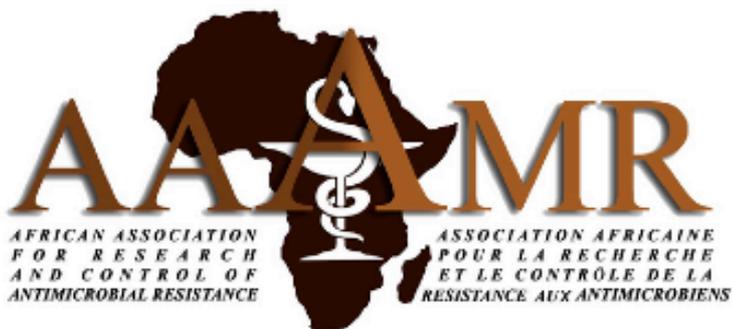




AAAMR
3rd CONGRESS

08-10 FEBRUARY
2023
INSP, ABIDJAN
CÔTE D'IVOIRE



Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?

PRESIDENT'S WORD



Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?

President's word



Pr. Abdoulaye Djimde

Dear Participants,

The African Association for Research and Control of Anti-Microbial Resistance (AARAM) is delighted to welcome you to its 3rd Congress being held in Abidjan, the beautiful capital city of the Republic of Côte d'Ivoire. This Congress is being held at a critical time of remission of the Covid-19 pandemic that has shaken the World with millions of deaths.

AARAM is a scientific association created in 2017 in Bamako, Mali, which brings together under the same roof actors in Bacteriology, Mycology, Parasitology, Virology and One Health. Antimicrobials are drugs used to prevent and treat the above mentioned infections in humans, animals or plants. Antimicrobial resistance is constantly increasing in the World and particularly in Africa where the technical platforms for management are not adequate. Financial resources to develop simple diagnostic tools for better therapeutic decision making are insufficient. Good infection prevention practices are not known, ignored or not applied due to financial constraints. In the twilight of the Covid-19 pandemic, Africa is not immune to new global health challenges. Indeed, antimicrobial resistance is a true "neglected pandemic" that is causing suffering and deaths in our hospitals. Despite all these difficulties, we are convinced that the African genius will awaken and will allow you during these 3 days to propose innovative solutions and to interact with your colleagues from different countries of the World.

You will attend conferences on antimicrobial resistance and you will be informed of the latest advances in terms of treatment, research and African solutions. We have chosen a mixed mode (face-to-face and virtual) so that you can adapt and benefit from this congress wherever you are in the World.

We are very grateful to the speakers who have agreed to share their expertise during this 3rd conference. We also hope that you will enjoy meeting old friends in person, meeting new ones and having a good time for future South-South collaborations.

We would like to take this opportunity to thank our partners who made this congress possible, the scientific committee and the local organizing committee. All of Africa is very grateful for your support and interest in this topic, which will be the scourge of the future if we are not careful.

We invite you to attend the general assembly that will be held on Friday, February 10, 2023 at 2:30 pm in the plenary room. This is the place to join AAAMR and participate fully in the future activities of our association.

We thank you for coming to Abidjan or for your participation online and wish you a pleasant, interactive and productive conference!

Akwaba !

Prof Abdoulaye DJIMDE
President AARAM

Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?

Word from Prof. Dosso
Scientific Chair of the 3rd AAAMR
Congress



Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?



**Directeur de l'Institut Pasteur de
Côte d'Ivoire
mireilledosso@pasteur.ci**

Pr. Mireille Dosso

Le présent congrès de l'association africaine pour la recherche et le contrôle de la résistance aux anti microbiens sur la RAM est une formidable opportunité pour faire le point sur la problématique des résistances en Afrique. Notre continent est mondialement connu pour les nombreuses épidémies : SIDA, Grippe, Ebola, COVID... Les maladies infectieuses sont notre quotidien. Mais de nouveaux problèmes de santé comme les résistances des microorganismes : tuberculose ultrarésistante, Entérobactéries multirésistantes, Plasmodiumrésistant émergent. Les nouveaux mécanismes génétiques de résistances font désormais l'actualité dans les laboratoires de notre continent. Des malades, adultes et enfants, meurent chaque jour dans l'anonymat. Les antibiotiques deviennent malheureusement de moins en moins efficaces. De plus, les nouvelles molécules produites par les firmes des pays du Nord ne sont pas disponibles dans nos pays et ne sont pas accessibles compte tenu du faible pouvoir d'achat de nos populations. Nous devons absolument d'une part mettre en place des programmes de formation réguliers à destination des professionnels de santé et d'autre part de sensibiliser les populations aussi bien dans les villes que dans les campagnes. Les responsables sanitaires et les gouvernements doivent prendre cette lutte contre la RAM à bras le corps et en faire une lutte nationale comme ils l'ont fait pour le SIDA et la COVID. De plus, nous devons tous être concernés par ce fléau rampant qui mine nos populations à bas bruit. Excellent congrès à tous.

ORGANIZING COMMITTEE



Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?

Chair of the Organizing Committee

President of International Committee :	Abdoulaye DJIMDE
Vice-President of the International Committee:	Judith TORIMIRO
Scientific President:	Mireille DOSSO
President of the local Committee :	William YAVO
Vice-President of the local Committee:	Konan Dominique TANO

The Scientific Committee

President : Judith TORIMIRO Cameroun Virologie

Members	Countries	Affiliation
Odile OUWE MISSI OUKEM	Mali	Parasito/viro/bactério
Hervé MENAN	Côte d'Ivoire.	Parasitologie/Mycologie
Adele Kacou N'DOUBA	Côte d'Ivoire	Bacteriology/Virology
Andre TOURE	Côte d'Ivoire	Parasitologie
Issiaka SOULAMA	Burkina Faso	Parasitologie
Almoustapha I. MAIGA	Mali	Bactériologie/Virologie
Serge EHOLIE	Côte d'Ivoire	Maladies infect. et Tropicale
Alphonsine MBENGUE	Côte d'Ivoire	Bactériologie/Virologie
Lassina TIMBINE	Mali	Bactériologie/Virologie
Ibrahima GUINDO	Mali	Bactériologie/Virologie
Mamadou TEKETE	Mali	Parasitologie
Bassirou DIARRA	Mali	Bactériologie/Virologie
Nathalie GUESSENND	Côte d'Ivoire	Bacteriologie
Nada BOUKLATA	Maroc	Bacteriology/Virology
Bassirou BONFOH	Côte d'Ivoire	Santé animale
Abel WADE	Cameroun	Vétérinaire
Alamedji RAHINATOU	Togo	Vétérinaire
Mounerou SALOU	Togo	Bacterio/virologie
Satigui SIDIBÉ	Mali	Vétérinaire
Abdoul Salam OUEDRAOGO	Burkina Faso	Bactériologie/Virologie
Djeneba B FOFANA	Mali	Bactériologie/Virologie
Sanata BAMBA	Burkina Faso.	Parasitologie/Mycologie
Daouda MINTA	Mali	Infectiologie
Armel PODA	Burkina Faso	Infectiologie
Fabien NIAMA	Congo	Bactériologie/Virologie
Seni JEREMIAH	Tanzania	Microbiologie
Willy SSENGOOBA	Uganda	Microbiologie
Placide MBALA-KINGEBENI	DRC	Virologie
Grant Theron	South Africa	Microbiologie
Khalid SADKI	Maroc	Biologie_Immunologie

Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?

Alaa A. Youssef ABOUELFETOUH	Egypte	Microbiology/ Immunologie
Hassiba Tali- MAAMAR	Algérie	Microbiologie
Halimatou Diop	Sénégal	Bactériologie/Virologie
Abdourhamane SOW	Burkina Faso	Bactériologie/Virologie
Réné DEMBÉLÉ	Burkina Faso	Biologie/Biochimie
Sam KARIUKI	Kenya	Bactériologie/Virologie
Henri Gautier OUEDRAOGO	Burkina Faso	Bactériologie/Virologie
Abdou Asaque ZOURÉ	Burkina Faso	Génétique/Biologie Mol
Aminatou KONÉ	Mali	Parasitologie/Mycologie
Souleymane DAMA	Mali	Parasitologie/Mycologie
Valérie GBONON MBENGUE	Côte d'Ivoire	Bactériologie/Virologie
Adama Zida	Burkina Faso	Parasitologie/Mycologie
Ina Dinkorma OUOLOGUEM	Mali	Biologie Cellulaire
Ibrahim SANGARE	Burkina Faso.	Parasitologie/Mycologie
Joseph FOKAM	Cameroun	Virologie
Chantal G. Akoua-Koffi	Côte d'Ivoire	Bactériologie/Virologie
Dominique Tano	Côte d'Ivoire	Parasitologie/Mycologie
Mohamed AG BARAIKA	Mali	Microbiologie
Laure NGANDO	Cameroun	Microbiologie
Emilia Lyonga	Cameroun	Microbiologie
Jane Francis AKOACHERE	Cameroun	Microbiologie
Asher KABRAN	Côte d'Ivoire	Bactériologie/Virologie
Dinanibè KAMBIRÉ	Burkina Faso	Microbiologie
Serge BAGRE	Burkina Faso	Microbiologie
Aristophane TANON	Côte d'Ivoire	Maladies infect. et Tropicale
Valerie BEDIA	Côte d'Ivoire	Parasitologie/Mycologie
Estelle KONE	Côte d'Ivoire	Parasitologie/Mycologie
Oumar DOLO	Mali	Bio-informatique
Thimothée OUASSA	Côte d'Ivoire	Bactériologie/Virologie
Raymond N'GUESSAN	Côte d'Ivoire	Bactériologie
Rosan N'GOME	Cameroun	Microbiologie
Oumou MAIGA	Mali	Parasitologie/Mycologie
Paterne GNAGNE	Côte d'Ivoire	Parasitologie/Mycologie
Thomas TONI D'ACQUIN	Côte d'Ivoire	Biologie Moléculaire
Fatoumata KONE	Côte d'Ivoire	Biologie Moléculaire
Esther VOUNDI VOUNDI	Cameroun	Virologie

Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?

