

COMMENT LA LECTURE EN TEMPS RÉEL DES COLONIES SUR LES MILIEUX SÉLECTIFS PEUT-ELLE FOURNIR DES RÉSULTATS ANTICIPÉS ?

Auteur : Thomas ALEXANDRE, PhD, INTERSCIENCE, talexandre@interscience.com

Unité : **ScanStation**® - Version du logiciel : 1.30

Introduction

Le contrôle de la qualité microbiologique dans la production industrielle alimentaire est une étape critique pour prévenir les crises sanitaires. Deux types d'analyses sont effectués pour ce contrôle de qualité : la recherche d'indicateurs de qualité, qui consiste à dénombrer des flores plus ou moins sélectives (comme la flore totale, la flore lactique ou les coliformes etc....), et la détection de pathogènes, qui consiste à contrôler la présence ou l'absence de pathogènes tels que *Salmonella* spp., *Listeria monocytogenes* et *Campylobacter* spp.

Pour détecter ces micro-organismes, les méthodes de référence sont basées sur leur croissance sur des boîtes de Petri contenant des milieux de culture gélosés. En effet, après incubation, les micro-organismes forment des colonies (UFC pour Unité Formant Colonie) à la surface de la gélose qui peuvent être dénombrées. Des milieux sélectifs sont couramment utilisés pour mettre en évidence ces divers critères microbiologiques.

Un milieu sélectif ne permet qu'à un type spécifique de micro-organismes de se développer. Tous les autres micro-organismes présents dans l'échantillon seront inhibés par ce milieu. Plusieurs caractéristiques du milieu assurent sa sélectivité : température d'incubation, pH du milieu, source nutritive spécifique (ex : azote, carbone), résistance à un antiseptique ou à un antibiotique et activité enzymatique mise en évidence par un complexe chromogène.

Le **ScanStation** est un incubateur intelligent qui permet d'automatiser la détection des colonies en temps réel. En effet, pour chaque boîte de Petri placée dans la chambre d'incubation, une image est prise toutes les 30 ou 60 minutes pendant toute la durée de l'incubation. Ces images, une fois analysées par le logiciel de suivi, sont utilisées pour afficher une courbe de la cinétique de croissance bactérienne, disponible pour l'utilisateur en temps réel. Un exemple de ce rapport est présenté dans la **figure 0**.

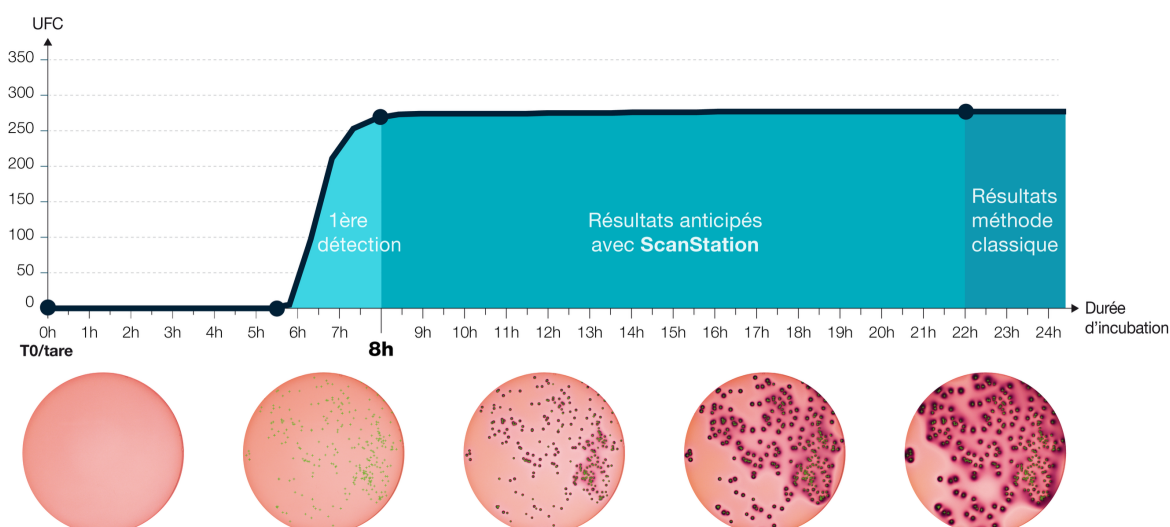


Figure 0 : Exemple de rapport de recherche de coliformes sur milieu VRBL par la ScanStation. Ci-dessus - courbe de croissance établie par le comptage des UFC en temps réel. Ci-dessous - six photos prises à différents intervalles de la période d'incubation de 24 heures.

Le suivi en temps réel de la croissance bactérienne et fongique offre un certain nombre d'avantages qui vont au-delà de la détection avancée des colonies : le passage du comptage en point final au comptage en temps réel augmente également la précision du dénombrement. Premièrement, l'utilisation d'une image "T0" capturée au début de l'incubation et utilisée comme "tare" pour tous les comptages ultérieurs réduit le nombre de faux positifs en cas de débris/particules dans la matrice, qui sont souvent faussement comptés comme des UFC lors du dénombrement au point final (manuel ou automatique). Deuxièmement, la détection et le marquage des colonies dès leur apparition sur la boîte de Petri signifient que la surcroissance ou la croissance confluyente ultérieures sont moins susceptibles de conduire à des faux négatifs. Le **ScanStation** a la possibilité de détecter les colonies par leur couleur. Il est donc adapté à l'analyse des milieux chromogènes dans lesquels différentes espèces de micro-organismes peuvent être dénombrées en temps réel et donner un nombre d'UFC spécifique pour chacune d'entre elles.

