

Appréciation quantitative de la croissance bactérienne potentielle à partir de profils temps-température

Exemples d'application pour la croissance de *Salmonella Typhimurium* dans un steak haché

Quantitative prediction of microbial growth calculated from time-temperature profiles

Practical examples for Salmonella Typhimurium growth in cooked ground beef

Par Marie CORNU et Philippe ROSSET⁽¹⁾
(communication présentée le 19 février 2004)

RÉSUMÉ

L'analyse des dangers et la mise en place de mesures de prévention sont des démarches nécessaires à la maîtrise de la sécurité sanitaire. Pour ce faire, des critères quantitatifs sont à rechercher en vue d'aider à la décision. Jusqu'à présent, le principal obstacle résidait dans la difficulté à quantifier la croissance microbienne dans les denrées. Sur les bases de la microbiologie prévisionnelle, des critères de calcul du potentiel de croissance sont présentés. Associés à l'expertise microbiologique ils permettent de prédire cette croissance à partir des profils temps-température associés à un aliment. Deux exemples pratiques, dont l'un détaille le mode de calcul, sont donnés en complément.

Mots-clés : restauration collective, microbiologie prévisionnelle, sécurité sanitaire.

SUMMARY

The preservation of food safety requires risk analyses and the implementation of preventive measures, as well as the availability of quantitative criteria to help the decision process. Up until now, the main difficulty was to quantify the microbial growth in foodstuffs. This article presents criteria used to calculate the bacterial growth potential, based on predictive microbiology models. In combination with a microbial expert's report, these criteria predict growth based on time-temperature profiles of a given food. Two practical examples, including a description of the method of calculation, are also given.

Key words: institutional food service, predictive microbiology, food safety.

(1), Agence française de sécurité sanitaire des aliments, Laboratoire d'études et de recherches sur la qualité des aliments et sur les procédés agroalimentaires, 23 Rue du Général de Gaulle, 94709 Maisons-Alfort. Tél. : 01.49.77.26.44.

• INTRODUCTION

En restauration collective la sécurité sanitaire est d'autant plus importante qu'un grand nombre de repas y sont fabriqués (de quelques centaines à plusieurs milliers par jour et par cuisine). Ainsi parmi les cas d'intoxication alimentaire collective (TIAC) déclarés en 2001, 61 % sont survenus dans ce secteur (HAEGHEBAERT *et al.*, 2002). Parmi les différents types de risques (physiques, chimiques,...), celui d'ordre microbiologique apparaît comme le plus difficile à maîtriser. Pour y parvenir, outre les bonnes pratiques d'hygiène, la réglementation (ANONYME, 1993 ; ANONYME 1997) demande aux restaurateurs de mener une approche raisonnée et intégrée. Cette démarche consiste principalement à rassembler et à évaluer les données relatives aux dangers (pour les risques microbiologiques, agent microbien responsable de morbidité/mortalité) afin de décider lesquels d'entre eux sont significatifs au regard de la sécurité des aliments. Grâce à cette étude, la mise en œuvre des mesures de prévention les plus appropriées est alors possible (JOUVE, 1996).

Cette approche est à conduire pour chaque procédé de préparation et de distribution correspondant à un type de produit fini (ou recette) donné, ce qui constitue un travail long et fastidieux. De ce fait, en restauration collective, celle-ci ne peut être complètement appliquée en raison du grand nombre de recettes proposées. C'est pourquoi les professionnels de ce secteur ont considérablement simplifié la méthode HACCP décrite par le Codex Alimentarius soit en ne mettant en œuvre que les bonnes pratiques d'hygiène, soit en raisonnant sur les étapes de travail dans la cuisine (livraison, stockage, cuisson,...) communes à plusieurs recettes (ANONYME, 1998). Ceci malheureusement n'apporte pas toujours un niveau suffisant de sécurité sanitaire. Il est nécessaire, pour certaines recettes « sensibles », de réaliser des analyses de dangers complètes.

Pour chacun des microorganismes considérés, les possibilités de contamination initiale, de contaminations secondaires, de destruction et de multiplication sont à estimer. En effet c'est par une appréciation quantitative, ou à défaut qualitative, de ces possibilités qu'une mise en œuvre raisonnée des mesures de prévention pourra être ensuite efficacement pratiquée. Cette démarche est à effectuer pour chaque microorganisme potentiellement présent dans l'aliment étudié et présentant un pouvoir pathogène potentiel pour le consommateur.