Communication-Information-Press Secretariat Committee

President : Almoustapha I. MAIGA Mali
Vices-Presidents : Abibatou KONATE-TOURE Côte d'Ivoire

Members	Countries
Issiaka SOULAMA	Burkina Faso
Adama GUINDO	Mali
Georgia DAMIEN	Bénin
Valérie GBONON MBENGUE	Côte d'Ivoire
Orphée Alerte Michelle KANGAH	Côte d'Ivoire
Kpongbo Etienne ANGORA	Côte d'Ivoire
Edmond KOUASSI	Côte d'Ivoire
Kipré Bertin GUEDE	Côte d'Ivoire

Sponsorship, Partnership and Fundraising Committee

President : Abdoulaye DJIMDE Mali

Members	Countries
Almoustapha I. MAIGA	Mali
William YAVO	Côte d'Ivoire
Odile OUWE MISSI OUKEM	Mali
Lassina TIMBINE	Mali
Mamadou TEKETE	Mali
Gerald MBOOWA	Ouganda
Naférima KONE	Côte d'Ivoire
N'Guessan Fidèle DIOBO	Côte d'Ivoire
Serge Brice ASSI	Côte d'Ivoire
David KOFFI	Côte d'Ivoire

Transport, Logistics and Accommodation Committee

President : Kigbafori Dieudonné SILUE

Côte d'Ivoire

Members	Countries
Karim TUO	Côte d'Ivoire
Aby Jérôme KOUAKOU	Côte d'Ivoire
Mamadou TEKETE	Mali
Dissiviél KPODA	Burkina Faso
Marius Trésor DABLE	Côte d'Ivoire
Fidèle BASSA	Côte d'Ivoire
Aboubakar TOURE	Côte d'Ivoire

Catering Commission

President : Serge Stéphane YAO

Côte d'Ivoire

Members	Countries
Akoua Valerie BEDIA-TANOH	Côte d'Ivoire
KOFFI Akissi Jeanne	Côte d'Ivoire
BROU Ella Christelle	Côte d'Ivoire
DIAHA-KOUAME Claude Aimée	Côte d'Ivoire

Environment and Safety Committee

President : Akpa Paterne GNAGNE

Members	Countries
Abdoul Karim COULIBALY	Côte d'Ivoire
Cathérine ADOU	Côte d'Ivoire

Health Commission

President : Konan Léandre LOUKOU

Côte d'Ivoire

Member : Landry TIACOH

Côte d'Ivoire

Speaker Biographies



Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?



Pr. Mireille Dosso

Madame le Professeure Mireille Carmen BRETIN épouse DOSSO est de nationalité ivoirienne, Marié, mère de 4 enfants. Elle est médecin, Professeur Titulaire de Microbiologie depuis 1994 et Directeur de l'Institut Pasteur de Côte d'Ivoire depuis 2004. En plus de ses nombreuses responsabilités académiques, Prof. Mireille DOSSO est également Présidente de l'ORMI-CI (Observatoire des Résistances des Microorganismes de CI), Rédacteur en chef de la revue BIOAFRICA, Responsable Comité Spécial Chargé du Confinement en Laboratoire du Virus de la Poliomyélite dans le cadre de la Commission Nationale de Certification de l'Éradication de la Poliomyélite, Membre du Comité national d'Experts Indépendants pour la vaccination et les vaccins (CNEIV) en Côte d'Ivoire, Membre du Comité national de lutte contre les Épidémies et de la Cellule d'Exécution Ebola (CI), Membre du Comité de Veille COVID (CI).

Ses domaines de compétence en matière de recherche concernent la Microbiologie appliquée et moléculaire, les Pathogènes responsables de maladies épidémiques et émergentes, les problèmes de santé publique (VIH/ SIDA, tuberculose, Choléra, fièvre jaune, méningites...), les écosystèmes hospitaliers (infections nosocomiales) et environnementaux ayant un impact sur les problèmes de santé publique.

Elle compte à ce jour 158 articles publiés et 145 encadrement de Thèses et de Mémoires dont 20 PhD.

Elle a reçu de nombreuses distinctions à savoir : Médaille Institut Pasteur (UNESCO/2005), Commandeur dans l'ordre du Mérite de l'éducation nationale (2006), Commandeur dans l'ordre du croisant vert des Comores (2007), Chevalier de l'Ordre du Mérite national de Côte d'Ivoire (2008), Médaille de l'Académie des Sciences d'Outre-Mer (Paris/2010), Prix Kwame Nkrumah Regional Scientific Awards 2011 (Addis Ababa/Ethiopia), Prix de la recherche du Président de la République de Côte d'Ivoire (2013), Chevalier de la Légion d'honneur (France/2014), ASLM Lifetime Achievement Award/2014, Commandeur du mérite nationale de Côte d'Ivoire (2021), Special WAHO award 2022 on laboratory leadership (Lomé/2022), Commandeur de l'ordre de la santé publique (Janvier 2023).



Pr. Bassirou Bonfoh

Bassirou holds a DVM and a PhD in epidemiology. He worked for 5 years (1995-2000) in West Africa as a livestock development program coordinator for Vétérinaires Sans Frontières. He went for a 4 year (2000-2004) epidemiology postdoctoral fellowship at the Swiss Federal Institute of Technology Zurich (ETHZ) and Swiss Tropical and Public Health Institute (Swiss TPH). He subsequently led for 4 years (2004-2008) a research group in the Horn Africa, West Africa and Central Asia where he contributed to validate the One Health concept. Between 2009-2018, he was the Managing Director of CSRS where he led the North-South science partnerships and diplomacy. He is since 2009 to date the Director of the consortium Afrique One contributing to the capacity development in One Health research. Bassirou is a guest lecturer at University of Liège (Belgium) and at the Pan African veterinary school (Senegal) where he is also the chair of the scientific advisory board. He is member and chair of most One Health initiatives. He is author and co-author of more than 220 scientific peer reviewed papers and fellow of the African Academy of Sciences. He is currently working to support ECOWAS in the development of the One Health coordination mechanism as well as the strategic plan. He is also promoting “Farmer dual training” in Côte d’Ivoire and Togo that will help to codesign with the IPNET-School of Technology the Guaranteed Minimum Agricultural Wage for a farmer as well as an agricultural socio-ecological and health insurance scheme.



Iruka N Okeke

Iruka N Okeke is Professor of Pharmaceutical Microbiology and a Calestous Juma Science Leadership Fellow at the University of Ibadan, Nigeria. She is a Fellow of the Nigerian and African Academies of Science. Her research group uses microbiology, genetic and genomic methods to investigate the mechanisms bacteria use to colonize humans, cause disease and gain drug resistance. She also studies laboratory practice in Africa, contributes to collaborative genomic surveillance for antimicrobial resistance and communicates about microbiology to a broad range of stakeholders.

Iruka is author/ co-author of several scientific articles and chapters as well as the books *Divining Without Seeds: The case for strengthening laboratory medicine in Africa* (Cornell Univ Press) and *Genetics: Genes, Genomes and Evolution*(Oxford Univ Press). A teacher scholar, she has mentored over a hundred research students, the majority of whom continue to work in science and health and will be 2023 recipient of the UK Microbiology Society's Peter Wildy Award.



Abdoulaye Djimde

Djimde is CAMES Professor of Parasitology and Mycology at the Malaria Research and Training Centre University of Science, Techniques and Technologies of Bamako, Mali and a Calestous Juma Research Leadership Fellow. He leads a dynamic research group whose primary focus is to understand how variations in the genomes of the malaria parasite, the human host, and the mosquito vector relate to disease outcomes like the spread of antimalarial drug resistance. His translational research programme uses molecular and genetic approaches to tackle important problems in malaria control.

As founding President of the Pathogens genomic Diversity Network Africa (PDNA, pathogens-dna.org), which includes scientists from 16 sub-Saharan African countries he leads efforts in bringing knowledge derived from pathogens genetics and genomics to help solve public health problems through research, training, capacity development and engagements activities with the communities, and health policy decision makers.

As a strong proponent of capacity building for African research and collaborative research networks, Djimde is also involved in good citizenship within the African research community. He was instrumental in the formation of the Worldwide Antimalarial Drug Resistance Network, on whose Scientific Advisory Board he serves. Currently he serves as coordinator of the West African Network for Clinical Trials of Antimalarial Drugs (WANECAM, wanecam.org), and President of the African Association for research and control of AntiMicrobial Resistance (AAAMR, africaamr.org). To date he has published more than 200 peer reviewed original research in the scientific literature.