L'objectif de cette étude est double. Premièrement, les performances du **ScanStation** sont évaluées en comparant le dénombrement manuel et le dénombrement automatique d'échantillons réels provenant de laboratoires de contrôle de la qualité des aliments. Pour ce faire, quatre milieux sélectifs ont été sélectionnés pour leur utilisation courante dans l'industrie alimentaire : Baird Parker pour la détection des *Staphylococcus* spp. avec des colonies noires entourées d'un halo spécifique pour *S. aureus*, VRBL pour la détection des coliformes avec des colonies violettes, Symphony pour la détection des levures et des moisissures et TBX pour la détection des *Escherichia coli* bêta-glucuronidase-positifs avec des colonies bleues. Les analyses de cultures pures ont été réalisées uniquement avec le milieu Symphony afin d'augmenter les chances de détection des colonies de levures et de moisissures. Il est important de noter que, pour éviter toute variation inter- et intra-opérateur, ce qui est très fréquent avec le comptage en bout de ligne, les performances du **ScanStation** ont été évaluées en comparant les comptages automatiques du

ScanStation à un comptage manuel basé non pas sur la lecture traditionnelle des plaques à la fin de l'incubation, mais plutôt sur le time-lapse créé par toutes les images collectées pendant l'incubation. De la même manière que pour les séquences sportives rejouées, l'opérateur a accès à une fonction "retour dans le temps" qui devrait lui permettre d'éviter les faux positifs et les faux négatifs. Nous appellerons cette mesure le "comptage réel". Deuxièmement, nous avons également cherché à modéliser le "Time to Result" pour les quatre mêmes milieux sélectifs, défini comme la durée d'incubation pendant laquelle le **ScanStation** peut fournir un nombre stable et fiable d'unités de formation de colonies (UFC) pour 85 % des échantillons de chaque souche. Ce modèle pour chaque milieu sélectif fournit des informations sur le gain de temps que le **ScanStation** est en mesure d'offrir à l'utilisateur lors des analyses de routine.

Matériel et méthodes

Inoculation des échantillons

100 µL pour l'ensemencement de surface ou 1000 µL pour l'ensemencement en masse d'échantillons liquides ont été inoculés pour chaque milieu sélectionné conformément aux normes recommandées par les laboratoires de contrôle de la qualité de l'industrie alimentaire et chargés dans le **ScanStation** pour commencer l'incubation.

Incubation

Tous les échantillons de chaque souche ont été incubés à la température et pendant la durée indiquée dans le **tableau 1** ci-dessous :

Souche	Moyen	Temp. (°C)	Tem ps (h)
<i>Staphylococcus</i> spp.	Baird Parker	37	24
Coliformes	VRBL	30	24
Levures et moisissures	Symphonie	25	72
<i>Escherichia coli</i> β-glucuronidase +	TBX	44	24

Tableau 1 : conditions d'incubation.

Méthode d'évaluation des corrélations

Les lectures manuelles ont été effectuées en comptant manuellement les UFC sur le time-lapse non marqué de la croissance au fur et à mesure de leur apparition, améliorant ainsi le comptage manuel traditionnel au point final. En effet, d'éventuelles colonies cachées par un chevauchement de la croissance pourraient être manquées lors des lectures classiques sur la boîte de Petri. C'est la raison pour laquelle les lectures manuelles sont qualifiées de "comptage réel" dans cette étude. Toutes les valeurs de lecture sont rapportées en unités formant colonies (UFC). La différence entre les lectures automatiques et les lectures manuelles réelles a été calculée et la moyenne ainsi que l'écart-type par souche sont indiqués.

Délai d'obtention des résultats

Le **ScanStation** a capturé une image de chaque échantillon toutes les 30 minutes. Ces images ont ensuite été traitées par le logiciel de comptage **ScanStation** version v1.30, qui a détecté le temps d'apparition de chaque colonie et a produit une courbe cinétique pour chaque échantillon. Nous avons agrégé ces courbes de croissance pour chaque souche à l'aide d'Excel. Les courbes ont été normalisées en pourcentage du nombre total pour chaque échantillon à des fins de comparaison et le temps de détection de la première colonie ainsi que les 85 % du résultat final ont été calculés pour chaque milieu sélectif.

Résultats

1. Baird Parker medium

1.a. Comparaison du dénombrement manuel et du dénombrement par le ScanStation

Le **tableau complémentaire 1** (voir annexes) présente la lecture manuelle et automatique de 36 échantillons provenant de l'industrie laitière inoculés sur milieu Baird Parker pour la détection de *Staphylococcus* spp. La valeur de cette lecture est rapportée en log d'UFC comptés. La différence entre la lecture manuelle et la lecture automatique a été calculée et la différence de 0,3 log (valeur absolue) a été choisie comme seuil de signification statistique.

La différence calculée pour tous les échantillons est proche de 0 avec un maximum de 0,12 et une moyenne totale de toutes les différences

calculées égale à $0,01 \pm 0,02$ CFU log. Ces résultats ne montrent pas de différence significative entre les deux modes de dénombrement. En outre, le graphique suivant (**figure 1**) montre la corrélation résumant tous les dénombrements manuels et **ScanStation** effectués avec ces 36 échantillons.

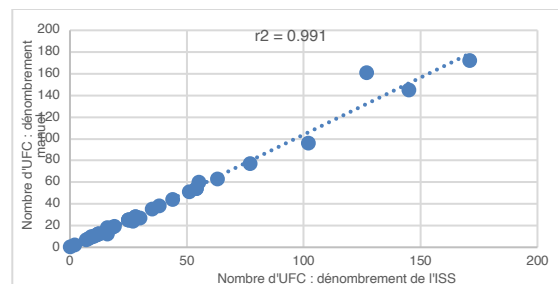


Figure 1 : graphique de corrélation entre le dénombrement manuel et automatique de *Staphylococcus* spp. Par le ScanStation (ISS) sur Baird Parker.

Le coefficient de corrélation R^2 montre une valeur proche de 1, ce qui signifie qu'il n'y a pratiquement pas de différence entre les dénombrements manuels et ceux effectués à l'aide du **ScanStation**. Le **ScanStation** est donc performant pour l'analyse des *Staphylococcus* spp. sur milieu Baird Parker.

1.b. Graphique de la charge microbienne en temps réel

Le graphique de la croissance en temps réel a également été tracé pour les mêmes 36 échantillons (**figure 2**). Un délai avant résultat (Time to result, TTR) a été mis en place lorsque la valeur des UFC atteignait 85 % du résultat final.