Les données épidémiologiques disponibles (essentiellement présentées dans le bulletin épidémiologique hebdomadaire) montrent que la multiplication microbienne a une part importante dans les événements de « TIAC ». Celles-ci sont en effet fréquemment provoquées par des températures à cœur de l'aliment trop élevées et sont également souvent associées à des durées de stockage trop longues. Ainsi, pour 2001, pour 43 % des foyers pour lesquels les facteurs à l'origine de l'incident ont pu être identifiés, le non-respect de la chaîne du froid était en cause (HAEGHEBAERT *et al.*, 2002). La chaîne du froid apparaît

donc comme un paramètre essentiel dans la survenue d'intoxications alimentaires.

Si la mesure des températures est relativement facile et rapide à réaliser, il en est tout autrement de l'interprétation des résultats. Les paramètres d'acceptation définis par les professionnels, au vu des exigences réglementaires, sont des seuils de températures à respecter au cœur de l'aliment. Des contrôles périodiques, avec enregistrement, sont ainsi pratiqués régulièrement afin de s'assurer de la conformité de l'installation frigorifique à ces critères. En cas de non-conformité, les professionnels en estiment de manière empirique les conséquences. En effet, s'ils n'ignorent pas que ces dépassements de température sont à apprécier en fonction du temps – temps et température formant un couple indissociable –, ils ne disposent en général pas d'une méthodologie leur permettant de traduire ces couples temps-température en potentiel de croissance microbiologique et donc en risque sanitaire.

Le présent article tente de répondre à ce besoin en proposant d'intégrer les effets temps et température par le calcul de critères quantitatifs, réalisé à partir de modèles simples de microbiologie prévisionnelle. Deux exemples pratiques viennent ensuite compléter ces propos.

• MÉTHODOLOGIE DE CALCUL DE LA CROISSANCE BACTÉRIENNE PAR INTÉGRATION DES PROFILS TEMPS-TEMPÉRATURE

Les modèles de microbiologie prévisionnelle actuellement disponibles sous forme de logiciels prêts à l'emploi donnent la possibilité de calculer le potentiel de croissance d'un microorganisme retenu dans un aliment pour une température constante dans le temps. De ce fait ces logiciels ne sont donc pas adaptés lorsque la température varie. Aussi, pour y remédier, nous utiliserons des critères quantitatifs élaborés à partir des modèles de base de la microbiologie prévisionnelle et permettant de traduire des profils temps-température en terme de croissance microbienne potentielle.

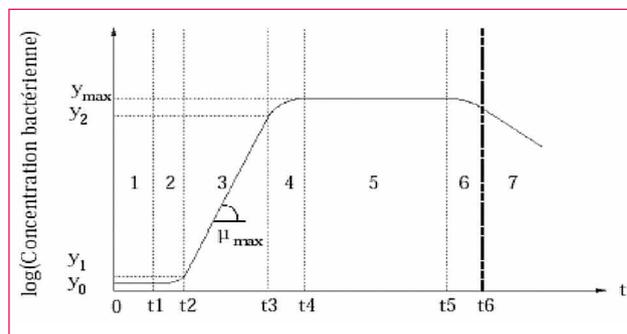


Figure 1 : Cinétique de la croissance d'une population microbienne pour une température constante.

1 : phase de latence ; 2 : phase d'accélération ; 3 : phase de croissance exponentielle ; 4 : phase de décélération (ou de freinage) ; 5 : phase stationnaire maximale ; 6 : phase de décroissance primaire ; 7 : phase de décroissance exponentielle.

μ_{max} : taux de croissance maximale ;

y_{max} : concentration bactérienne maximale.

Cette approche, présentée ici dans le contexte de l'analyse des dangers, est également applicable dans le domaine de l'appréciation des risques (CORNU *et al.*, 2003).

La cinétique de croissance microbienne se décompose en plusieurs phases distinctes (figure 1). Sa modélisation requiert l'emploi d'au moins deux modèles mathématiques :

- un modèle primaire, décrivant l'évolution du nombre de bactéries au cours du temps, ce qui définit un taux de croissance (appelé μ) décrivant la vitesse de multiplication exponentielle des bactéries dans ces conditions ;
- un modèle secondaire, relatif à l'influence de l'environnement physico-chimique – dans notre cas, la température – sur le taux de croissance μ .

Le taux de croissance étant très influencé par la température (figure 2 ; ROSSO, 1995), le modèle secondaire choisi pour décrire cet effet sera différent selon la plage des températures enregistrées.

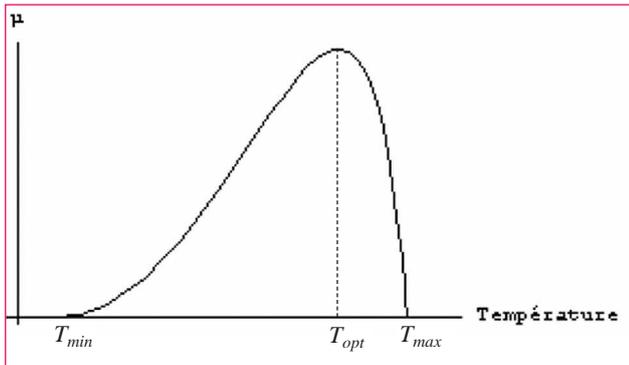


Figure 2 : Effet de la température sur le taux de croissance (d'après ROSSO, 1995).