Almoustapha I. Maiga

Almoustapha I. Maiga, PhD, is a Research Professor of Molecular Virology at the School of Pharmacy, University of Sciences Techniques and Technologies of Bamako (USTTB) in Mali. Dr. Maiga has conducted medical research for more than 20 years, focused on understanding the molecular epidemiology of HIV drug resistance, clinical and biological care management of HIV infected patients, emerging viral infections such as Ebola, dengue, and SARS-CoV-2, and other viral diseases. At present, Dr. Maiga is the Director of the Department of Medical Biology at the Gabriel Touré University Teaching Hospital in Bamako, Mali. He is also the Head of Molecular and Epidemiology of the HIV Drug Resistance Laboratory at the University Clinical Research Center (UCRC) at the USTTB. Dr. Maiga is Vice President of the National Scientific Committee for HIV Treatment and Clinical Management at the Malian Ministry of Health. He is the President of the Malian Society of Virology (SOMAVIR) and AFRICA Virology Forum (AVF). He is a member of many working groups at the National Agency for Research on AIDS and Viral Hepatitis - emerging infectious diseases (ANRS-MIE) in France and the West African Network for TB, AIDS, and Malaria (WANETAM). He is the General Secretary of the African Association for Research and Antimicrobial Resistance in Africa (AAAMR) and a member in other international societies, including Therapeutic Solidarity and Initiative for Health (SOLTHIS), Expertise France, African Network of Practitioners Caring for Persons Living with HIV/AIDS (RESAPSI), International Aids Society (IAS), Early-treated Perinatally HIV-infected Individuals: Improving Children's Actual Life with Novel Immunotherapeutic Strategies (EPIICAL) Consortium, Malian Society for Antimicrobial Resistance (SOMARAM), and ASSAUT Hepatitis in Burkina Faso. He is also a member of the Scientific Committees of numerous regional and international conferences. He is a Principal Investigator or Co-Investigator on numerous National Institutes of Health (NIH) funded research project with Northwestern University in Chicago, and research projects with the Pitié-Salpêtrière Hospital at the Sorbonne University and University Pierre and Marie-Curie in Paris.

SCIENTIFIC PROGRAMME

Wednesday, 8 February 2023

7h00-9h00	Registration of participants		
9h00-10h30	Opening Ceremony Photo Session/Cocktail		
10h30-11h00	<p>Keynote 1 : Antimicrobial-resistant bacteria circulating in Nigerian hospitals: Genomic insights. <u>Iruka OKEKE, Ibadan University, Nigeria</u></p> <p>Keynote 2: Antiviral resistance to the most common viral co-infections (HIV, HBV and HCV) <u>Almoustapha I. MAIGA, USTTB</u></p> <p>Chair: Mireille DOSSO, Co-Chair : Abdoulaye DJIMDE</p>		
11h00-13h00	Oral Presentations		
	<p>Room 1</p> <p>SESSION 1 : Epidemiology of AMR</p> <p>Chair : Judith TORIMIRO Co-Chair : Asher KABRAN</p> <p>CO1 : R001 Profils genotypiques de tuberculeux eligibles au regime de deuxieme ligne en Côte D'Ivoire Bamba N, Orsot Bosso-Bai D A, Adade O, Adagra GD, Angu-Seck H, Coulibaly F, Nchakou B, Soro S, Yapou Fo, Ncho E, Koffi EA, Nguessan KR ;</p> <p>CO2 : R004 Profil de resistance aux antibiotiques des bacteries isolees des eaux</p>	<p>Room 2</p> <p>SESSION 2 : Epidemiology of AMR</p> <p>Chair : Aristophane TANON Co-Chair : Valerie BEDIA</p> <p>CO11: R017 Profil bactériologique et résistance aux antibiotiques des souches de <i>Bacillus cereus</i> isolées des selles d'enfants (0 à 5ans) à l'hôpital général de Port-Bouet (Abidjan) Yapi Cedric, Coulibaly Kalpy Julien², Britoh-Mlan Alice^{3,4}, Meité Syndou^{3,4}, Anné Jean Claude¹, Kouamé Elogne clarisse¹, Dosso Mireille^{1,3,4}</p>	<p>Room 3</p> <p>SESSION 3 : Epidemiology of AMR</p> <p>Chair : Abdoul Salam OUEDRAOGO Co-Chair : Estelle KONE</p> <p>CO21: R038 Profil moléculaire de résistance aux fluoroquinolones des souches de <i>Mycoplasma hominis</i> et <i>Ureaplasma urealyticum</i> chez les femmes à Bamako. Zoumana Sidibé</p> <p>CO22 : R042 Caracterisation phenotypique de la resistance aux antibiotiques des souches d'<i>Escherichia Coli</i> , de <i>Klebsiella spp</i> et de <i>Salmonella spp</i> isolees chez les humains, les animaux et dans l'environnement (<i>concept one</i>)</p>

Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?

<p>de puits a m'pody, village de la sous-prefecture d'anyama (Cote d'ivoire) <u>Agbessi B.T.</u>, Djatchi R. A, Gbagbo T. A., Lathro S, Amin N. C.</p> <p>CO3 : R006 Etude de l'écologie bactérienne des surfaces et dispositifs médicaux de la médecine interne (CHU de Treichville) <u>Kone-Dotia A.</u>, Tahou-Apete S., Djatchi R, Kouassi-Abgessi T, Lathro J.S, Cablan A, Krizo A, Zaba F, Ouassa T, Zinzendorf N. Y</p> <p>CO4 : R007 Profil de résistance aux bêta-lactamines et macrolides des souches de <i>Staphylococcus aureus</i> isolées à l'Institut Pasteur de Côte d'Ivoire dans le cadre d'une surveillance annuelle en 2021. <u>Guédé Kipré Bertin.</u>, Tiékoura Konan Bertin., Gbonon Valérie., Bamba Ahmed., Guessennnd Kouadio Aya Nathalie</p> <p>CO5: R008 Détection moléculaire de <i>Klebsiella pneumoniae</i> productrice de carbapénémases en milieu hospitalier, CHU Angré, 2021 <u>Sessegnon FA.</u> Yapi IAD, Coulibaly GAE, N'Goran EK, Edi IMEA, Bahan GAJ, Coulibaly-Diallo YM, Kacou N'Douba</p> <p>CO6: R009 Epidémiologie et profil de résistance aux antibiotiques des souches de <i>Staphylocoques</i> coagulase négative isolées au service de biologie médicale du CHU d'Angré en 2021 <u>Bahan GAJ.</u> Yapi IAD, Ahonzo Afmae, Edi IMEA, N'Goran SE, Kacou N'douba A</p> <p>CO7 : R010 <i>Pseudomonas aeruginosa</i> en milieu hospitalier: prévalence et profil de résistance aux antibiotiques, CHU Angré</p>	<p>CO12: R018 Détection moléculaire des gènes de résistance chez les bactéries des sols sous cultures maraichère <u>Coulibaly G.A.E.</u>, Pakora G.A, Essoh Y.C, Kacou N.A, Djaman A.J.</p> <p>CO13: R019 Evolution de la résistance antibactérienne d'<i>Escherichia coli</i> vis-à-vis des céphalosporines de troisième génération et des fluoroquinolones du réseau de surveillance de 2019 à 2021 <u>Konan K.F.</u>, Tiekoura K.B, Toty A, Guede K.B^[1], Ouattara M.B^[1, 2], Beudje F^[1], Mariko S.T^[1], Gbonon V.C^[1] et Guessennnd N^[1]</p> <p>CO14: R020 Prévalence de SARM dans les infections à <i>S aureus</i> au CHU de Yopougon <u>Meite S.</u> Mlan AB, Zaba F, Yapi J, Ouattara AA, Faye-kette H, Dosso M</p> <p>CO15 : R021 Resistance de <i>Neisseria Gonorrhoeae</i> aux antibiotiques en Cote d'ivoire <u>Yeo A.</u> Ngahane D.M.B., Kouame-Blavo B, Ouattara A, Yao A.C, Bazan F, Faye-Ketté H, Dosso M, Teodora WI, Unemo M</p> <p>CO16 : R022 Résistance aux antibiotiques des enterobacteries uropathogenes communautaires au chu d'angre, abidjan <u>Coulibaly-Diallo.</u> Yapi Iad, Kamara SM, Bahan Gal, Kacou N'douba A</p> <p>CO17 : R024 Caractérisation de la résistance bactérienne dans des milieux hydriques urbains et péri-urbains en Côte d'Ivoire <u>Coulibaly KJ.</u> Diaby AS, M'bangue-Gbonon VC, Vakou NS, Tiecoura KB, Bagre I, Dosso M</p> <p>CO18 : R025 Profil de resistance aux antibiotiques des bacteries responsables</p>	<p><i>health</i>) au laboratoire Rodolphe Merieux de Bamako – Mali <u>Ouédraogo J</u>, Traoré B, Sangaré A.K, Sidibé M, Sylla H, Sogodogo E, Timbiné L.G, Haukka K and Kouriba B</p> <p>CO23 : R043 Prevalence des infections genitales bacteriennes chez la femme au laboratoire du CHU point G <u>Maiga A.</u> Keita O, Dicko OA., Coulibaly DM., Traoré AM., Touré AB., Diarra ., Koné D.</p> <p>CO24: R044 Méta-analyse du profil des bactéries isolées dans les hémocultures et leur sensibilité aux antibiotiques au Mali de 2000 à 2020. <u>Ouédraogo Dramane.</u> Cissoko Y, Alle Akakpo E, Oumar AA, Guindo I, Konate I, Soumare M, Sogoba D, Magassouba O , Fofana A, Bougoudogo F, Dao S.</p> <p>CO25 : R048 Résistance primaire du bacille tuberculeux aux antituberculeux à Bamako, Mali. Traoré B, Samaké D, Coulibaly A, TimbinéLG, Sangaré AK, Ouédraogo J, Kouriba B</p> <p>CO26: R050 <i>Acinetobacter kempfiae</i> sp. nov., <i>Acinetobacter mediterraneus</i> sp. nov., and <i>Acinetobacter troglodytarum</i> sp. nov., three ertapenem-resistant new species isolated from Chimpanzee feces <u>Yacouba A.</u> Yimagou EK, Abdallah R, Dubourg G, Lagier J-C, Diatta G, Hernandez-Aguilar, Amanda Barciela R. A, Sokhna C, Mediannikov O, Rolain JM, Davoust B, Raoult D, Baron SA</p> <p>CO27: R051 Prévalences des bactéries multirésistantes isolées chez des patients suspects d'une infection urinaire communautaire dans la ville de Bobo-Dioulasso (Burkina Faso) <u>Muhigwa M.</u> Zongo E, Kaboré O, Ouedraogo A</p>
--	--	---