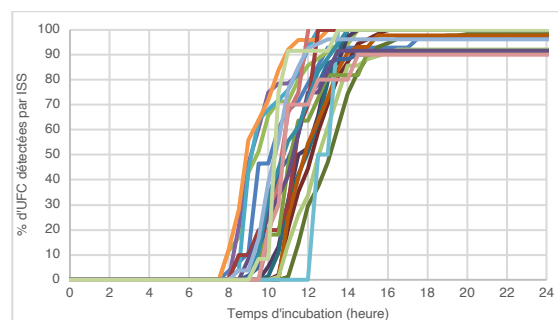


Figure 2 : courbes de croissance agrégées des 36 échantillons de *Staphylococcus* spp. cultivés sur Baird Parker.

Le temps de première détection varie de 8 à 12,5 heures et 85 % du résultat final est atteint avec une moyenne de $15,6 \pm 5,0$ heures. Par rapport à la méthode référence de 24 heures, la lecture TTR permet d'anticiper les résultats de *Staphylococcus* spp. sur le milieu Baird Parker

et donne donc la possibilité à l'utilisateur de définir à l'avance une action corrective, si nécessaire.

1.c. Photos représentatives d'une croissance en temps réel de *Staphylococcus* spp. sur Baird Parker

La **figure 3** montre l'exemple de l'échantillon 9259 à $t = 0$, $t = 8,5$ h et $t = 15,5$ h :

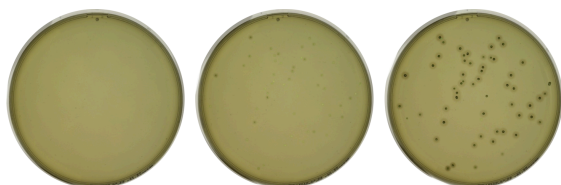


Figure 3 : photos représentatives de la croissance en temps réel de *Staphylococcus* spp. de l'échantillon #9259 sur Baird Parker.

2. VRBL moyen

2.a. Comparaison du dénombrement manuel et du dénombrement par le ScanStation

Le **tableau complémentaire 2** montre la lecture manuelle et automatique de 48 échantillons provenant de l'industrie laitière inoculés sur le milieu VRBL pour la détection des coliformes. La valeur de cette lecture est rapportée en log d'UFC comptés. La différence entre la lecture manuelle et la lecture automatique a été calculée et la différence de 0,3 log (valeur absolue) a été choisie comme seuil de signification statistique.

La différence calculée pour tous les échantillons est proche de 0 avec un maximum de 0,25 et une moyenne totale de toutes les différences calculées égale à $0,04 \pm 0,04$ CFU log. Ces résultats ne montrent pas de différence significative entre les deux modes de dénombrement. De plus, le graphique suivant (**figure 4**) montre la corrélation résumant tous les dénombrements manuels et **ScanStation** effectués avec ces 48 échantillons.

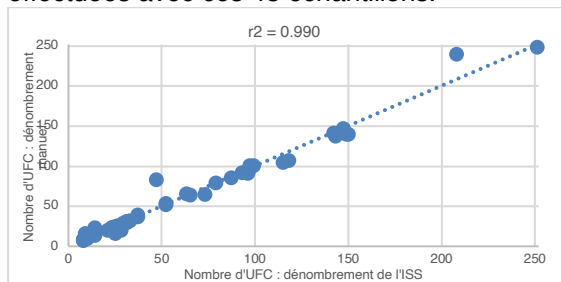


Figure 4 : graphique de corrélation entre le dénombrement manuel et automatique des coliformes par le ScanStation (ISS) sur VRBL.

Le coefficient de corrélation R^2 montre une valeur proche de 1, ce qui signifie qu'il n'y a pratiquement pas de différence entre le dénombrement manuel et le dénombrement par le **ScanStation**. Le **ScanStation** est donc performant pour l'analyse des coliformes sur milieu VRBL.

2.b. Graphique de la charge microbienne en temps réel

Le graphique de la croissance en temps réel a également été tracé pour les mêmes 48 échantillons (**figure 5**). Un délai d'obtention des résultats (TTR) a été mis en œuvre lorsque la valeur des UFC a atteint 85 % du résultat final.

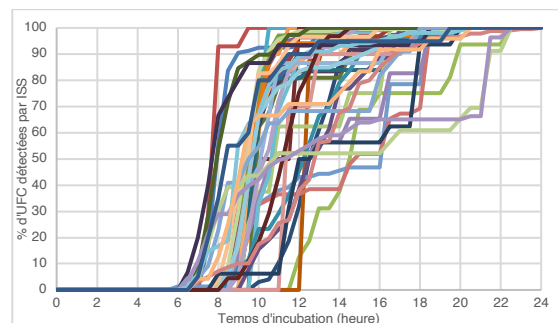


Figure 5 : courbes de croissance agrégées des 48 échantillons de coliformes cultivés sur VRBL.

Le temps de première détection varie de 6 à 12,5 heures et 85 % du résultat final est atteint avec une moyenne de $15,6 \pm 5,0$ heures. Par rapport à la méthode de référence de 24 heures, la lecture TTR permet d'anticiper le résultat des coliformes sur le milieu VRBL et donne donc la possibilité à l'utilisateur de définir à l'avance une action corrective, si nécessaire.

2.c. Photos représentatives d'une croissance de coliformes en temps réel sur le milieu VRBL

La **figure 6** montre l'exemple de l'échantillon 3957 à $t = 0$, $t = 6,5$ h et $t = 17$ h :

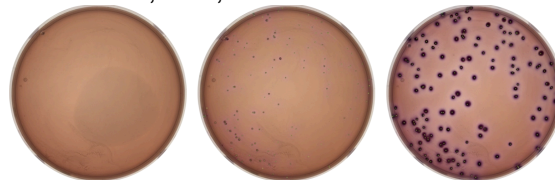


Figure 6 : photos représentatives de la croissance en temps réel des coliformes de l'échantillon #3957 sur VRBL.

3. Symphonie moyenne

3.a. Comparaison du dénombrement manuel et du dénombrement par le ScanStation

Pour chaque micro-organisme, les **tableaux supplémentaires 3 à 9** présentent les lectures manuelles et automatiques des colonies après culture pure sur milieu Symphony. La valeur de ces lectures est indiquée en log d'UFC comptés. La différence entre les lectures manuelle et automatique a été calculée et la différence de 0,3 log (valeur absolue) a été choisie comme seuil de signification statistique.

La majorité des résultats ne dépasse pas le seuil de 0,3 log d'UFC avec une moyenne totale de toutes les différences calculées égale à $0,13 \pm 0,10$ log d'UFC. Ces résultats ne montrent pas de différence significative entre les deux modes de dénombrement. De plus, le graphique suivant (**figure 7**) montre la corrélation résumant tous les dénombrements manuels et **ScanStation** effectués sur le milieu Symphony.

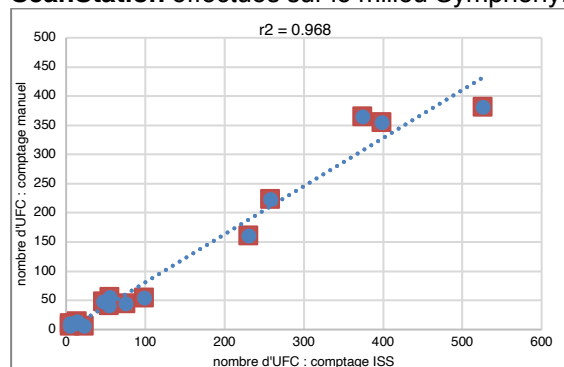


Figure 7 : graphique de corrélation entre le dénombrement manuel et automatique des levures et des moisissures par le ScanStation (ISS) sur Symphony.

Le coefficient de corrélation R^2 montre une valeur proche de 1, ce qui signifie qu'il n'y a pratiquement pas de différence entre le dénombrement manuel et le dénombrement par le **ScanStation**. Le **ScanStation** est donc performant pour l'analyse des levures et des moisissures sur milieu Symphony.

3.b. Graphique de la charge microbienne en temps réel

Des graphiques de croissance en temps réel ont également été établis pour chaque micro-organisme (**figures 8 à 14**). Un délai avant résultat (TTR) a été mis en place lorsque la valeur des UFC atteignait 85 % du résultat final.

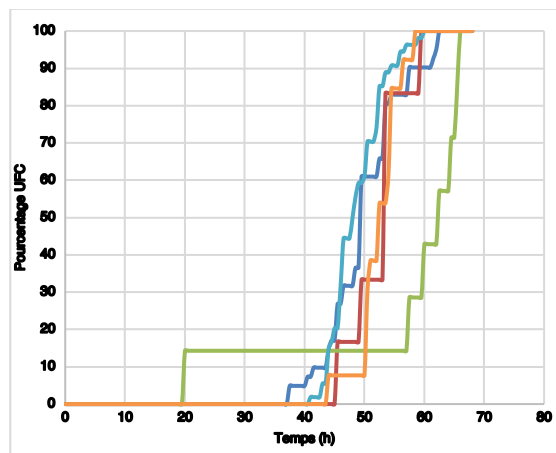


Figure 8 : courbes de croissance agrégées de *Penicillium* cultivé sur Symphony avec une valeur moyenne de 85 % TTR = 57 h.

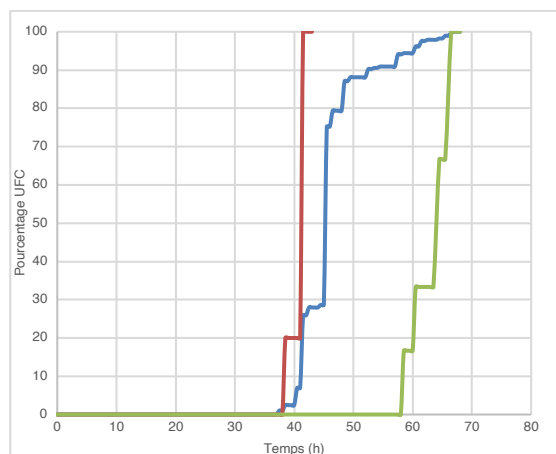


Figure 9 : courbes de croissance agrégées de *Zygosaccharomyces* cultivées sur Symphony avec une valeur moyenne de 85 % TTR = 48,5 h.

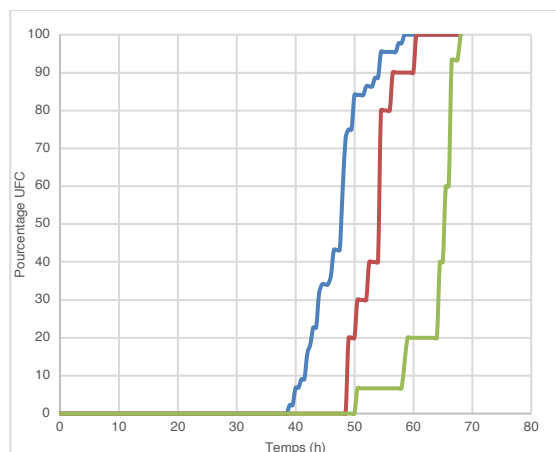


Figure 10 : courbes de croissance agrégées d'*Aspergillus* cultivées sur Symphony avec une valeur moyenne de 85 % TTR = 56 h.

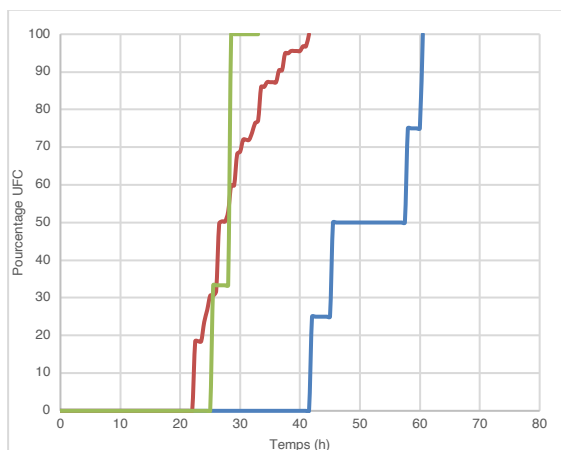


Figure 11 : courbes de croissance agrégées de *Mucor* cultivé sur Symphony avec une valeur moyenne de 85 % TTR = 33,5 h.

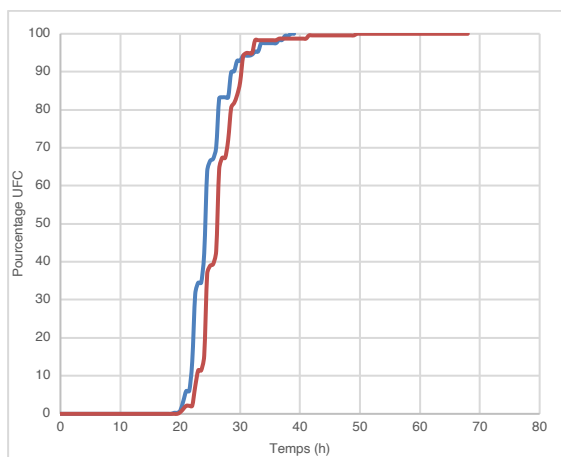


Figure 12 : courbes de croissance agrégées de *Torulopsis* cultivées sur Symphony avec une valeur de TTR moyen de 85 % = 29,25 h.

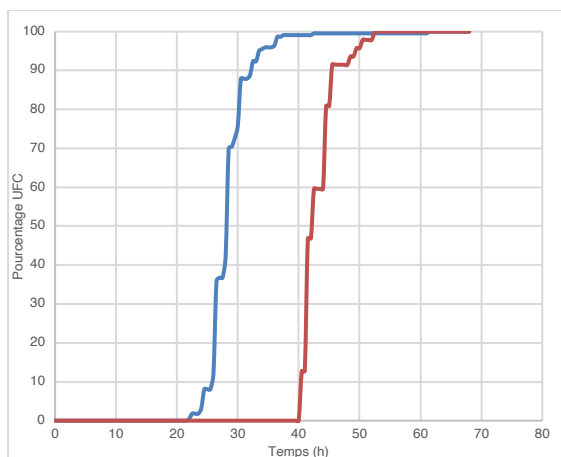


Figure 13 : courbes de croissance agrégées de *Saccharomyces* cultivées sur Symphony avec une valeur moyenne de 85 % TTR= 38 h.

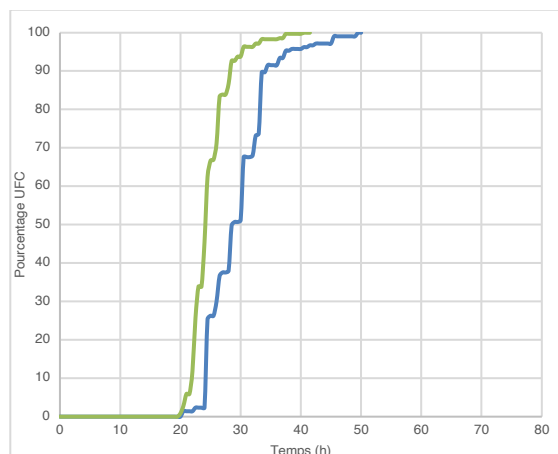


Figure 14 : courbes de croissance agrégées de *Candida* cultivées sur Symphony avec une valeur moyenne de 85 % TTR= 30,74 h.

La lecture du TTR permet d'anticiper le résultat du dénombrement sur le milieu Symphony et donne donc à l'utilisateur la possibilité de définir à l'avance une action corrective, si nécessaire. Par exemple, sachant que le TTR de 85 % des *Candida* est de 30,75 h, un utilisateur lisant 170 colonies à $t = 30,75$ h pourrait estimer le nombre total d'UFC pour cet échantillon à 200 UFC. Le total exact sera confirmé à la fin de l'incubation. La précision du TTR moyen de 85 % peut être augmentée par l'utilisateur en effectuant un nombre significatif d'échantillons dans les mêmes conditions.

3.c. Photos représentatives de la croissance d'un micro-organisme en temps réel sur le milieu Symphony

La **figure 15** montre l'exemple d'*Aspergillus* (échantillon 2965) à $t = 0$, $t = 49,5$ h et $t = 65$ h :

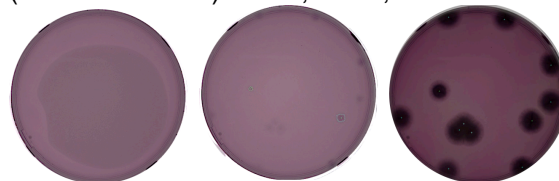


Figure 15 : photos représentatives de la croissance en temps réel d'*Aspergillus* de l'échantillon #2965 sur Symphony.

4. Support TBX

4.a. Comparaison du dénombrement manuel et du dénombrement par le ScanStation

Ces analyses ont été réalisées avec des échantillons naturellement contaminés provenant de différentes industries alimentaires de contrôle de la qualité. La croissance d'*Escherichia coli*

positif à la bêta-glucuronidase sur le milieu TBX était donc conforme aux conditions de stress typiques fréquemment rencontrées lors des analyses bactériennes quotidiennes.

Le **tableau complémentaire 10** montre la lecture manuelle et automatique des colonies d'*E. coli* après croissance sur milieu TBX. La valeur de cette lecture est rapportée en log d'UFC comptés. La différence entre la lecture manuelle et la lecture automatique a été calculée et la différence de 0,3 log (valeur absolue) a été choisie comme seuil de signification statistique.

La majorité des résultats ne dépasse pas le seuil de 0,3 log d'UFC avec une moyenne totale de toutes les différences calculées égale à $0,12 \pm 0,09$ log d'UFC. Ces résultats ne montrent pas de différence significative. En outre, le graphique suivant (**figure 16**) montre la corrélation résumant tous les dénombrements manuels et **ScanStation** de la croissance d'*E. coli* sur le milieu TBX :

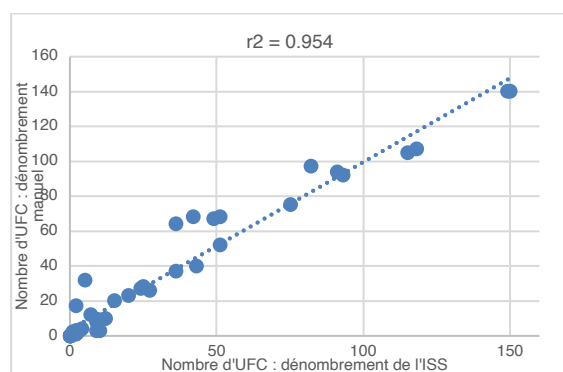


Figure 16 : graphique de corrélation entre le dénombrement manuel et automatique d'*E. coli* par le ScanStation (ISS) sur TBX.

Le coefficient de corrélation R^2 montre une valeur proche de 1, ce qui signifie qu'il n'y a pratiquement pas de différence entre le dénombrement manuel et le dénombrement par le **ScanStation**. Le **ScanStation** est donc performant pour l'analyse d'*E. coli* sur milieu TBX.

4.b. Graphique de la charge bactérienne en temps réel

Le graphique de la croissance en temps réel a également été réalisé pour chaque échantillon (**figure 17**). Un délai avant résultat (TTR) a été mis en place lorsque la valeur des UFC atteignait 85 % du résultat final.

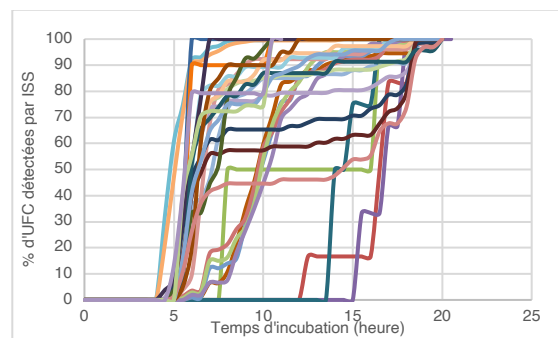


Figure 17 : courbes de croissance agrégées d'*E. coli* cultivé sur TBX.

Le temps de première détection varie de 5 h à 15,5 h et 85 % du résultat final est atteint avec une moyenne de $10,5 \pm 3,5$ heures. La large gamme de temps de première détection s'explique par les conditions intrinsèques des échantillons plaqués. En effet, ces échantillons ont été analysés dans des conditions réelles de laboratoire et ont donc subi différentes conditions de stress ayant un impact différent sur la croissance bactérienne. Cependant, la lecture TTR permet toujours d'anticiper les résultats d'*E. coli* sur le milieu TBX et donne donc la possibilité à l'utilisateur de définir à l'avance une action corrective, si nécessaire.

4.c. Photos représentatives de la croissance en temps réel d'E. coli sur le milieu TBX

La **figure 18** montre l'exemple de l'échantillon 5371 à $t = 0$, $t = 9$ h et $t = 17$ h :

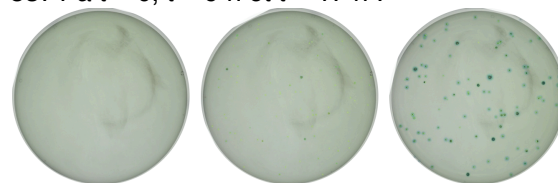


Figure 18 : photos représentatives de la croissance en temps réel de *E. coli* de l'échantillon #5371 sur TBX.

Discussion

La corrélation entre le dénombrement manuel de référence et le dénombrement automatique du **ScanStation** a prouvé que cet appareil est très performant pour détecter une grande variété de types de colonies sur différents milieux. En effet, dans cette étude, l'analyse du dénombrement de *Staphylococcus* spp. sur Baird Parker, de coliformes sur VRBL, de levures et de moisissures sur Symphony et d'*E. coli* sur TBX a montré une corrélation de plus de 95 % entre les deux méthodes. Ces

résultats démontrent que la méthode de dénombrement par le **ScanStation** est précise et fiable. Par conséquent, le **ScanStation** est un équipement pertinent qui peut être intégré dans un laboratoire de R&D ou de contrôle de qualité d'une industrie alimentaire.

La fiabilité du dénombrement du **ScanStation** est assurée par le suivi en temps réel de la croissance des colonies. Ainsi, le **ScanStation** effectue le dénombrement d'un échantillon en détectant la formation dynamique de chaque colonie pendant toute la durée de l'incubation. Cette méthode permet d'obtenir des comptages aussi proches que possible du nombre réel de colonies sur la plaque. En effet, la possibilité de suivre la croissance des colonies en temps réel permet d'éviter de manquer des colonies qui se chevauchent, ce qui se serait produit avec un compteur de colonies automatique classique à point final, ou manuellement (faux négatif). En outre, l'image T0 de la plaque prise au moment où elle est chargée dans le **ScanStation** et avant le début de la croissance est utilisée comme référence de tare pour l'analyse. Cette première image permet donc d'éliminer toutes les particules initiales (bulles dans la gélose, fragments solides de l'échantillon...) qui pourraient être présentes sur la plaque, et de ne prendre en compte que l'apparition dynamique des colonies, réduisant ainsi les faux positifs.

La lecture en temps réel permet également de suivre les trois phases de la croissance microbienne. Ces trois phases sont représentées sur le graphique de la **figure 0**. La première

phase, appelée phase de latence, se déroule de $t = 0$ à $t = 6$ h et aucune colonie n'est visible sur la boîte de Petri. La deuxième phase, appelée phase logarithmique, suit de $t = 6$ à $t = 8$ h. C'est pendant cette phase-là plus courte que la majorité des colonies apparaissent sur la boîte de Petri. La troisième phase entre $t = 8$ et $t = 24$ h est la phase stationnaire durant laquelle la taille des colonies déjà apparues continue de croître mais aucune nouvelle colonie n'apparaît. Au moment $t = 8$ h correspondant au début de cette troisième phase, le résultat final est déjà achevé et disponible contrairement à la méthode de référence qui requiert une période d'incubation de 24 heures. Pendant cette période d'anticipation, une action corrective en amont de la production pourrait être mise en place dans le cas d'un seuil d'UFC atteint ou le lot de production pourrait être libéré plus rapidement qu'avec la méthode classique. Par conséquent, le résultat anticipé pourrait réduire de manière significative les coûts de production pour une entreprise qui travaille avec des produits ultra-frais comme les produits laitiers ou les viandes fraîches. De plus, pour la détection d'un pathogène pour lequel le critère de présence/absence est obligatoire, la détection de la première colonie est encore plus rapide que le résultat final. En effet, dans cette étude, le suivi en temps réel des colonies par le **ScanStation** a permis de gagner 60 à 74 % du temps d'incubation pour la détection des bactéries et 52 pour la détection des levures et moisissures par rapport à la méthode classique (**figure 19**).

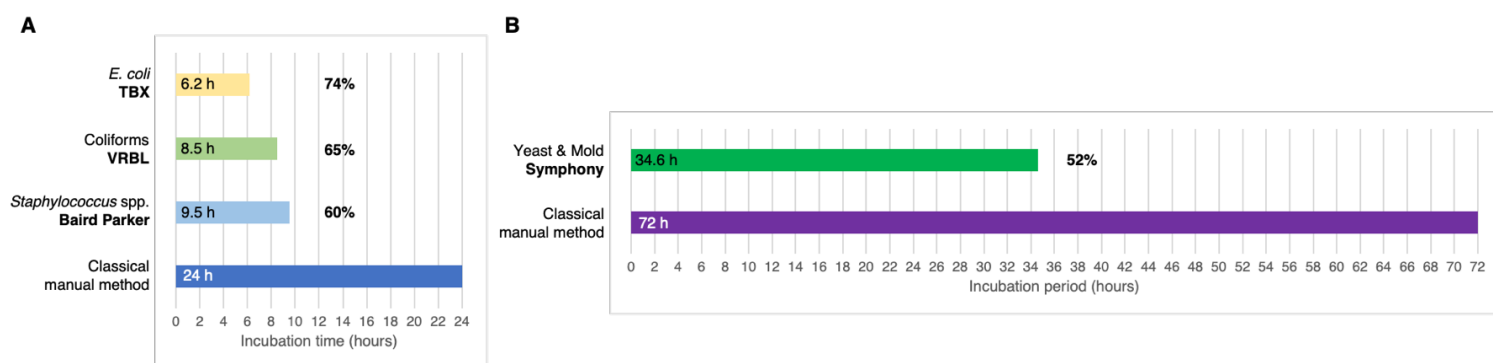


Figure 19 : première détection comparée au point final à 24 heures pour *Staphylococcus* spp. sur Baird Parker, coliformes sur VRBL et *E. coli* sur TBX et à 72 heures pour les levures et moisissures sur Symphony.

D'après le **tableau 1**, les quatre milieux différents ont été incubés à des températures différentes. Cependant, le **ScanStation** ne contient qu'une seule chambre d'incubation avec une seule température définie. Par conséquent, seule une analyse multi-lots est possible avec ces milieux à

ces températures. Une nouvelle étude est en cours afin de déterminer la température optimale pour effectuer toutes les analyses sur un seul lot afin de synchroniser tous les résultats attendus d'un laboratoire de routine de R&D ou de contrôle de qualité dans l'industrie alimentaire.

Conclusion

À la lumière des résultats discutés dans cette étude, qui montrent une corrélation significativement élevée entre le comptage automatique des UFC du **ScanStation** et le "vrai comptage" vérifié par un opérateur humain avec toutes les photos prises pendant le cycle d'incubation, nous recommandons en toute confiance l'utilisation de la **ScanStation** pour le contrôle de la qualité de la production. En outre, l'étude du temps nécessaire pour obtenir un résultat donne un aperçu de la cinétique de croissance de chaque souche qui peut être

Remerciements

Les auteurs souhaitent exprimer leur gratitude à l'ensemble du personnel impliqué dans la rédaction, la révision et l'édition de cette note d'application. En particulier, nous remercions les clients qui ont travaillé avec nous pendant

utilisé, s'il est reproduit et validé dans le laboratoire où il devrait être installé, pour raccourcir le temps de détection afin de réduire les coûts de production dans l'industrie alimentaire. Le **ScanStation** est particulièrement adapté aux laboratoires réglementés, car le logiciel conforme à la norme 21 CFR part 11 offre à l'utilisateur une intégrité et une traçabilité totales des données.

Pour notre part, nous prévoyons d'autres recherches pour évaluer la mono-température dans la **ScanStation** dans des secteurs tels que l'industrie alimentaire, pharmaceutique ou cosmétique.

de nombreuses itérations du logiciel et ont partagé leurs données pour nous aider à réaliser la version la plus efficace à ce jour. En interne, nous remercions nos experts en microbiologie, Sylvie Viboud, Emilie Tran et Manon Laborie, pour leur orientation, leurs conseils et le traitement des données.

Annexes

Sample number	Enumeration (CFU log)		Difference (absolute value)
	TC	ISS	
5319	0.90	0.90	0.00
5320	1.43	1.38	0.05
5321	1.48	1.43	0.05
5322	0.85	0.85	0.00
5323	1.43	1.41	0.02
5324	0.00	0.00	0.00
5325	1.80	1.80	0.00
5326	2.01	1.98	0.03
5328	1.20	1.08	0.12
5329	1.20	1.26	0.05
5330	1.28	1.28	0.00
9231	1.45	1.45	0.00
9232	1.71	1.71	0.00
9233	1.54	1.54	0.00
9234	1.45	1.45	0.00
9235	1.40	1.40	0.00
9236	1.40	1.40	0.00
9238	1.40	1.40	0.00
9239	1.73	1.73	0.00
9240	2.23	2.24	0.00
9241	1.58	1.58	0.00
9242	2.16	2.16	0.00
9243	1.64	1.64	0.00
9245	1.08	1.08	0.00
9246	1.89	1.89	0.00
9247	2.10	2.21	0.10
9248	0.30	0.30	0.00
9250	1.74	1.78	0.04
9251	1.00	1.00	0.00
9252	1.04	1.04	0.00
9253	1.08	1.08	0.00
9254	1.26	1.26	0.00
9255	1.08	1.08	0.00
9256	1.73	1.73	0.00
9257	0.95	1.00	0.05
9258	1.08	1.08	0.00
Average calculated difference			0.01
Standard deviation			0.02

Tableau supplémentaire 1 : Comparaison entre le comptage réel (TC) et le comptage automatique (ISS) des *Staphylococcus* spp. sur Baird Parker.

Sample number	Enumeration (CFU log)		Difference (absolute value)
	TC	ISS	
3959	0.90	0.85	0.06
3965	0.90	0.90	0.00
3972	0.90	0.90	0.00
3977	0.90	0.90	0.00
5348	0.95	1.00	0.05
4027	0.95	1.20	0.25
3961	1.00	1.00	0.00
2504	1.15	1.15	0.00
4007	1.15	1.18	0.03
4057	1.15	1.18	0.03
5579	1.15	1.36	0.22
4010	1.32	1.30	0.02
3978	1.36	1.36	0.00
5364	1.38	1.34	0.04
3967	1.38	1.38	0.00
3147	1.40	1.20	0.19
5584	1.41	1.38	0.03
3996	1.41	1.41	0.00
5585	1.45	1.30	0.15
4017	1.46	1.46	0.00
3984	1.49	1.48	0.01
3970	1.49	1.49	0.00
3986	1.52	1.51	0.01
3966	1.57	1.57	0.00
4052	1.57	1.59	0.02
5581	1.67	1.92	0.25
3975	1.72	1.72	0.00
4015	1.72	1.73	0.02
4016	1.80	1.82	0.02
3983	1.81	1.81	0.01
4047	1.86	1.81	0.05
3974	1.90	1.90	0.00
3998	1.94	1.93	0.01
4071	1.97	1.96	0.00
3985	1.98	1.96	0.02
3962	1.99	1.99	0.00
5582	1.99	2.00	0.02
4006	2.00	2.00	0.01
4075	2.06	2.02	0.04
4072	2.07	2.03	0.04
3957	2.15	2.15	0.00

3993	2.16	2.14	0.02
2500	2.17	2.17	0.00
4074	2.17	2.15	0.03
4073	2.18	2.15	0.03
5576	2.32	2.38	0.06
4011	2.40	2.40	0.00
Average calculated difference			0.04
Standard deviation			0.04

Tableau supplémentaire 2 : Comparaison du comptage réel (TC) et automatique (ISS) des coliformes sur le VRBL.

Sample number	Enumeration (CFU log)		Difference (absolute value)
	Manual	ISS	
2962	1.73	1.61	0.12
2963	0.70	0.78	0.08
2994	2.00	1.73	0.27
2995	1.15	1.11	0.04

Tableau complémentaire 3 : Comparaison entre le comptage réel (TC) et le comptage automatique (ISS) de *Penicillium* sur Symphony.

Sample number	Enumeration (CFU log)		Difference (absolute value)
	Manual	ISS	
3006	1.36	0.78	0.58
2974	2.72	2.58	0.14
2975	1.74	1.74	0.00

Tableau supplémentaire 4 : Comparaison du comptage réel (TC) et automatique (ISS) de *Zygosaccharomyces* sur Symphony.

Sample number	Enumeration (CFU log)		Difference (absolute value)
	Manual	ISS	
2964	1.88	1.64	0.23
2965	1.08	1.00	0.079

Tableau complémentaire 5 : Comparaison du comptage réel (TC) et automatique (ISS) d'*Aspergillus* sur Symphony.

Sample number	Enumeration (CFU log)		Difference (absolute value)
	Manual	ISS	
2998	2.36	2.20	0.16
2966	0.70	1.00	0.30

Tableau supplémentaire 6 : Comparaison du comptage réel (TC) et automatique (ISS) de *Mucor* sur Symphony.

Sample number	Enumeration (CFU log)		Difference (absolute value)
	Manual	ISS	
2971	2.57	2.56	0.01
3003	2.30	2.37	0.07

Tableau complémentaire 7 : Comparaison du comptage réel (TC) et automatique (ISS) de *Torulopsis* sur Symphony.

Sample number	Enumeration (CFU log)		Difference (absolute value)
	Manual	ISS	
2973	2.41	2.35	0.06
3005	1.67	1.67	0.00

Tableau supplémentaire 8 : Comparaison entre le comptage réel (TC) et le comptage automatique (ISS) de *Saccharomyces* sur Symphony.

Sample number	Enumeration (CFU log)		Difference (absolute value)
	Manual	ISS	
3001	2.60	2.55	0.05
2968	2.41	2.33	0.08

Tableau supplémentaire 9 : Comparaison entre la numération réelle (TC) et la numération automatique (ISS) de *Candida* sur Symphony.

Sample number	Enumeration (CFU log)		Difference (absolute value)
	Manual	ISS	
4042	0.95	0.90	0.05
4044	0.00	0.00	0.00
4058	0.48	0.48	0.00
4059	0.00	0.00	0.00
4061	0.30	0.48	0.18
4064	0.85	1.08	0.23
4066	0.30	0.00	0.30
5370	0.60	0.60	0.00
5371	1.97	1.96	0.01
5372	2.07	2.03	0.04
5373	2.18	2.15	0.03
5374	2.17	2.15	0.02
5375	2.06	2.02	0.04
5411	1.63	1.60	0.03
5436	0.95	0.48	0.47
5437	1.00	0.95	0.05
5438	1.00	0.48	0.52
5440	0.30	1.23	0.93
5441	0.70	1.51	0.81

Sample number	Enumeration (CFU log)		Difference (absolute value)
	Manual	ISS	
5442	1.08	1.00	0.08
5456	1.69	1.83	0.14
5457	1.71	1.72	0.01
5458	1.96	1.97	0.01
5459	1.91	1.99	0.08
5460	1.40	1.45	0.05
5461	1.56	1.57	0.01
5468	1.88	1.88	0.00
5469	1.62	1.83	0.21
5470	1.38	1.43	0.05
5471	1.43	1.41	0.02
5472	1.30	1.36	0.06
5473	1.18	1.30	0.12
5474	1.71	1.83	0.12
5497	1.56	1.81	0.25
4046	0.30	0.48	0.18
4030	0.00	0.30	0.30
4031	0.00	0.30	0.30
4033	0.30	0.00	0.30

Tableau supplémentaire 10 : Comparaison entre le comptage réel (TC) et le comptage automatique (ISS) d'*E. coli* sur TBX.