T_{min} : température minimale théorique de croissance ;
 T_{opt} : température optimale de croissance ;
 T_{max} : température maximale théorique de croissance.

Plage des températures enregistrées correspondant à une croissance du microorganisme (de T_{min} à T_{max})

Nous utiliserons un modèle secondaire permettant de modéliser l'évolution du taux de croissance (μ) en fonction de la température. Pour étudier la relation entre μ et la température T nous avons recours au modèle des températures cardinales avec point d'inflexion (ROSSO *et al.*, 1993 ; ROSSO *et al.*, 1995). Les températures cardinales sont les températures minimale, maximale et optimale de croissance de l'espèce considérée (T_{min} , T_{max} et T_{opt}). Les températures minimale et maximale sont celles pour lesquelles μ prédit est nul, tandis que la température optimale est celle qui correspond à la croissance la plus rapide. Ces trois températures cardinales sont spécifiques d'une espèce microbienne, et il est d'usage de supposer qu'elles sont indépendantes de l'aliment. Le quatrième paramètre considéré, μ_{opt} , taux de croissance à T_{opt} de l'espèce considérée dans l'aliment examiné, est spécifique de l'association

d'une espèce à un aliment. Ces quatre paramètres sont déterminés à partir de courbes expérimentales (que l'on réalisera ou que l'on trouvera dans la bibliographie).

Ainsi pour la température, le modèle secondaire est :

(A)

$$\begin{aligned} \text{si } T_i \leq T_{min} \quad & \mu(T_i) = 0 \\ \text{si } T_{min} < T_i < T_{max} \quad & \mu(T_i) = \frac{\mu_{opt} (T_i - T_{max})(T_i - T_{min})^2}{(T_{opt} - T_{min})[(T_{opt} - T_{min})(T_i - T_{opt}) - (T_{opt} - T_{max})(T_{opt} + T_{min} - 2T_i)]} \\ \text{si } T_i \geq T_{max} \quad & \mu(T_i) = 0 \end{aligned}$$

- où T_i est la température (°C) pendant la période de temps comprise i et $i+1$;
 T_{min} est la température minimale de croissance du micro-organisme (°C) ;
 T_{max} est la température maximale de croissance du micro-organisme (°C) ;
 T_{opt} est la température optimale de croissance du micro-organisme (°C) ;
 μ_{opt} est le taux de croissance du micro-organisme (jour⁻¹), dans l'aliment, à la température T_{opt} .

Par ailleurs, afin de se placer dans les conditions les plus pessimistes de prédiction (« choix sécuritaire »), nous considérons que la croissance microbienne se déroule pendant la phase de croissance exponentielle (figure 1, phase 3), après la fin de la latence (figure 1, phases 1 et 2) mais avant le début de la phase stationnaire (figure 1, phases 4 et 5). De ce fait le modèle primaire choisi est le modèle exponentiel suivant (B) :

(B) $N_{i+1} = N_i \exp(\mu_i t_i)$

- où N_i est le nombre de microorganismes (ufc/g) présents au temps i ;
 N_{i+1} le nombre de microorganismes (ufc/g) présents au temps $i+1$;
 μ_i le taux de croissance (jour⁻¹) pour la période de i et $i+1$;
 t_i la durée (en jours) comprise entre i et $i+1$.

Entre les instants i et $i+1$, la population N est ainsi multipliée par l'exponentielle du taux de croissance multiplié par le temps écoulé. L'incrément de croissance en bactéries durant cette période est alors représenté par $N_{i+1} - N_i$. Cette relation peut également se formuler en logarithme népérien ou décimal :

(C)

$$\ln(N_{i+1}) - \ln(N_i) = \mu_i t_i \Leftrightarrow \log(N_{i+1}) - \log(N_i) = \frac{\mu_i t_i}{\ln(10)}$$

A partir des formules (A) et (C), il est possible d'en déduire l'augmentation de la population microbienne, en logarithme décimal, entre chaque prise de mesure (durant un intervalle de temps t_i) :

$$\log(N_{i+1}) - \log(N_i) = \frac{t_i}{\ln(10)} \times \frac{\mu_{opt} (T_i - T_{max})(T_i - T_{min})^2}{(T_{opt} - T_{min})[(T_{opt} - T_{min})(T_i - T_{opt}) - (T_{opt} - T_{max})(T_{opt} + T_{min} - 2T_i)]}$$