	<p>Edi IMEA, N'Goran EK, Yapi IAD, Bahan GAJ, Coulibaly-Diallo YM, Ahonzo AF, Kacou-N'Douba A</p> <p>CO8: R011 Surveillance de la résistance de <i>Streptococcus pneumoniae</i> à l'azithromycine en Côte d'Ivoire : enquête de portage nasopharyngé chez les enfants en 2022 Gbonon V. ; Sadate-ngatchou P; Toure F. Kipré B., Kouamé C, Toure D; Kangah T, Tiékoura B . Toty A, Kangah T, N'golo D, Guessennnd N, Dosso M, Dulli L</p> <p>CO9 : R015 Mycobacterium tuberculosis a sensibilité augmentée aux fluoroquinolones Orsot A, Bamba N, Adade O, Adagra GD, Angu-seck H, Coulibaly F, Nchakou B, Soro S, Yapo FO, Ncho E, Koffi EA, Nguessan KR</p> <p>CO10: R016 Profils de résistance aux antibiotiques des isolats de <i>Acinetobacter baumannii</i> dans les infections pédiatriques, CHU Angré, Abidjan. N'Goran EK, Edi IE, Sessegnon FA, Yapi IAD, Bahan GAJ, Coulibaly YM, Kacou A</p>	<p>d'infection respiratoire en période pré et post covid-19 en Côte d'Ivoire. Tiekoura K B, M'Bengue, Gbonon V C, Toty A A, Konan F K, Guedé K B, Ouattara M B, Guessennnd N K, Dosso M.</p> <p>CO19: R030 Comparison of the Xpert MTB/RIF and the GenoType® MTBDRplus for the detection of rifampicin resistance in suspected drug resistant tuberculosis patients in Bamako/Mali. Diarra B, Koné B, Dembélé M, Tekete M, Timbiné L, Guindo B, Maiga A, Djimdé A</p> <p>CO20: R037 Prévalence des infections génitales bactériennes chez la femme au laboratoire du CHU point G Maiga A., Coulibaly DM., Keita O., Dicko OA., Traore A., Diarra B., Toure AB., Kone D., Fane R., Dembele D., Maiga I.I.</p>	<p>CO28: R053 Profil de sensibilité aux antibiotiques des souches d'<i>Escherichia coli</i> isolées des pyocultures au laboratoire de bactériologie-virologie du CHUSS en 2020 Kambiré Dinanibè, Muhigwa Merci, Salgo Haoua, Odilon Kaboré, Zougmoré Arnaud, Ouédraogo W Henri Gautier, Kouanda Séni, Ouédraogo Abdoul-Salam</p> <p>CO29: R054 Occurrence of extended-spectrum beta-lactamase-producing <i>Escherichia coli</i> and <i>Klebsiella</i> spp. in urban agriculture, One Health approach in Ouagadougou, Burkina Faso Fatimata Bintou Josiane Diarra, Marguerite Edith M. Nikiema, Souleymane Sore, Evariste Bako, Zakaria Garba, Djifahamaï Soma, Zourata Guitti, Yentema Jacqueline Yonli, Nicolas Barro, Isidore Juste Ouindgueta Bonkougou</p> <p>CO30: R055 Portage et résistance aux antibiotiques du pneumocoque chez les enfants de moins de 5 ans au district sanitaire de Nouna, Burkina Faso Boubacar Coulibaly, Ali Sié, Dramane Kiemdé, Nestor Dembélé, Adama Compaore, Ousmane Dabo, Clarisse Dah, Lucienne Ouermi, Vicky Cevallos, Elodie Lebas, Jessica M. Brogdon, Jeremy D. Keenan, and Catherine E. Oldenburg</p>
13h00-14h00	<p style="text-align: center;">LUNCH and Poster Session 1</p> <p>P1: R002: Caractérisation des plasmides hébergés par les entérobactéries productrices de bêta-lactamases à spectre élargi d'origine humaine isolées de différents services du Centre Hospitalier et Universitaire (CHU) de Cocody à Abidjan, Côte d'Ivoire. Ouattara Mohamed Baguy, Toty Abalé Anatole, Konan Kouadio Fernique, Guede Kipré Bertin, Tiekoura Konan Bertin, Kouadio Kouamé Innocent, M'bengue Gbonon Valérie Carole, Guessennnd Nathalie Kouadio, Kamenan Alphonse, Dosso Mireille and Ger BMR.</p> <p>P2: R003 : Profil de résistance aux antibiotiques et formation de biofilm d'une biocollezione de <i>Acinetobacter baumannii</i> de l'Institut Pasteur de Côte d'Ivoire» Koumba-Koumba Cariolh, M'lan-Britoh Alice, Koumba-Koumba Cariolh, Méité Syndou, Cissé Souleymane, Toty Abale, Sevede Daouda, Yapi Jaures, Tiekoura Bertin, Koukou Akissi Viviane, Doumbia Mousa, M'Bengue Valerie, Guessennnd Nathalie, Faye -Kette H, Dosso M</p> <p>P3 R230 Résistance aux antibiotiques des souches de <i>Staphylococcus aureus</i> isolées des bactériémies au Mali : cas de cinq sites sentinelles de surveillance Sanogo H, Guindo I, Ag Baraika M, Mahamadou A, Kone KM, Diarra S, Gahimbare L, Bougoudogo S.</p>		

Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?

P4: R012 : Vérification de la méthode d'antibiogramme direct à partir de flacons d'hémocultures positives à l'Institut Pasteur de Côte d'Ivoire (IPCI) **Gbonon VC, Mariko ST, Kouame EC, Diane KM, Guessenn N**

P5: R013 : Étude de la sensibilité aux phages des souches d'Escherichia Coli multi-résistantes aux antibiotiques. **Essoh Christiane, Ayebie Arlette Jemima, KRA Kouakou Eugène, Kacou-N'Douba Adèle, Coulibaly Adama, Christine Pourcel**

P6: R023 : Prévalence de Staphylococcus aureus résistant à la méthicilline isolées dans les infections hospitalières, Centre Hospitalier et Universitaire d'Angré, 2021. **Ahonzon Afae, Bahan Gaj, Yapi Iad, Edi Imea, N'goran Se, Koffi S, Kacou N'douba A**

P7: R027 Prévalence des bactéries multi résistantes (BMR) isolées au CNRAO en 2021 et 2022. **Boni C, Gnegouri R, Lohore C, Ackah Benié J.**

P8: R028 Évolution de la résistance aux antibiotiques d'Escherichia coli responsable d'infections urinaires de 2017 à 2020 a l'Institut Pasteur de Côte d'Ivoire. **Kangah-N'goran Asseh Tatiana, Okpo-Boyou Sophia, Yapi Adompo Jaures Cedric, Kouame Elogne Clarisse, Dosso Mireille,**

P9: R029 Essais de biocontrôle du phage EbM3 contre Escherichia coli sur les surfaces de tomates . **Audrey A. Addablah, Emmanuella Adioumani, Eric E. Akpa, Solange Kakou-Ngazoa.**

P10: R031 Production de carbapénémases chez les souches de Klebsiella pneumoniae multi-résistantes isolées à Bamako de janvier à août 2022. **Sidibé M, Timbiné L.G, Ouedraogo J, Traoré B, Sangaré AK, Guindo I, Kouriba B**

P11: R036 Etude Epidémiologique et bactériologique de la tuberculose pulmonaire chez les PvVIH dans le cercle de Kolokani. **Dabo Garan, Traoré AM, Dara C, Minta DK**

P12: R039 Fréquence de la résistance aux antibiotiques des souches de mycoplasma et ureaplasma isolées des prélèvements vaginaux au centre d'inféctiologie Charles Merieux-Mali. **Timbiné LG, Wele F, Ouédraogo J, Traoré B, Sangaré AK, Tall M et Kouriba B**

P13: R040 Séquençage direct de l'ARN microbien pour le diagnostic au Centre Universitaire de Recherche Clinique (UCRC), Bamako-Mali. **Dramane Diallo, Amadou Koné, Fousseyni Kané, Tenin Aminatou Coulibaly, Daouda Keita, Mahamane T. Diakité, Ramatoulaye Diallo, Zeinabou Samaké, Mariama Diabaté, Amsatou Diallo, Souraley Emmanuel Kouame, Diakalia Dembele, Cheick Tidiane Togora, Fatoumata Camara, Oumou Maiga, Aaron Neal, Katy Saliba-Shaw, Ydrissa Sow, Mahamadou Diakité et Seydou Doumbia**

P14: R041 Evaluation du test GenoType® MTBDRsl V2 pour la détection de la résistance des mycobactéries aux médicaments antituberculeux de deuxième intention à Bamako, Mali. **Traore FG, Togo Acg, Drame Hb, Sanogo M, Sarro YS, Tolofoudie M, Baya B, Berthe G, Toloba Y, Sanou A, Diarra B, Sangare L, Saliba KS, Diarra B, Chen R, Doumbia S.**

P15 : R045 Pneumonie à Mycobacterium tuberculosis multirésistant : rapport d'un cas clinique chez un nourrisson de 3 mois dans le service de pédiatrie du CHU Hôpital du Mali. **Kané B, Diallo KW, Sangaré A, Traoré B, Camara MA, Reaoré. MM, Touré. BM.**

P16: R046 Evaluation de la résistance aux antibiotiques de staphylococcus aureus isolés à Bamako au Mali de Janvier 2020 à Décembre 2021. **Timbiné LG, Din B, Ouédraogo J, Traoré B, Sangaré AK et Kouriba B**

P17: R052 Profil de sensibilité aux antibiotiques des souches de Klebsiella pneumoniae isolées des infections du tractus urinaire au laboratoire de Bactériologie-Virologie au CHUSS, 2020. **Kambiré Dinanibè, Merci Muhigwa, Merveille Carmen Marthcelvie Bidounga Mpembe, Ouédraogo W Henri Gautier, Kouanda Sény, Ouédraogo Abdoul-Salam**

P18: R056 Recherche des bactéries multirésistantes dans les effluents du Centre Hospitalier Universitaire Souro Sanou et de la station d'épuration d'eau de la ville de Bobo-Dioulasso au Burkina Faso. **Muhigwa M, Sanou S, Kantagba D, Ouangraoua S, Poda A, Peris RE, Bernasconi A, Godreuil S, Ouedraogo AS**

P19: R060 Occurrence of Extended-Spectrum Beta-lactamase (ESBL)-producing E. coli and Klebsiella spp. among Humans, Beef Cattle and Environments in Ouagadougou. **Djifahamaï Soma, Evariste Bako, Zakaria Garba, Marguerite Edith M. Nikiema, Souleymane Sore, Fatimata Bintou Josiane Diarra, Jacqueline Yentema Yonli, Zourata Guitti, Nicolas Barro and Isidore Juste Ouindgeta Bonkougou**

P20 : R062 MALDI-TOF identification of Campylobacter isolated from patients consulted in private laboratories in France. **Dembélé R. Ducourneau A, Buissonnière A, Bruhl L, Megraud F, Bessède E, Barro N, Lehours P.**

P21 : R064 Caractérisation des gènes de virulence IceA1, IceA2, OipA et CagE de Helicobacter pylori dans des échantillons de selles au Burkina Faso . **Sana W Yasmine Astrid, Compaore T Rebeca, Compaore N Ines, Traore Lassina, Ouedraogo Henri Gautier, Jacques Simpore**

Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?

P22 : R067 Antibiotics susceptibility testinf of pneumococcal strains before the introduction of the thirteen-valent pneumococcal conjugate vaccine (PCV-13) in Burkina Faso. **D Kambire**, I Tonde , M Sanou, H G Ouedraogo, M Tamboura, M Congo /Ouedraogo, S Ouangraoua, A Ky/Ba, A A Zouré, G Sawadogo, K Cissé , AS Ouédraogo, O Ouedraogo, AP Yooda L Sangare, I Yameogo, L Mcgee, V Srinivasan, H M Soeters, F Aké8, S Zida, C V Beneden, I Meda, S Kouanda, Rasmata O/Traore.

14h00-16h00

Oral Presentations

Room 1

SESSION 4 : Epidemiology of AMR

Chair : Adele NDOUBA

Co-Chair: Rene DEMBELE

CO31: R057 Profil de résistances aux antibiotiques des souches d'*Escherichia coli* isolées des infections du tractus urinaire au Centre Hospitalier Universitaire Sourô Sanou de Bobo Dioulasso de Juin à Aout 2021
Gouba Nina Muhigwa Merci, Anagossi Ruth, Ouedraogo Abdoul-Salam

CO32 : R058 Profil de résistance aux antibiotiques des bactéries isolées au cours des fièvres aiguës au Centre Hospitalier Universitaire Souro Sanou et au Centre Médical avec Antenne Chirurgical de Dano (Burkina Faso)
Muhigwa M Yaldia W.E, Poda A, Godreuil S, Ouedraogo A-S

CO33: R059 Caractérisation des souches de *Staphylococcus aureus* isolées des plats cuisinés des zones industrielles, hospitalières et éducatives de la ville de Ouagadougou, Burkina Faso.
Bagre T.S, Illy D, Barro N

CO34: R061 Extended spectrum beta-lactamase and fluoroquinolone resistance genes among *Escherichia coli* and *Salmonella* isolates from children with diarrhea, Burkina Faso.

Room 2

SESSION 5 : Epidemiology of AMR

Chair : Joseph FOKAM

Co-Chair: Gautier H. OUEDRAOGO

CO41: R076 Caractérisation phénotypique de *E. coli* et *Klebsiella* spp. productrice de Bêta-lactamase à spectre étendu (BLSE) isolés de spécimen biologique en milieu hospitalier.

Zakaria Garba, Isidore O.J. Bonkougou, Jean Baptiste Goubgou, Sibiri A. Zongo, Diagnagou Nadinga, Ibrahima Karama, Patrick P. A. Vokouma, Alix L. W. Tiendrebeogo, Magloire H Natama, Lassana Sangare, Nicolas Barro, Kaisa Haukka, and Halidou Tinto

CO42: R078 Etude comparative de la résistance d'*Escherichia coli* isolées des aliments et des prélèvements cliniques au Laboratoire National de Santé Publique, Ouagadougou, Burkina Faso

Kpoda D.S., Somda N.S., Ilboudo A.H, Karfo P., Kabre E.

CO43: R084 Evaluation de la qualité microbiologique des aliments de volaille fabriqués dans deux communes de la Préfecture du Golfe-Lomé, Togo

Kagnissode S.A.M., Siliadin A. B. W., Ananivi K.D., Bali E., Agbonon A., Salou M.

CO44: R087 *Acinetobacter kempfiae* sp. nov., *Acinetobacter mediterraneus* sp. nov., and *Acinetobacter troglodytarum* sp. nov., three

Room 3

SESSION 6 : Epidemiology of AMR

Chair : Nathalie GUESSEND

Co-Chair: Dominique TANO

CO51: R100 Portage vaginal et profil de sensibilité aux antibiotiques du streptocoque du groupe B chez les femmes enceintes dépistées au Centre Pasteur du Cameroun
Ngome MR, Belinga S, Mbanzouen W, Tagne L, Abanda M, Sokeng E, Noubissi L, Ango M et Nzouankeu A

CO52: R101 Profil de résistance des souches de *Neisseria gonorrhoeae* isolées au Centre Pasteur du Cameroun de 2017 à 2022

Ngome MR, Belinga S, Mbanzouen W, Tagne L, Simo P, Abanda M, Sokeng E, Noubissi L, Ango M et Nzouankeu A

CO53: R104 Dynamique de résistance des bactéries prioritaires pour la surveillance de la résistance aux antimicrobiens en 2021 au Cameroun

Tseuko Dorine, Boade Laetitia, Tonmeu Sandrine, Awouma Alphonse, Mouchie Mouhamed Mocktar, Samuel Besong, Marie-Claire Okomo

CO54: R107 Evaluation de la connaissance sur la problématique de la résistance aux antimicrobiens des étudiants en fin de formation en santé dans trois universités de Dakar

Ka R, Niang AA, Diakhaby B, Samb S, Diagne R, Diop A, Dieye B, Sow AI

Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?

R. Dembélé, A. Konaté, O. Traoré, W.A.D. Kaboré, I. Soulama, A. Kagambèga, A.S. Traoré, N.K. Guessennd, A. Aidara-Kane, A. Gassama-Sow and N. Barro

CO35: R134 Epidémiologie de la cryptococcose chez les personnes vivant avec le virus d'immunodéficience humaine (VIH) au Mali.

Dama S, Niangaly A, Konate A, Garango A, Kone Ak, Djimde A, Doumbo S.

CO36: R065 Etude de cas descriptif des bactéries multirésistantes dans les effluents du Centre Hospitalier Universitaire de Sourou Sanou et de la station d'épuration d'eau de Bobo-Dioulasso au Burkina Faso

Muhigwa M, Sanou S, Kantagba D, Ouangraoua S, Poda A, Peris R.E, Bernasconi A, Godreuil S, Ouedraogo A-S

CO37 : R069 Isolement et caractérisation des souches d'actinomycètes productrices de substances antimicrobiennes à partir d'échantillons de sol prélevés dans la ville de Ouagadougou, Burkina Faso

Dissinviel Stephane Kpoda, Isiaka Traore, Sandrine Ouedraogo, Adam Partice Adama, Cheikna Zongo, Aly Sawadogo

CO38: R070 Isolement et caractérisation de *Escherichia coli* entéro-pathogénique et entéro-toxinogénique des produits laitiers consommés au Burkina Faso.

Bagre T.S, Barro N

CO39: R072 Détection et caractérisation moléculaire des Bacilles à Gram négatif (BGN) multirésistants en portage chez la mouche domestique dans la ville de Bobo-Dioulasso, Burkina Faso

ertapenem-resistant new species isolated from Chimpanzee feces

Yacouba A, Yimagou EK, Abdallah R, Dubourg G, Lagier J-C, Diatta G Hernandez-Aguilar, Amanda Barciela R. A, Sokhna C, Mediannikov O, Rolain JM, Davoust B, Raoult D, Baron SA

CO45: R089 Antibiotic susceptibility profile of germs responsible for nosocomial infections in the surgical and intensive care units of the Military Hospital region n° 1, Cameroon

C.R.Ayangma, E Voundi Voundi, D. Meli Mandah, H. Abba-Kabir, S. F. Kona, B. O. Djoubairou, C. S. Medi, B. Kemajou, Hamadou, Guy Ngaba4

CO46: R090 Antibiotic resistance and virulence genes analysis of clinical isolates of *Escherichia coli* from Buea, Cameroon

Jerome Kfusi Achah, Seraphine Nkie Esem, Fabrice Tangi Fongwa, Roland Ndip Ndip and Lucy Mande Ndip

CO47: R094 Etat des lieux de la résistance aux antibiotiques des germes isolés des prélèvements urinaires à l'hôpital de district de Logbaba dans la ville de Douala

Siego R. F., Kouemo F. D., Tiemeny G., Tseyep C., Patipewe D., Mene Miaffo C

CO48: R095 Emergence des bactéries hautement résistantes aux antibiotiques dans un hôpital public à Douala (Cameroun)

Mengue ER, Nda Mefo'o JP, Ndom Ntock F, Ngo Malabo E, Akono Ndi C, Metogo Mbengono J, Namme Luma H, **Okalla Ebongue C**

CO49: R096 Prevalence and antibiotics resistance profile of Coagulase-negative

CO55: R113 Antibiotic Resistance Profile and Resistance Determination of Bacteria Isolated from Water in Southern Benin

Koudokpon H., Dougnon V., Lougbegnon C., Deguenon E., Mousse W., Agbankpe J., Avodagbe G., Saidou S., Bankole H. and Baba-Moussa L.

CO56: R164 Mise en place de la gouvernance de lutte contre la résistance aux antibiotiques dans un pays à faible revenu; cas de la Côte d'Ivoire

Guessennd NK, M'bengue V, Tiekoura KB, Diane KM, Kipre GB

CO57: R114 Evaluation des profils de sensibilité des entérobactéries associés aux diarrhées infantiles aux antibiotiques : Cas de la ville de Koula-Moutou au Gabon

Mabika Mabika Rolande

CO58: R115 Evaluation de la sensibilité des souches d'*E. coli* isolées des fèces diarrhéiques infantiles à la fosfomycines : cas de la ville de Koula-Moutou

Yala Jf, Mabika Mabika R, Zong Minko O, Mounioko F Et Souza A.

CO59: R125 Dynamics of resistance of *Anopheles gambiae sensu lato* to insecticide classes used in public health in Mali

Moussa Keita, Nafomon Sogoba, Salif Thiam, Ousmane Yossi, Ibrahim Sissoko, Mahamadou Diakite and Seydou Doumbia

CO60: R129 Gut microbiota influences plasmodium falciparum malaria susceptibility

Kodio. A, Coulibaly. D, Doumbo. S, Konaté. S, Koné. K. A, Dama. S, Niangaly. A, Tall. L. M, Konaté. A. M, L'ollivier. C, Levasseur. A, Bittar. F, Djimdé. A, Doumbo. K.O, Y, Raoult. D, Thera. A. M, And S. Ranque.

	<p><u>Sanou D. M. Soufiane</u>, Yerbanga R. Serge, Bangre Tinié, N'Do Séverin, Yameogo Inès, Nikiema Félicité, Fofana Aminata, Batiene Naomie, Ouedraogo Jean-Bosco, Sangare Ibrahim, Sanou Mahamoudou</p> <p>CO40: R073 Détection bactériologique et moléculaire des entérobactéries multi résistantes en portage digestif chez le Gecko en milieu hospitalier à Bobo-Dioulasso au Burkina Faso</p> <p><u>Sanou D. M. Soufiane</u>, Yerbanga R. Serge, Sombie Enoch, Kabré Aoualata Ouedraogo Nafissatou, Nikiema Félicité, Boni, Thiombiano Noël, Ouedraogo Jean-Bosco, Zougrana Jacques, Hema Arsène, Sanou</p>	<p>Staphylococci from chickens in Yaoundé Markets, Cameroon.</p> <p><u>Bughe R.N.</u>, Mougou E.F.V., Mbi O.V., Gamgne P., Efudem C.E., Mbacham W.F. Nji A.M., Takoundjou C.K.A., Dongmo M</p> <p>CO50: R098 Prevalence of brucellosis in stray dogs and antimicrobial profile of <i>Brucella</i> spp. in the North, Far-North and West regions of Cameroon</p> <p><u>Kougang Esther G.</u>, Wade Abel, Kwetche Fotsing P.R., Laine Christopher G., Arenas-Gamboa A.M.</p>	
--	---	---	--

Thursday, 9 February 2023

8h30-09h00	<p>Keynote 3 : Co- infection of Tuberculosis and COVID 19 : SERGE EHOLIE, Université de Cocody, Côte D'Ivoire</p> <p>Chair: Alphonsine MBENGUE, Co-Chair: Khalid SADKI</p>		
09h00-9h30	<p>Keynote 4 : Update on <i>Plasmodium falciparum</i> resistance to artemisinins in Africa:</p> <p>Abdoulaye DJIMDE, USTTB, Mali</p> <p>Chair: André Offianan TOURE, Co-Chair: Issiaka SOULAMA</p>		
09h30-10h00	<p style="color: #4682B4;">Symposia from Sponsors/Labtech</p>		
10h00-10h30	<p style="color: #8B4513;">Coffee Break</p>		
10h30-13h00	<p style="color: #8B4513;">Oral Presentations</p>		
	<p><u>Room 1</u></p> <p>SESSION 7: Epidemiology of AMR</p> <p><u>Chair</u> : Arnel PODA <u>Co-Chair</u>: Oumar DOLO</p> <p>CO61: R131 Etude du profil génétique de <i>Schistosoma haematobium</i> dans une population humaine soumise au traitement de masse au praziquantel Agniwo K.P., Akplogan A.B., Sidibe B., Diakite A., Niare S.D., Guindo H, Ibikounle M, Boissier, J., Dabo, A</p>	<p><u>Room 2</u></p> <p>SESSION 8 : Epidemiology of AMR</p> <p><u>Chair</u> : Valerie GBONON <u>Co-Chair</u>: Ibrahima GUINDO</p> <p>CO71: R151 Détection biologique des résidus d'antibiotiques dans le lait et produits laitiers de vache consommés à Ouagadougou, Burkina Faso. Bagre T.S & Barro N</p> <p>CO72: R155 Méta-analyse du profil et sensibilité aux antibiotiques des bactéries responsables de méningites isolées dans le</p>	<p><u>Room 3</u></p> <p>SESSION 9 : Epidemiology of AMR</p> <p><u>Chair</u> : Thimothée OUASSA <u>Co-Chair</u>: Aminatou KONE</p> <p>CO81: R149 Performances des laboratoires de surveillance de la résistance aux antimicrobiens sur la qualité de l'antibiogramme au Burkina Faso Zongo E., Kabore O., Yenyentou A., Muhigwa M., Abdoulaye Nikiema A., Madingar D.P., Nagalo A, Sawadogo C4, Ouedraogo A.S</p>

Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?

CO62: R132 *Plasmodium falciparum* in vivo clearance after artesunate treatment in Mali
Kone A, Dara A, Diallo N, Ouologuem D, Haidara A, Sangaré B, Sangare C.O, Sagara I, Thera M. A, Doumbo O. K, Djimde A. A

CO63: R133 Dynamics of molecular resistance markers of *Plasmodium falciparum* to chloroquine pfcrt k76T, pfmdr1 n86y from 2001 to 2015 in kolle, Mali.
Diakite B, Kone Ak, Dama S, Bamadio A, Niangaly A, Doumbia D, Kodio A, Djimde M, Djimde A.

CO64: R063 Profil de sensibilité aux antibiotiques de *Shigella* spp. isolées de selles d'enfants de moins de cinq ans en zone péri-urbaine de la ville de Ouagadougou, au Burkina Faso: à propos d'une étude longitudinale
Alimatou Héma, Nouhoun Barry, Ben I. Soulama, Aïssata Barry, Issa N. Ouédraogo, Alphonse Ouédraogo, Alfred B. Tiono, Sodiomon B. Sirima

CO65: R137 Etude des marqueurs moléculaires de résistance de *Plasmodium falciparum* à la sulfadoxine-pyriméthamine et à l'amodiaquine à Dangassa, une année après l'implémentation de la chimioprévention du paludisme saisonnier au Mali
Fatoumata Kasse

CO66: R138 Evaluation of malaria care in children aged 3 to 59 months in the rural commune of kalaban coro, Mali
Konaté B, Diawara SI, Traoré M, Dicko I, Diallo M, Doumbia CO, Sanogo I, Doumbia S, Diakité M

liquide céphalo-spinal (LCS) au Mali de 2000 à 2020.

Alle Akakpo Essenam, Cissoko Y, Guindo I, Ouédraogo D, Konate I, Soumare M, Sogoba D, Magassouba O, Fofana A, Bougoudogo F, Dao S

CO73: R168 Évaluation des indicateurs de prescription des médicaments chez les enfants âgés de 0 à 5 ans dans le centre de santé du district sanitaire de Ranérou, Nord du Sénégal.

