mathematical approach toward defining and calculating on the duration of the lag phase. *Food Microbiol.* **7**, 237-240.

- Buchanan, R.L., Whiting, R.C., Damert, W.C. 1996:** When is simple good enough. Comparison of the Baranyi, the Gompertz and three linear models for fitting bacterial growth curves. International Conference on Predictive Microbiology, Hobart.
- Cheroutre-Vialette, M., Lebert, I., Hebraud, M., Labadie, J.C., Lebert, A. 1998 :** Effects of pH or aw on the growth of *Listeria monocytogenes*. *Int. J. Food Microbiol.*, 42, 71- 77.
- Cole, M.E., Jones, M.V., Holyoak, C 1990:** The effect of pH, salt concentration and temperature on the survival and growth of *Listeria monocytogenes*. *J. Appl. Bacteriol.*, 69, 63-72.
- Cooper, K.E. 1963.** The theory of antibiotic inhibition zones. In *Analytical Microbiology*. Academic Press, New York.
- Cornu M., Bergis H., Miconnet N., Deline-Muller M.L., Beaufort A., 2003 :** "Appréciation des risques microbiologiques : présentation générale et applications" *Revue générale du froid*. 1032:33-42.
- Cornu M., Geeraerd A., 2005.** "Workshop: Predictive modelling as an essential tool in Risk Analysis." MODEL-IT: International Symposium on the application of modelling as an innovative technology in the agri-food chain. Leuven, Belgique, mai-juin 2005. Animation de l'atelier sur invitation des organisateurs.
- Dalgaard, P. 1995:** Modelling of microbial activity and prediction of shelf life for packed fresh fish *Int. J. Food Microbiol.* 26, 305-317
- Deline-Muller, M.L., Rosso, L., Flandrois, J.P. 1995:** Accuracy of microbial growth predictions with square root and polynomial models. *Int. J. Food Microbiol.* 27, 139-146.
- Deline-Muller, M.L. 1998a:** La microbiologie prévisionnelle et ses méthodes. *Revue Méd. Vét.*, 149, 2, 103-108.
- Deline-Muller, M.L. 1998b:** Relation between the generation time and the lag time of the bacterial growth kinetics. *Int. J. Food Microbiol.*, 43, 97-104.
- Farber, J.M., Sanders, G.W., Dunfield, S., Prescott, R. 1989:** The effect of various acidulants on the growth rate of *Listeria monocytogenes*. *Lett. Appl. Microbiol.* 9, 181-183.
- Farber, J.M., Cai, Y., Ross, W.H. 1996:** Predictive modelling of the growth of *Listeria monocytogenes* in CO₂ environments. *Int. J. Food Microbiol.* 32, 133-144.



Geeraerd, A.H., Herremans, C.H, M.L., Cenes C., Van Impe J.F.1998: Application of artificial neural networks as a non-linear technique to describe bacterial growth in chilled food products. *Int. J. Food Microbiol.* 44, 49-68 p

Jean-Christophe A. 1999 : Modélisation de la dynamique de croissance des populations de listeria monocytogenes dans les aliments. Thèse du diplôme de docteur présentée devant l'UNIVERSITE CLAUDE BERNARD – LYON : 157 p

Jean-Christophe A, 2005 : Modélisation de la croissance microbienne et gestion de la sécurité sanitaire des aliments. Présenté devant l'université paris xii val de marne.25p

Labuza, T.P., Fu, B. 1993: Growth kinetics for shelf-life prediction: theory and practice. *J. Ind. Microbiol.* 12, 309-323.

Leistner, L., Rödel, W. 1976: The stability of intermediate moisture foods with respect to microorganisms. In *Intermediate Moisture Foods*. Eds. Davies, R., Birch, G.G., Parker, J.K. Applied Science Publishers Ltd., London.

Lodge, R.M., Hinshelwood, C.N. 1943: Physicochemical aspects of bacterial growth. Part IX. The lag phase of bact. *Lactis aerogenes*. *J. Chem. Soc.* 213-219.

Membré, J.-M., Ross, T., McMeekin, T. 1999 Behavior of *Listeria monocytogenes* under combined chilling processes. *Lett. Appl. Microbiol.* 28, 216-220.

Monod, J. 1958 Recherches sur la croissance des cultures bactériennes. Thèse de 1942, 2ème édition. Hermann, Paris.

Mossel, D.A.A, 1983. Essentials and perspectives of the microbial ecology of foods. In *Food Microbiology: Advances and Prospects*. Eds. Roberts, T.A., Skinner, F.A. Society for Applied Microbiology Symposium Series No. 11. Academic press, London. p. 1-45.

Mossel, D.A.A., Ingram, M. 1955. The physiology of the microbial spoilage of foods. *J. Appl. Bacteriol.* 18, 232-268

Penfold, W.J. 1914 On the nature of bacterial lag. *J. Hyg.* 14, 215-241.

Presser, K.A., Ratkowsky, D.A., Ross, T. 1997. Modelling the growth rate of *Escherichia coli* as a function of pH and lactic acid concentration. *Appl. Environ. Microbiol.*, 63, 6, 2355-2360.

Presser, K.A., Ross, T., Ratkowsky D.A. 1998. Modelling the growth limits (growth/ no growth interface) of *Escherichia coli* as a function of temperature, pH, lactic acid concentration, and water activity. *Appl. Environ. Microbiol.*, 63, 6, 1773-1779.

Ratkowsky, D.A., Ross, T. 1995. Modelling the bacterial growth-no growth interface. *Lett. Appl. Microbiol.*, 20, 29-33.



- Ratkowsky, D.A., Olley, J., McMeekin, T.A., Ball, A.** 1982. Relationship between temperature and growth rate of bacterial cultures. *J. Bacteriol.* **149**, 1-5.
- Ratkowsky, D.A., Lowry, R.K., McMeekin, T.A., Stokes, A.N., Chandler, R.E.** 1983. Model for bacterial culture growth rate throughout the entire biokinetic temperature range. *J. Bacteriol.* **154**, 1222-1226.
- Rosso, L., Lobry, J.R., Flandrois, J.P.** 1993. An unexpected correlation between cardinal temperatures of microbial growth highlighted by a new model. *J. Theor. Biol.*, **162**, 447-463.
- Rosso, L.** 1995. Modélisation et Microbiologie Prévisionnelle : Elaboration d'un Nouvel Outil pour l'Agro-alimentaire. Thèse de Doctorat, Université Claude Bernard - Lyon I, n° 95-197.
- Rosso, L., Lobry, J.R., Bajard, S., Flandrois, J.P.** 1995. Convenient model to describe the combined effects of temperature and pH on microbial growth. *Appl. Environ. Microbiol.*, **61**, 2, 610-616.
- Rosso, L., Bajard, S., Flandrois, J.P., Laheñlec, C., Fournaud, J., Veit, P.** 1996. Differential growth of *Listeria monocytogenes* at 4 and 8°C: consequences for the shelf life of chilled products. *J. Food Prot.* **59**, 944-949.
- Rosso, L., Zuber, E., Pichat, C., Flandrois, J.P.** 1997. Simple relationship between acid dissociation constant and minimal pH for microbial growth in laboratory medium. *Int. J. Food Microbiol.*, **35**, 75-81.
- Rosso, L.** 1998: Predictive microbiology: Validation of the models in the industrial context. COST 914 workshop. Validation of predictive models in wide range of european foods, 10-11 décembre Cordoba Espagne.
- Sanaa, 2002** : Microbiologie prévisionnelle : principaux modèles de croissance utilisés en appréciation quantitative des risques. *Epidémiol. et santé anim.*, 2002, **41**, 169-177.
- Tienungoon, S., Ratkowsky, D.A., McMeekin, T.A., Ross, T.** 2000. Growth limits of *Listeria monocytogenes* as a function of temperature, pH, NaCl and lactic acid. *Appl. Environ. Microbiol.*, **66**, 11, 4979-4987.
- Whiting, R.C., Cygnarowicz-Provost, M.** 1992. A quantitative model for bacterial growth and decline. *Food Microbiol.* **9**, 269-277.
- Whiting, R.C., Buchanan, R.L.** 1993. Letter to the editor. A classification of models in predictive microbiology - a reply to K.R. Davey. *Food Microbiol.* **10**, 175-177.

Wijtzes, T., McClure, P.J., Zwietering, M.H., Roberts, T.A. 1993. Modelling bacterial growth of *Listeria monocytogenes* as a function of water activity, pH and temperature. *Int. J. Food Microbiol.* **18**, 139-149.

Winslow, C.-E.A., Wilson, H.H. 1939. The earlier phases of the bacterial culture cycle. *Bacteriol. Rev.* **3**, 147-186.

Zwietering, M.H., Jongenburger, I., Rombouts, F.M., Van't Riet, K. 1990. Modeling of The bacterial growth curve. *Appl. Environ. Microbiol.*, **56**, 6, 1875-1881.

Zwietering, M.H., Rombouts, F.M., van't Riet, K. 1992a. Comparison of definitions of the lag phase and the exponential phase in bacterial growth. *J. Appl. Bacteriol.* **72**, 139-145.

Zwietering M., Wijtzes T. de Wit J.C., Van't Riet K., 1992. A decision support system for prediction of microbial spoilage in foods. *J. Food Prot.* **55**, 973-979.

Yvan Le Mare, 2001 : developpement d'un modele modulaire decrivant L'effet des interactions entre les facteurs Environnementaux sur les aptitudes de croissance de *Listeria*. Thèse du diplôme de docteur de l'universite de bretagne occidentale mention microbiologie : 163 p.

Site internet :

[1] - Accès logiciels

http://www.symprevius.net/index.php?rub=acces_logiciel

Date de consultation le 07-02-2010.

[2] - Anaiyse des risques microbiens

http://europa.eu.int/comm/food/fs/sc/ssc/out308_en.pdf

Date de consultation le 18-05-2010.

[3] -Définition de La microbiologie prévisionnelle

http://www.inria.fr/actualites/inedit/mars2010/pdf/inedit73_fr.pdf

Date de consultation 19-05-2010.

[4] - Définition HACCP

http://www.haccp-guide.fr/definition_haccp.htm

Date de consultation 13-05-2010.



[5] -La basse de données

http://www.symprevius.net/index.php?rub=le_systeme_sym_previus_2

Date de consultation le 15-02-2010.

[6] - La caractérisation des dangers

<http://cat.inist.fr/?aModele=afficheN&cpsidt=171423>

Date de Consultation le 11-03-2010.

[7] - La Durée de Vie Microbiologique des Aliments

<http://www.john-libbey-eurotext.fr/e-docs/00/03/36/9D/article.phtml>

Date de consultation 15-05-2010.

[8] - L'ajustement de courbes de croissance

http://www.symprevius.net/index.php?rub=le_systeme_sym_previus_5

Date de consultation le 15-02-2010.

[9] - L'appréciation du risque

[http://www.Note de service DGAL/SDSSA/N2008-8009 du 14 janvier 2008 modifié par note de service DGAL/SDSSA/N2009-8247 .pdf](http://www.Note%20de%20service%20DGAL/SDSSA/N2008-8009%20du%2014%20janvier%202008%20modifi%C3%A9%20par%20note%20de%20service%20DGAL/SDSSA/N2009-8247.pdf)

Date de consultation le 18-05-2010.

[10] -Le module probabiliste

http://www.symprevius.net/index.php?rub=le_module_probabiliste

Date de consultation le 07-02-2010.

[11] - L'intérêt de la prévision en microbiologie alimentaire

http://www.savoie-labo.com/documents/NS_DGAL-SDSSA_N20088044_criteres_viandes_hachees_et_preparations_de_viandes.pdf

Date de consultation le 19-05-2010.



[12]- logiciel PMP

http://translate.google.fr/translate?hl=fr&langpair=en|fr&u=http://groups.ucanr.org/ucfood_safety/Food_Safety_Links/Pathogen_Modeling_Programs.htm

Date de consultation le 11-03-2010.

[13] – Les bonnes pratiques d’hygiène

<http://www.plan-de-maitrise-sanitaire.fr/bph.htm>

Date de consultation 13-05-2010.

[14] – Les domaines d’application

<http://agriculture.gouv.fr/sections/publications/bulletin-officiel/2010/bo-n-10>

Date de consultation le 11-03-2010.

[15] - Les facteurs extrinsèques

<http://www.techno-science.net/?onglet=glossaire&definition=1743>

Date de consultation le 27-05-2010.

[16] - Les facteurs intrinsèques

<http://wateractivity.org/theory.html>

Date de consultation le 15-01-2010.

[17] - Les interfaces croissance / non croissance

http://www.symprevius.net/index.php?rub=le_systeme_sym_previus_7

Date de consultation le 15-02-2010.

[18] – Les modèles de croissance bactérienne

<http://www.google.com/search?hl=fr&lr=&client=firefox-a&hs=AVF&rls=org.mozilla.fr:official&channel=s&q=microbiologie+pr%C3%A9visionnelle&start=10&sa=N>

Date de consultation le 27-03-2010.

[19] - L'Objectifs d'utilisation de PMP

http://www.meathaccp.wisc.edu/newPathogen_Models.htm

Date de consultation le 27-03-2010.

[20]- Plan maîtrise sanitaire

http://www.ctcpa.org/publicdoc/plan_maîtrise_sanitaire_pms_ctcpa.pdf

Date de consultation le 11-03-2010.

[21] - Principe de La microbiologie prévisionnelle

<http://aeema.vet-alfort.fr/public/pdf/revue/41.14.pdf>

Date de consultation le 19-05-2010.

[22] - Sym'previus

http://www.john-libbey-eurotext.fr/fr/revues/agro_biotech/ocl/e-docs/00/03/36/9D/article.phtml

Date de consultation le 11-03-2010.

[23]- Traçabilité

http://www.tracenews.info/IMG/pdf/Presentation_M_Friant_Perrot.pdf

Date de consultation le 13-05-2010.

Résumé

Maîtriser la qualité microbiologique des aliments constitue un des problèmes essentiels rencontrés dans l'industrie alimentaire. D'une préoccupation du législateur soucieux de maintenir puis d'améliorer la salubrité des produits, ceci est devenu une exigence fondamentale du consommateur. Une des solutions envisagées consiste à prévoir la dynamique de croissance des flores microbiennes dans un milieu déterminé à partir d'un outil mathématique. Destinée principalement à la microbiologie alimentaire et placée dans un contexte industriel

La sécurité microbiologique des produits alimentaires exige des connaissances solides et complexes sur la contamination naturelle des matières premières et des produits transformés, sur la capacité de survie des micro-organismes au cours des traitements de transformation, et leur développement aux différents stades de conservation. C'est dans ce contexte que s'inscrit le projet Sym'Previus ; il s'agit d'un outil d'aide à la prévision de l'évolution des populations microbiennes dans les aliments, à l'usage des professionnels de l'alimentation. Disponible sur Internet, cet outil rassemble d'une part, une base de données issue de la bibliographie, de l'industrie et de programmes de recherche, et d'autre part, un module de simulation du comportement microbien s'appuyant sur les outils actuels de la microbiologie prévisionnelle. Humilis la possibilité de prévoir le niveau de contamination d'un microorganisme à un instant de la vie d'un produit (de la fabrication à la consommation).

Mots clés : Sécurité alimentaire, la microbiologie prévisionnelle, base de données (Sym'previus, Logiciel PMP).

Abstract

Controlling the microbiological quality of food is one of basic problems encountered in the Food industry. In concern of lawmakers seeking to maintain and improve safety products, This has become a fundamental requirement of the consumer. A possible solution consists in providing the dynamic growth of microbial flora in an environment determined from a mathematical tool. Intended mainly to food microbiology and placed in an industrial context.

The microbiological safety of food products requires a sound knowledge and complex natural contamination of raw and processed products on the survivability of microorganisms during the processing treatments, and their development at different stages of preservation. It is within this context that the project Sym'Previus it is a tool for predicting the evolution of microbial populations in foods, for use by professionals in the diet. Available on the Internet, this tool collects one hand, a database from the bibliography, industry and research programs, and secondly, a simulation module microbial behavior based on the current tools Predictive microbiology. Apart from the possibility of providing the level of contamination of a microorganism to a moment in the life of a product (from manufacture to consumption).

Produced with

المخلص

الرقابة النوعية للأحياء المجهرية في الأغذية هي احد المشاكل الأساسية في صناعة الأغذية. في وجود قلق لدى المستهلكين الذين يسعون على الحفاظ وتحسين و سلامة المنتجات، وأصبح هذا شرط أساسي لتسويقها.

أخذ الحلول الممكنة هو التنبؤ الفعال لنمو الكائنات الجرثومية في بيئة معينة مع أداة رياضية. تهدف أسامنا إلى علم الإحياء المجهرية الغذائية، ووضعها في سياق صناعي.

حماية المنتج الغذائي من الحياء المجهرية يتطلب معرفة جيدة ومعقدة من التلوث الطبيعي للمواد الأولية و المنتج المصنع على البقاء على قيد الحياة من الكائنات الحية الدقيقة في فترة معالجة المنتج المصنع تطويرها في مراحل مختلفة للحفاظ.

Sym'Previus، انه أداة مساعدة لتنبؤ في تطور المجتمعات الميكروبية في الأغذية، في ظل استخدام خبراء الغذاء وهو متوفر على شبكة الإنترنت، و هذه الأداة تجمع من جهة، قاعدة بيانات من مراجع المصانع والبرامج البحثية، ومن جهة أخرى هو محاكاة الوحدة تقوم على أداة السلوك المجهرية التنبؤية وبصرف النظر على إمكانية توفر مستوى التلوث للكائنات الحية الدقيقة. في لحظة حياة منتج (من التصنيع إلى الاستهلاك).