(D)

Cette dernière équation (D) nous permet d'obtenir l'incrément total de croissance pour l'ensemble des « n » mesures constituant un profil temps-température de « n » lignes d'une feuille de tableur (type Excel), les données étant notées à raison d'une mesure par ligne :

$$\Delta \log = \frac{\mu_{opt}}{\ln(10)} \times \sum_{i=1}^n t_i \frac{(T_i - T_{max})(T_i - T_{min})^2}{(T_{opt} - T_{min})[(T_{opt} - T_{min})(T_i - T_{opt}) - (T_{opt} - T_{max})(T_{opt} + T_{min} - 2T_i)]}$$

(E)

où t_i est le temps (jours) compris entre 2 mesures ;
 T_i la température (°C) mesurée au temps i .

L'équation (E) est la multiplication du terme $\frac{\mu_{opt}}{\ln(10)}$ qui ne dépend que de l'espèce microbienne et de l'aliment (quel que soit le profil temps-température), et d'une somme qui ne dépend que de l'espèce microbienne et du profil temps-température (quel que soit l'aliment). Ecrire un modèle de microbiologie prévisionnelle classique sous cette forme permet ainsi de séparer d'une part l'effet de l'aliment (de sa physico-chimie, etc.) et d'autre part l'effet intégré du temps et de la température.

Plage des températures enregistrées toujours inférieures à T_{opt}

Si la température enregistrée est toujours inférieure à T_{opt} , température optimale du microorganisme considéré – ce qui est vrai en pratique aux températures de réfrigération pour la plupart des microorganismes – il n'est pas nécessaire de modéliser l'effet de toute la gamme des températures, comme dans le chapitre ci-dessus, mais seulement l'effet des températures « sub-optimales ». Il est alors possible de simplifier les calculs en adoptant le modèle secondaire « square-root » (ou « racine-carrée ») de RATKOWSKI *et al.* (1983), modifié par ZWIETERING *et al.* (1996).

$$\Delta \log = \frac{\mu_{ref}}{\ln(10)} \times \sum_{i=1}^n t_i \frac{(T_i - T_{min})^2}{(T_{ref} - T_{min})^2} \text{ avec } T_i \ll T_{opt} \text{ et } T_{ref} \ll T_{opt}$$

L'équation (E) peut alors être remplacée(*) par la suivante :

(E')

où t_i est le temps (jours) compris entre 2 mesures ;
 T_i la température (°C) mesurée au temps i ;
 μ_{ref} est le taux de croissance du micro-organisme (jour⁻¹), dans l'aliment, à la température T_{ref} .

Comme l'éq. (E), l'équation (E') est la multiplication d'un terme $\frac{\mu_{ref}}{\ln(10)}$ dépend que de l'espèce microbienne et de l'aliment, et d'une somme qui ne dépend que de l'espèce microbienne et du profil temps-température.

• INTERPRÉTATION

On peut interpréter ces calculs de deux façons différentes :

- soit en étudiant uniquement l'effet intégré du temps et de la température sur la croissance microbienne, indépendamment de l'aliment,

- soit en prenant en compte à la fois l'effet intégré du temps et de la température ainsi que celui de l'aliment, auquel cas on aboutit à une prédiction de croissance.

Effet intégré du temps et de la température

Dans les équations (E) et (E'), les sommes de temps-température permettent d'intégrer les effets du temps et de la température sur la croissance microbienne, indépendamment de l'effet de l'aliment. Pour un profil temps-température – pour lequel la température évolue au cours du temps – ce calcul permet donc de traduire ces données variables en paramètres constants. Pour un profil temps-température donné, nous pouvons déterminer quelle température constante (température équivalente T_{eq}) aurait induit la même croissance bactérienne que celle issue des températures fluctuantes de ce profil. Ainsi, sur la base de ce critère il devient possible de comparer deux profils entre eux.

Enfin il est à noter que pour une valeur calculée élevée – découlant d'un profil sur une longue période de temps et/ou à des températures proches de T_{opt} – correspond une croissance microbienne élevée.

Prédiction de croissance (effets conjugués du temps, de la température et de l'aliment)

Par ailleurs, les formules (E) et (E') permettent de déterminer, en fin de profil temps-température, l'importance de l'accroissement potentiel du microorganisme considéré. Il est à observer que cette indication ne prend pas en compte l'importance de la population microbienne initiale, qui demeure inconnue.

Pour effectuer ce calcul, il est nécessaire de s'assurer l'aide d'un microbiologiste qui définira le taux de croissance de référence (μ_{opt} ou μ_{ref} , selon la formule choisie). Cette détermination peut être faite à partir de données publiées dans la littérature ou obtenues en laboratoire, décrivant la croissance du microorganisme dans le même type de denrée.

• EXEMPLES D'APPLICATION

A titre d'exemples, la démarche indiquée ci-dessus est appliquée au suivi de température de steaks hachés depuis leur décongélation (par une cuisson de quelques minutes) jusqu'à leur remise en température finale et leur consommation (figures 3 et 4). Selon la plage des températures enregistrées, l'intervalle de mesure (t_i) est de 2, 10

(*) Pour les détails du calcul effectué, le lecteur se reportera à l'article ROSSET *et al.*, 2003.

ou 60 minutes. Le microorganisme considéré est *Salmonella* Typhimurium.

Afin de ne pas alourdir notre propos, nous ne prendrons pas en compte les effets de la destruction microbienne et les périodes de non-croissance. Aussi, n'appliquerons-nous les calculs de potentiel de croissance qu'au profil temps-température couvrant la plage de température correspondant à une croissance du microorganisme (de T_{min} à T_{max}).

De même nous n'aborderons pas le cas d'un profil temps-température pour un aliment maintenu en réfrigération, à des températures toujours inférieures à T_{opt} . Un exemple, concernant le potentiel de croissance de *Listeria monocytogenes* dans une salade de maïs a d'ailleurs déjà été développé dans un précédent article (ROSSET *et al.*, 2003).

Pour la croissance de *Salmonella* Typhimurium, les paramètres cardinaux sont approximativement: T_{max} : 49°C; T_{min} : 5°C; T_{opt} : 40°C (OSCAR, 2002); μ_{opt} dans le steak haché: $41j^{-1}$ (ou $1,7 h^{-1}$) (DICKSON *et al.*, 1992).

Dans les exemples A et B, la période de temps considérée – entre T_{min} et T_{max} – est identique et est de 9 heures 10 minutes (1230 minutes ou 0,85 jour) (tableau 1).

Dans l'exemple A (Figure 3), le potentiel de croissance de *Salmonella* Typhimurium est approximativement de $0,5 \log (0,477)$ (tableaux 1 et 2) correspondant environ au triplement (plus précisément à une multiplication par 2,9) de la population microbienne initiale – que nous ne connaissons pas. Ainsi, dans cet exemple, le respect de bonnes pratiques technologiques (notamment par l'utilisation d'une cellule de refroidissement rapide et d'un four de remise en température) a permis de limiter ce potentiel de croissance. En appliquant la formule (E), on peut vérifier que le même potentiel de croissance (0,477 log) est prédit pour une conservation d'une durée égale (9h10) à la température constante de 9,8°C (détail du calcul non présenté). La température équivalente de ce profil A est donc égale à 9,8°C.

Il n'en est pas de même pour l'exemple B (figure 4) pour lequel le potentiel de croissance, calculé pour une même période de temps, est de plus d'un log (1,12). La température équivalente de ce profil B est égale à

Heure	Temps (min)	ti (min)	Ti (°C)	$\Delta \log$
9 h 05	0	2	48,9	0,001
9 h 07	2	2	47,2	0,012
9 h 09	4	2	45,6	0,018
9 h 11	6	2	44,1	0,022
9 h 13	8	2	42,7	0,024
9 h 15	10	2	41,5	0,025
9 h 17	12	2	39,9	0,025
9 h 19	14	2	38,4	0,025
9 h 21	16	2	36,8	0,024
9 h 23	18	2	35	0,023
9 h 25	20	2	33,5	0,021
9 h 27	22	2	31,8	0,019
9 h 29	24	2	30,3	0,018
9 h 31	26	2	28	0,015
9 h 33	28	2	26,1	0,013
9 h 35	30	2	23,5	0,010
9 h 37	32	2	22	0,009
9 h 39	34	2	20,3	0,007
9 h 41	36	2	19	0,006
9 h 43	38	2	17,4	0,005
9 h 45	40	2	15	0,003
9 h 47	42	2	14,1	0,003
9 h 49	44	2	13,1	0,002
9 h 51	46	2	12,6	0,002
9 h 53	48	2	11,8	0,002
9 h 55	50	10	11	0,006
10 h 05	60	10	9,5	0,003