Bassoum O, Faye A, Seck I

CO74: R169 Antimicrobial Usage and Resistance in Healthy Pigs in the Greater Accra Region of Ghana

Rita Ohene Larbi, Wisdom Adeapena, Matilda Ayim-Akonor, Ebenezer D.O. Ansa, Hannock Tweya, Robert Fraser Terry, Appiah-Korang Labi and Anthony D. Harries

CO75: R170 Antimicrobial Usage in Commercial and Domestic Poultry Farming in Two Communities in the Ashanti Region of Ghana

Ellis Kobina Paintsil, Linda Aurelia Ofori, Charity Wiafe Akenten, Dennis Fosu, Seth Ofori, Maike Lamshöft, Jürgen May, Kwasi Obiri Danso, Ralf Krumkamp and Denise Dekker

CO76: R172 Profil microbiologique, de sensibilité et de résistance aux médicaments des germes isolés des liquides de ponction à Yaoundé, Cameroun

Laure Ngando, Leopold Mbous Nguimbu, Albert Legrand Same Ekobo

CO82: R105 Risk Factors Associated with *Pseudomonas aeruginosa* Infections and Resistance Phenotypes in Three Referral Hospitals in Yaoundé
Napa Tchuedji YLG, Gonsu KH, Takougang I

CO83: R195 Evaluation des performances diagnostiques de dix (10) tests de détection rapide des anticorps anti-SARS-CoV-2 au Burkina Faso

Ouedraogo HG, Zoure AA, Compaore TR, Ky H, Dabire C, Zida S, Soubeiga ST, Sagna T, Ouedraogo O, Zingue D, Yonli AT, Nikiema AR, Nezien D, Bance C, Bicaba BW, Sawadogo C, Yabre Z, Sangare L

CO84: R196 Profils de mutations de résistance du VIH-1 aux inhibiteurs de l'intégrase chez les patients initiant un premier traitement antirétroviral à Bobo-Dioulasso, Burkina Faso.

Saïdou Ouedraogo, Jacques Zoungrana, Thérèse Kagone, Sylvie Zida, Daouda Mare, Issouf Yameogo, Mamadou Goh, Amélie Nikiema, Armel Poda, Macaire Ouedraogo, Dramane Kania, Groupe de l'étude ANRS

CO85: R199 Heterogeneous human exposure to arbovirus vectors in African urban context by using immuno-epidemiological biomarker of *Aedes aegypti* bites

Bi Zamblé HZ, Akré Maurice Adja, André Barembaye Sagna, François Dipomin Traore, Mintokapieu Didier Stéphane Kpan, Négnorogo Guindocoulibaly, Affoué Mireille Nadia Kouadio, Konan Rodolphe Mardoché Azongnibo, Danielle Dounin Zoh, Anne Poinsignon1, Florence Fournet, Françoise Mathieu-Daude, Franck Remoue

CO67: R140 Réactivité croisée des antigènes Pf27, Pf43, Pf45 de *P. falciparum* avec leurs orthologues Pv27, Pv43, Pv45 de *P. vivax* aux sera des volontaires vivant à Kéniéroba, Mali

Kante S, Balam S, Konate D, Guindo MA, Traore A, Dembele A, Diakite S, Kasse F, Traore K1, Denou L, Doumbia S, Corradin G, Diakite M

CO68: R144 The Impact of Feeding Method on Anopheles Mosquito Midgut Microbiota and Plasmodium falciparum Infection Rates
Tandina F, Talman A, Dara A, Ferguson C, Ouologuem D, Dembele L, Sissoko S, Koumare S, Toure M, Dao F, Diallo N, Tembely B, Sylla D, Coulibaly MB, Lawniczak M, Djimde A

CO69: R146 Etude de la prévalence de Plasmodium malariae et de sa susceptibilité ex-vivo aux molécules à activité antiplasmodiale à Faladjé, Mali.

Sogore F, Aniwah Y, Diallo N, Traore A, Diakite S, Diakite M, Campo B, Awandare Ga, Djimde A Et Dembele L

CO70: R128 Écologie bactérienne et profil de sensibilité aux antibiotiques des souches isolées des surfaces et dispositifs médicaux au centre médical le Jourdain, Cameroun

Nadege Lylian Doumou AMvomo, Cybelle Kabit Sama Kemayou, Bouopda Rodrigue, Christelle Flora Nkwinkwa Minkeza, Patricia Laure Mbopda, Loida Cindy Yonga Tchoumi1, Ornella Lesly Tchouangeum Kenmoe, Gilles Tchouassi Simeni, Eric Tollo Chokote, Ruth Ngongang, Esther Voundi Voundi

CO77: R185 Profil de Résistance Des Souches De Candida À L'institut Pasteur De Côte D'ivoire De 2017 À 2019

Bonouman Ira A., Mboh R., Roger F., Krasteva D., Koffi D., Noell J., Pottier C., Bellet V., Drakulovski P., Menan H., Toure O., Dosso M., Ranque S., Bertout S

CO78: R186 Sensibilité aux antifongiques des souches de Candida isolées des prélèvements vaginaux au CeDReS, Abidjan.
Kone EGM, Kassi KF, Toure CP, Miezan S, Bedia, Konaté A, Angora KE, Vanga-Bosson AH, Kiki-Barro PCM, Djohan V, Yavo W, Menan EIH.

CO79: R188 Sensibilité aux antifongiques de Cryptococcus isolés de l'environnement et de patients entre 2014 et 2016 à Abidjan, Côte d'Ivoire

Kassi KF, Bellet V, Drakulovski P, Konaté A, Kone E, Angora KE, Bedia AV, Miezan S, Vanga-Bosson AH, Kiki-Barro PCM, Djohan V, Yavo W, Bertout S et Menan EIH

CO80: R189 Sensibilité aux antifongiques des souches de levures isolées de candidoses buccales entre 2012 et 2021 au CeDReS
Miezan AJS, Kone EGM, Bedia AV, Kassi KF, Toure CP, Konaté A, Angora KE, Vanga-Bosson AH, Kiki-Barro PCM, Djohan V, Yavo W, Menan EIH

CO86 R205 Evaluation of circulating and archived HIV-1 integrase drug-resistance variants among patients on third-line ART in Cameroon: implications

Joseph Fokam, Ezechiel Ngoufack Jagni Semengue, Evariste Molimbou, Naomi-Karell Etame, Maria Mercedes Santoro, Désiré Takou, Leonella Mossiang, Alain P Meledie, Collins Ambe Chenwi, Bouba Yagai, Alex Durand Nka, Beatrice Dambaya, Georges Teto, Aude Christelle Ka'e, Grâce Angong Beloumou, Sandrine Claire Djupsa Ndjeyep, Nadine Fainguem, Aissatou Abba, Aurelie Minelle Ngueko Kengni, Michel Carlos Tommo Tchouaket, Nounouche Pamen Bouba, Serge-Clotaire Billong, Rina Djubgang, Edith Saounde Temgoua, Samuel Martin Sosso, Charles Kouanfack, Anne-Cecile Zoung-Kanyi Bissek, Emmanuel Eben-Moussi, Vittorio Colizzi, Carlo-Federico Perno, Francesca Ceccherini-Silberstein, Alexis Ndjolo

CO87: R207 Evaluation of HIV-1 capsid genetic variability and lenacapavir (GS-6207) drug resistance-associated mutations according to viral clades among drug-naïve individuals

Alex Durand Nka, Yagai Bouba, Georges Teto, Ezéchiél Ngoufack Jagni Semengue, Désiré Komego Takou, Aurelie Minelle Kengni Ngueko, Lavinia Fabeni, Luca Carioti, Daniele Armenia, Willy Pabo, Béatrice Dambaya, Samuel Martin Sosso, Vittorio Colizzi, Carlo-Federico Perno, Francesca Ceccherini-Silberstein, Maria Mercedes Santoro, Joseph Fokam, Alexis Ndjolo

CO 88: R208 Réactivité croisée des protéines du SARS-CoV-2 (Spike, RBD et P3), et deux antigènes du Plasmodium (Pf27 et LR-253) aux sérums des patients COVID-19 et pré-COVID-19 au MALI

			<p>Traore A , Balam S, Konate D, Traore B, Guindo Ma, Tangara K, Kante S, Maiga Y, Diakite SAS , Kasse F , Coulibaly Y, Faye O, Corradin G, Diakite M</p> <p>CO89: R210 Prévalence des variants du SARS-COV-2 au Mali Oumou Maiga, Amadou Koné , Almoustapha Maiga , Dramane Diallo, Bassirou Diarra, Ténin A. Coulibaly, Hawa B. Diarra, Mahamane T. Diakité, Fatoumata A. Camara, Daouda Keita , Oumar Dolo, Amadou Somboro, Youssouf Coulibaly , Sidy Bane , Antieme C. G. Togo , Anou M. Somboro, Josué Togo , Mariam Coulibaly , Gagni Coulibaly, Mahamadou Kone, Boureima Degoga, Hawa B. Dramé, Fah G. Traoré, Fatimata Diallo, Fanta Sanogo, Kadidia Kone, Ibrahim B. Diallo, Moumine Sanogo, Mahamadou Diakité, Seydou Doumbia</p> <p>CO90: R211 Genomic surveillance of SARS-CoV-2 variants by nanopore sequencing technology in Mali Fousseyni Kane, Amadou Kone, Dramane Diallo, Tenin Aminatou Coulibaly, Bourama Traore, Aaron Neal, Katy Saliba-Shaw, Ydrissa Sow, Mahamadou Diakité, Seydou Doumbia</p>
--	--	--	--

13h00-14h00	<p style="text-align: center;">LUNCH and Poster Session 2</p> <p>P23 : R068 Meningitis outbreak caused by Neisseria meningitidis serogroup C ST 10217 in 2019 in Diapaga, Burkina Faso. Kambire D, T Issa, Ouédraogo W H Gautier, Sanou M, Ouedraogo LSLW, Savadogo M, Tamboura M, Zongo M, Ouedraogo O, Zoure AA, Compaore R, Sagna T, Zida S, Soubeiga RS T, Ake F, Sangare L, Meda I, Kouanda S, Ouedraogo/Traore R</p> <p>P24 : R071 Risque de resistance lie a l'utilisation des antibiotiques dans les fermes avicole et chez les vendeurs detaillants de volaille au Burkina Faso. Soro Karna Daniel; Sawadogo Abdallah; Nikiema Marguerite Edith Malatala; Sama Betia Nenbié Florant; Kagambega Asseta; Barro Nicolas</p> <p>P25 : R074 Diagnostic et caractérisation des infections à Staphylococcus aureus à l'Hôpital National de Niamey. Sanou D. M. Soufiane, Alzouma M. Bassirou, Boubou Laouali, Yerbanga R. Serge, Nikiema Félicité, Bangre Tinklé, DA Azouma, Ouedraogo Jean-Bosco, Sangare Ibrahim, Sanou Mahamoudou</p>		
-------------	---	--	--

Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?

P26 : R075 Haute fréquence des entérobactéries productrices de betalactamases à spectre étendu isolées chez les patients en ambulatoire au laboratoire de biologie clinique du Centre MURAZ à l'ouest du Burkina Faso. **Kobo Gnada**, Soumeya Ouangraoua-Hema, Nongdo Firmin Kabore, Arsène Zongo, Amariane Ouattara, Cherileila Poda, Soufiane Sanou, Azouman Da, Romaric Bingboure, Dramane Kane, Kireopori Michel Gomgnimbou, Abdoul Salam Ouedraogo

P27 : R077 Les eaux usées des hôpitaux du Burkina Faso, source de propagation et de dissémination d'Escherichia coli et de Klebsiella pneumoniae résistants aux carbapénèmes. **Zakaria Garba**, Nadège O. Milogo, Isidore OJ Bonkougou, Ibrahima Karama, Massa A. Bonko, Patrick P. A. Vokouma, Alix L. W. Tiendrebeogo, Magloire H Natama, Lassana Sangare, Nicolas Barro, Kaisa Haukka, and Halidou Tinto

P28 : R082 Caractérisation des enterobacteries résistantes aux céphalosporines de troisième génération isolées de janvier à juin 2022 au CHU Kara au Togo. **Dossim S**, Maba D, Kamassa K, Alowe D, Salou M, Prince D M

P29 : R086 Molecular mechanisms of colistin resistance in Africa: A systematic review of literature. **Olowo-Okeré A, Yacouba A**

P30 : R088 Examens cytobactériologiques des urines réalisés à l'Hôpital National Amirou Boubacar Diallo : bilan du 1^{er} Janvier au 30 Juin 2022. **Abdourahmane Yacouba**, Alhousseini Daouda, Abass Imrana, Adjagodo Gadiel, Eric Adehossi, Mamadou Saidou

P31 : R093 Résistance aux antibiotiques des isolats cliniques d'entérobactéries dans un hôpital de 2^{ème} catégorie à Douala (Cameroun).

Grâce Colette Dalle Ngondi, Josiane Essola, Jean-Pierre Nda Mefo'O, Médi Sike Christiane, Bertrand Eyoun, Cécile Okalla Ebongue

P32 : R110 Extended Spectrum beta- lactamase producing Escherichia coli in lettuce irrigated with various water sources in Ghana. **Gerard Quarcoo**, Lady A. Boamah Adomako, Arpine Abrahamyan, Samuel Armoo, Augustina A Sylverken, Matthew Glover Addo, Sevak Alaverdyan, Nasreen S. Jessani, Anthony D. Harries, Hawa A. Ahmed, Regina A. Banu, Selorm Borbor, Mark O. Akrong, Nana A. Amonoo, Emmanuel M. O. Bekoe, Mike Y. Osei-Atweneboana and Rony Zachariah

P33 : R111 A cross-sectional study investigating antibiotic resistant bacteria in drinking water sources from the Greater Accra Region, Ghana.

Hawa A. Ahmed, Maria Zolfo, Anita Williams, Jacklyne Ashubwe-Jalemba, Hanoock Tweya, Wisdom Adeapena, Appiah-Korang Labi, Lady A. B. Adomako, Gloria Naa-Dzama Addico, Regina A. Banu, Mark O. Akrong, Gerald Quacoo, Selorm Borbor and Mike Y. Osei-Atweneboana

P34 : R112 Extended Spectrum Beta-Lactamase Escherichia coli in river water collected from two cities in Ghana, 2018-2020 **Regina Ama Banu**, Jorge Matheu Alvarez, Anthony J. Reid, Wendemagegn Enbiale, Appiah-Korang Labi, Ebenezer DO. Ansa, Edith Andrews Annan, Mark Osa Akrong, Selorm Borbor, Lady AB. Adomako, Hawa Ahmed, Mohammed Bello Mustapha, Hayk Davtyan, Phillip Owiti, George Kwesi Hedidor, Gerard Quarcoo, David Opere, Boi Kikimoto, Mike Y. Osei-Atweneboana and Heike Schmitt

P35 : R116 Impact of seasonal malaria chemoprevention on the acquisition and maintenance of immunity against malaria among children in northern Benin. **Moussiliou Azizath**, Ahouansou Charles, Elijah Omarou, Adoukonou Thuerry Luty Adrian, Ndam Tiukue Nicaise

P36 : R117 Influence de la Chimio-prévention du Paludisme Saisonnier sur la prévalence de l'infection à P. falciparum et les paramètres cliniques associés à la gravité chez les enfants âgés de 3 à 59 mois vivant dans la zone du district sanitaire de Saponé, Burkina Faso.. **Séni Nikiema**, Issiaka Soulama, Salif Sombié, Nathalie Ouaré, Sermé Sindié Samuel, Salam Sawadogo, Noélie Henry, Raïssa Ily, Florencia Guigma, Alfred B. Tiono, Sodiomon B. Sirima, Jacques Simpore

P37 : R120 Effet de l'accouplement assortatif sur la variation de la fréquence du gène kdr-west chez Anopheles coluzzii et Anopheles gambiae en milieu semi-naturel au Burkina Faso. **Aïcha Ozd Zoure**, Abdoulaye Niang, Catherine E. Neya, Simon P. Sawadogo, Roch K. Dabire, Abdoulaye Diabate

P38 : R126 Evolution de l'épidémiologie du paludisme à Faladié, une zone rurale du cercle de Kati au Mali, de 2016 à 2021. **Dembele L**, Diarra B. Dao F. Niangaly A. Djimde A.

P39 : R127 Réponse humorale aux antigènes gamétocytaires Pf48/45, Pf230 et Pf47 à Dangassa et Sirakorola, deux zones éco-climatiques différentes au Mali. **Dembélé A**, Guindo MA, Konaté D, Konaté B, Diakité AS, Traore K, Keita B, Kassé F, Diakité M

P40 : R148 Risque de résistance lié à l'utilisation des antibiotiques dans les fermes avicole et les vendeurs détaillants au Burkina Faso. **Soro Karna Daniel**, Sawadogo Abdallah, Nikiema Marguerite Edith Malatala, Sama Betia Nenbié Florant, Kaqambega Asseta Barro Nicolas

Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?

P41 : R152 Caractérisation moléculaire du gène Rhésus D (RhD) chez les donneurs de sang présentant le phénotype DEL au centre national de transfusion sanguine (CNTS) de Bamako ; Mali. **Diallo R1**, Diallo D, Coulibaly Ta, Samake Z, Cisse M, Traore D, Coulibaly So, Keita D, Dembele D, Kouame ES, Ba A, Kone A, Maiga B

P42 : R156 Qualité du lavage des mains en réanimation du Point G. **Beye SA**, Diallo B, Tembine L, Dicko H, Sidibé A, Kassogué A, Coulibaly K, Keita M, Coulibaly Y.

P43 : R161 Lutte contre la RAM en Côte d'Ivoire: les comités médicaments comme unités opérationnelles de mise en oeuvre des activités de gestion des antimicrobiens en milieu de soins en Côte d'Ivoire. **Ahimon H**, Diane M, Ndiaye A, Guessennnd N, Mtaps, Gtt-Ram

P44 : R162 Processus de catégorisation des antibiotiques de la liste nationale des médicaments essentiels: Cas de la Côte d'Ivoire. **Ahimon H**, Diane M, Mama Djima, M Kouadio I, Badje A, Konan F, N'gbesso N'gbesso J, Guessennnd N, GTT-Ram Cl, Mtaps

14h00-16h00

Oral Presentations

<u>Room 2</u>	<u>Room 2</u>	<u>Room 3</u>
<p>SESSION 10 : Epidemiology of AMR</p> <p>Chair : Raymond N'GUESSAN Co-Chair: Souleymane DAMA</p> <p>CO91: R213 Genomic evolution of SARS-CoV-2 variants during different waves of COVID-19 in Mali <i>Dara A , Sissoko S, Daou A , Diawara A , