



coliformes totaux et des coliformes fécaux respectivement ;  
 - milieu tryptose sulfite cycloserine incubé sous conditions anaérobies pendant 24 heures à 37°C pour les anaérobies sulfito-réducteurs ;

- milieu Slanetz Bartley incubé sous condition aérobie pendant 24 heures à 37°C pour le dénombrement des entérocoques ;

- milieu Sabouraud dextrose incubé sous condition aérobie pendant 48 heures 37°C pour le dénombrement des levures.

Les dénombrements exprimés en UFC/ml ont été transformés en logarithme décimal. Un test de corrélation a été réalisé pour chaque paramètre afin de déterminer s'il y a bien une correspondance entre les dénombrements microbiologiques après analyse d'un même échantillon en frais ou après congélation.  $R^2$  correspond au carré de la corrélation et exprime le pourcentage de variabilité qui peut être expliquée. L'analyse statistique a été réalisée en utilisant le logiciel R Studio version 4.0.2 (R Core Team, 2020).

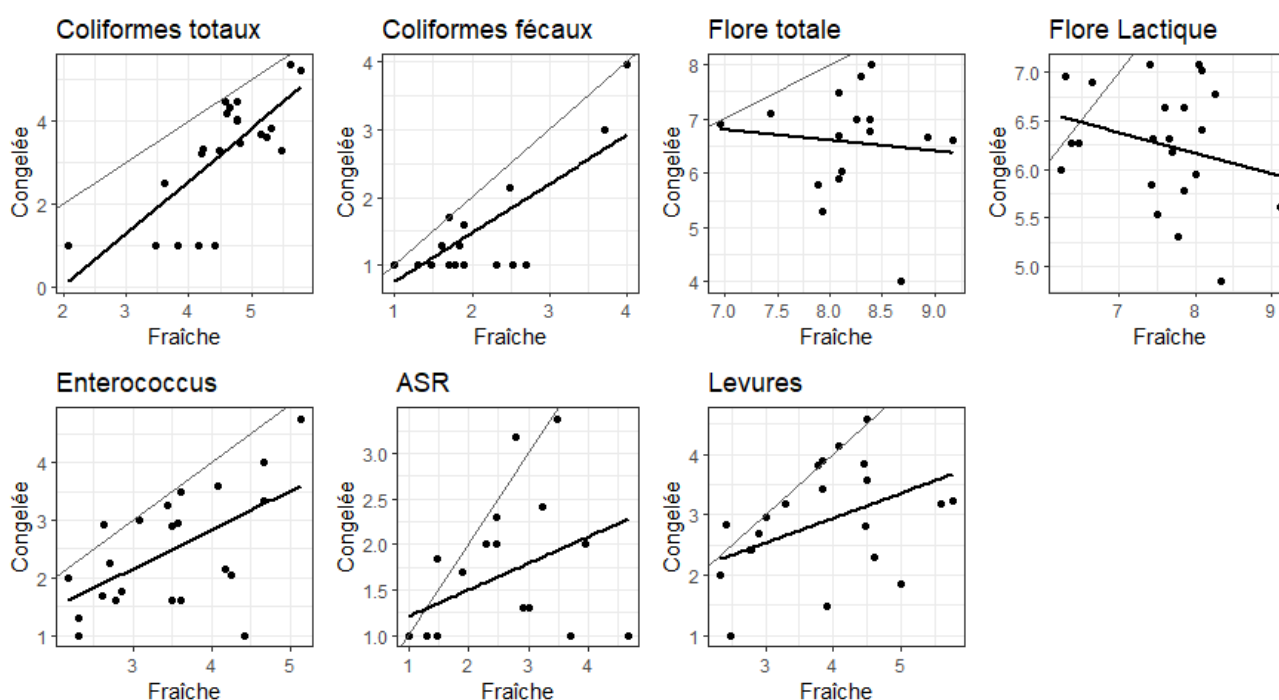
## 2. RÉSULTATS

La figure 1 représente le dénombrement de chaque paramètre microbiologique après congélation en fonction de la valeur de

ce paramètre avant congélation (exprimées en log (UFC/ml)), ainsi que la droite  $y=x$ . Pour aucun des paramètres microbiologiques de cette étude il ne semble y avoir de corrélation entre les valeurs avant et après congélation. Ceci est confirmé par le calcul du carré de la corrélation. Il n'y a pas de corrélation entre les dénombrements avant ou après congélation pour les coliformes totaux ( $R^2=0,45$ ), les coliformes fécaux ( $R^2=0,48$ ), la flore totale ( $R^2=0,01$ ), la flore lactique ( $R^2=0,07$ ), les entérocoques ( $R^2=0,35$ ), les ASR ( $R^2=0,15$ ) et les levures ( $R^2=0,18$ ), en effet le pourcentage de variabilité qui peut être expliqué est faible. Pour chaque critère, il y a donc une modification des résultats, la corrélation entre les dénombrements microbiologiques suite à un ensemencement d'un échantillon avant ou après congélation n'est pas satisfaisante.

## CONCLUSION

La congélation d'un échantillon de soupe n'est pas recommandée pour évaluer sa qualité microbiologique. Il est conseillé de le déposer dès que possible au laboratoire sous couvert du froid.



**Figure 1** – Relation entre le résultat du dénombrement microbiologique après congélation en fonction du résultat avant congélation (exprimés en log (CFU/ml)) pour chaque paramètre analysé (en noir épais, la courbe de régression ; en gris fin, la courbe  $y=x$ ).

## REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Brunon M., Trombani C., Ropars M., Le Roux M., Launay S., 2020. Déterminants de la flore microbiologique de la soupe et ses conséquences sur les porcs charcutiers en engraissement. Journées Rech. Porcine, 52, 147-152.
- Demecková V., Kelly D., Coutts A.G.P., Brooks P.H., Campbell A., 2002. The effect of fermented liquid feeding on the faecal microbiology and colostrum quality of farrowing sows. Int. J. Food Microbiol., 79, 85-97.
- Grahofer A., Gurtner C., Nathues H., 2017. Haemorrhagic bowel syndrome in fattening pigs. Porc. Health Manag., 3, 27.
- O'Meara F.M., Gardiner, G.E., O'Doherty, J.V., Lawlor, P.G., 2020. Effect of dietary inclusion of benzoic acid on the microbial quality of liquid feed and the growth and carcass quality of grow-finisher pigs. Livest. Sci., 237, 104043.