Heure	Temps (min)	ti (min)	Ti (°C)	$\Delta \log$
10 h 15	70	10	8,5	0,002
10 h 25	80	10	8	0,002
10 h 35	90	10	7,5	0,001
10 h 45	100	10	6,5	0,0004
10 h 55	110	10	6,5	0,0004
11 h 05	120	10	6	0,0002
11 h 15	130	10	6,5	0,0004
11 h 25	140	10	6	0,0002
11 h 35	150	60	6,5	0,0023
12 h 35	210	60	6	0,001
13 h 35	270	60	6,5	0,0023
14 h 35	330	60	6	0,001
15 h 35	390	60	6,5	0,0023
16 h 35	450	60	6	0,001
17 h 35	510	10	6,5	0,0004
17 h 45	570	10	6	0,0002
17 h 55	630	2	9,5	0,001
17 h 57	690	2	12,5	0,002
17 h 59	750	2	15,4	0,004
18 h 01	810	2	18,7	0,006
18 h 03	870	2	21,9	0,009
18 h 05	930	2	25	0,012
18 h 07	990	2	28,5	0,016
18 h 09	1050	2	32,5	0,02
18 h 11	1110	2	38	0,025
18 h 13	1170	2	44,2	0,022
18 h 15	1230	2	48,8	0,002
TOTAL				0,477

Tableau 1 : Exemple A, évolution de la température d'un steak haché, depuis la fin de sa décongélation jusqu'à la distribution finale : calcul du potentiel de croissance de *Salmonella* Typhimurium (de T_{min} à T_{max}). (Temps t_i entre 2 mesures : 2, 10 ou 60 min. selon la plage de températures enregistrées.)

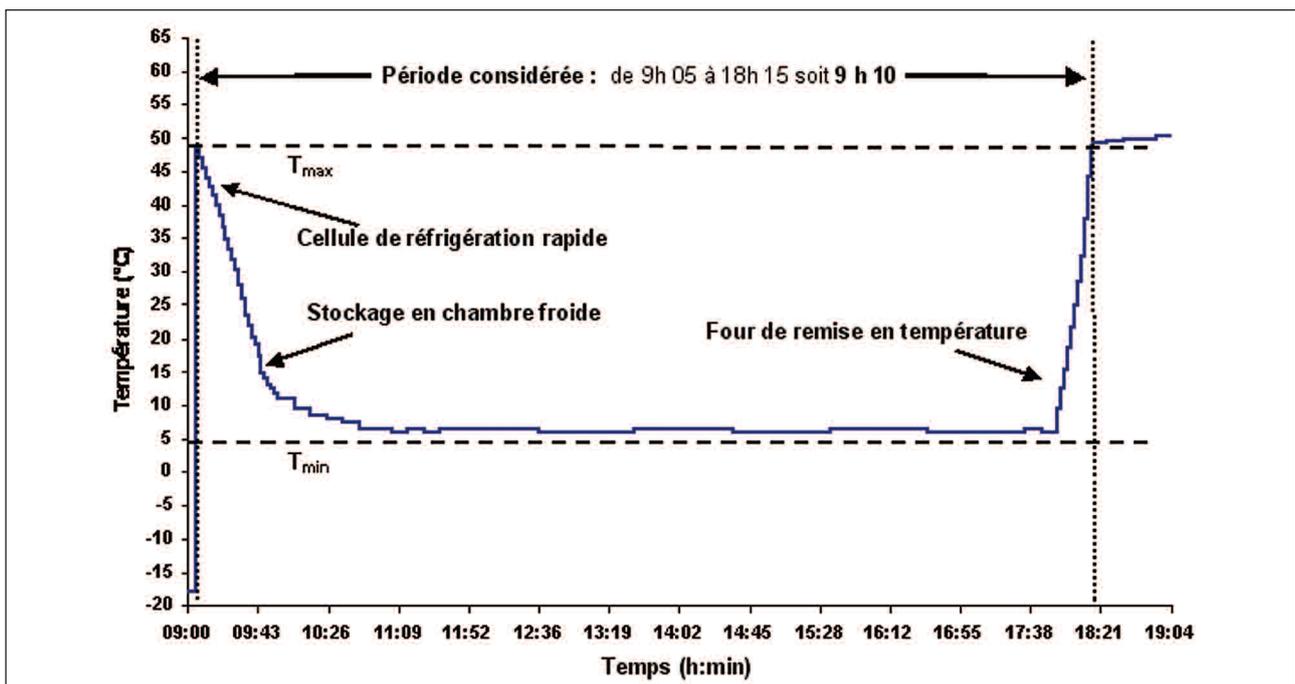


Figure 3 : Exemple A, évolution de la température d'un steak haché, depuis la fin de sa décongélation jusqu'à la distribution finale. (Temps t_i entre 2 mesures : 2, 10 ou 60 min selon la plage de températures enregistrées).

$$\Delta \log = \frac{\mu_{opt}}{\ln(10)} \times t_i \times \frac{(T_i - T_{max})(T_i - T_{min})^2}{(T_{opt} - T_{min}) [(T_{opt} - T_{min})(T_i - T_{opt}) - (T_{opt} - T_{max})(T_{opt} + T_{min} - 2T_i)]}$$

$$\Delta \log = \frac{41}{\ln(10)} \times t_i \times \frac{(T_i - 49)(T_i - 5)^2}{(35) [(35)(T_i - 40) - (-9)(45 - 2T_i)]}$$

$$\Delta \log = 18 \times \frac{2}{24 \times 60} \times \frac{(48,9 - 49)(48,9 - 5)^2}{(35) [(35)(48,9 - 40) - (-9)(45 - 97,8)]}$$

$$\Delta \log = 0,025 \frac{-192,72}{-5729,50} = 0,001$$

Tableau 2 : Exemple A : détail du potentiel de croissance de *Salmonella* Typhimurium pour un intervalle de temps t_i (2 min.) entre 2 mesures.

1^{er} enregistrement à 9h05 en Tableau 1 où $T_i = 48,9^\circ\text{C}$ pendant 2 min. ; $T_{max} = 49^\circ\text{C}$; $T_{min} = 5^\circ\text{C}$; $T_{opt} = 40^\circ\text{C}$; $\mu_{opt} = 41^{h^{-1}}$

12.5°C. Dans ce cas, le profil temps-température (dont le détail des températures enregistrées et des calculs correspondant n'est pas indiqué afin de ne pas surcharger le présent article) suivi par le steak haché entraînerait un accroissement de plus de 10 fois (plus précisément à une multiplication par 13,1) de la population microbienne initiale. Cet important potentiel de croissance résulte d'un refroidissement lent dans l'air ambiant, d'un stoc-

kage en chambre froide à température de réfrigération élevée (8°C) suivi d'un réchauffage lent par bain-marie. Ainsi, à la faveur d'une contamination initiale importante de la denrée – originelle et/ou du fait d'une faute d'hygiène lors de sa manipulation – on conçoit que ce type de profil temps température pourrait alors participer à la survenue d'une toxi-infection alimentaire.

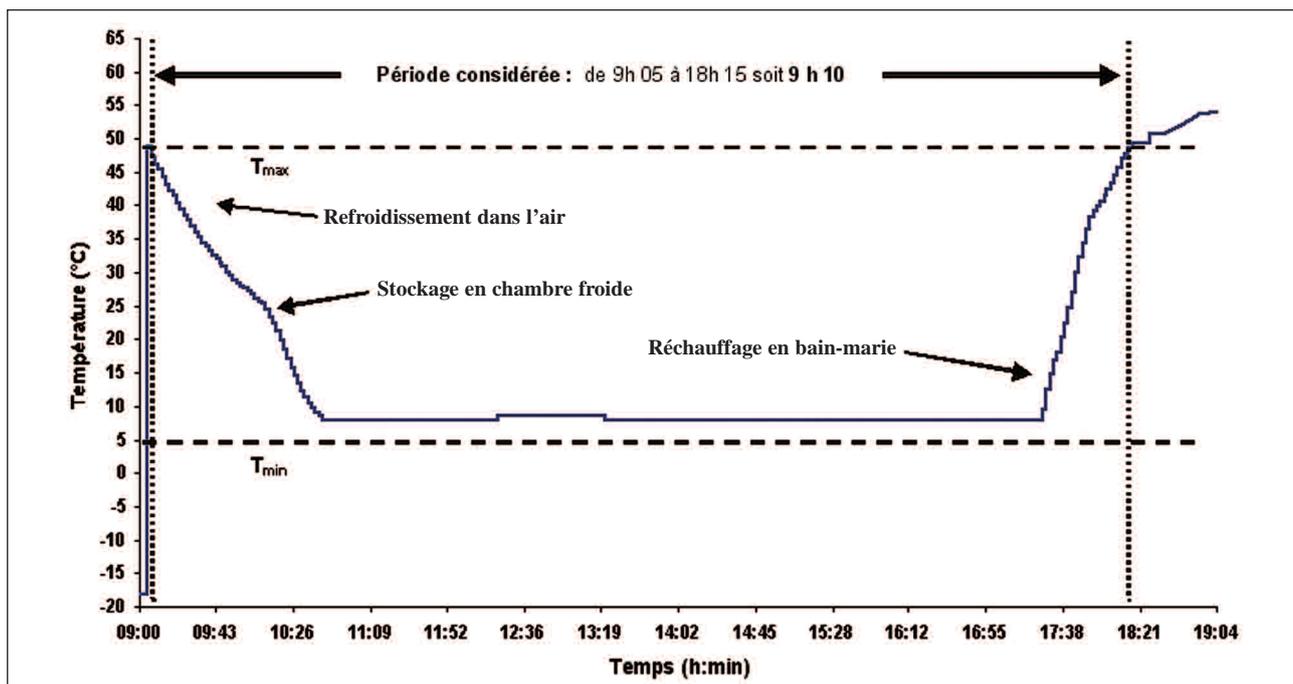


Figure 4 : Exemple B, évolution de la température d'un steak haché, depuis la fin de sa décongélation jusqu'à la distribution finale. (Temps t_i entre 2 mesures : 2, 10 ou 60 min. selon la plage de températures enregistrées).

• CONCLUSION

L'appréciation quantitative de la croissance microbienne permet d'optimiser les mesures mises en place par les professionnels de l'agroalimentaire dans le cadre de leur démarche HACCP pour assurer la sécurité sanitaire. Jusqu'à présent le principal obstacle à cette analyse résidait dans la difficulté à traduire les profils temps-température en paramètres quantifiables, et notamment en potentiel de croissance microbienne. À partir des modèles de base de la microbiologie prévisionnelle, le recours à des critères quantitatifs – dont le choix sera fait en fonction de la plage de températures enregistrées par rapport aux températures optimale et maximale de croissance du microorganisme

considéré – contribuent à prédire cette croissance à partir des profils temps-température d'un aliment. Si ce mode d'évaluation constitue une avancée méthodologique certaine, il n'est néanmoins à utiliser qu'avec pertinence et précaution. Ainsi, entre autres, une potentialité de croissance microbienne est à interpréter en relation avec la population initiale de la denrée concernée. Ces formules mathématiques ne sont donc que des outils au service de l'hygiéniste qui se doit de les intégrer dans une approche globale de la sécurité sanitaire.

BIBLIOGRAPHIE

- ANONYME (1993) Directive 93/43/CEE du Conseil du 14 juin 1993 relative à l'hygiène des denrées alimentaires. *JO Com. Europ.*, **L175**, 1-11.
- ANONYME (1997) Arrêté du 29 septembre 1997 fixant les conditions d'hygiène applicables dans les établissements de restauration collective à caractère social. *JO 23 octobre 1997*, 15437-15442.
- ANONYME (1998) *Démarche HACCP en restauration - Guide pour l'analyse des dangers*. CPRC, éd. BPI, Paris, 71 p.
- CORNU M, BERGIS H, MICONNET N, DELIGNETTE-MULLER ML., BEAUFORT A (2003) Appréciation des risques microbiologiques : présentation générale et applications. *Rev. Gén. Froid*, **1032**, 33-42.
- DICKSON JS, SIRAGUSA GR, WRAY Jr JE (1992) Predicting the growth of *Salmonella typhimurium* on beef by using the temperature function integration technique. *Appl. Environ. Microbiol.*, **58**, 3482-3487.
- HAEGHEBAERT S, LE QUERREC F, BOUVET P, GALLAY A, ESPIE E, VAILLANT V (2002) Les toxi-infections alimentaires collectives en France en 2001. *Bull. Epid. Hebdo.*, **50**, 249-253.
- JOUVE JL (1996) *La qualité microbologique des aliments*. CNERNA-CNRS, éd. PoyTechnica, Lassay-les-Châteaux (France), 563 p.
- OSCAR TP (2002) Development and validation of a tertiary simulation model for predicting the potential growth of *Salmonella typhimurium* on cooked chicken. *Int. Jour. Food Microbiol.*, **76**, 177-190.

- RATKOWSKY DA, LOWRY RK, McMEEKIN TA, STOKES AN, CHANDLER RE (1983) Model for bacterial culture growth rate throughout the entire biokinetic temperature range. *J. Bacteriol.*, **154**, 1222-1226.
- ROSSET P, POUMEYROL G, CORNU M, NOEL V, MORELLI E (2003) Intégration des profils temps-température et appréciation de la croissance bactérienne. Exemple pratique d'application. *Rev. Gén. Froid*, **1038**, 27-34.
- ROSSO L, (1995) *Modélisation et microbiologie prévisionnelle : élaboration d'un nouvel outil pour l'agroalimentaire*. Thèse de doctorat, Université Claude Bernard Lyon 1.
- ROSSO L, LOBRY JR, FLANDROIS JP (1993) An unexpected correlation between cardinal temperatures of microbial growth highlighted by a new model. *J. Theor. Biol.*, **162**, 447-463.
- ROSSO L, LOBRY JR, BAJARD S, FLANDROIS JP (1995) Convenient model to describe the combined effects of temperature and pH on microbial growth. *Appl. Environ. Microbiol.*, **61**, 610-616.
- ZWIETERING MH, DE WIT JC, NOTERMANS S (1996) Application of predictive microbiology to estimate the number of *Bacillus cereus* in pasteurised milk at the point of consumption. *Int. J. Food Microbiol.*, **30**, 55-70.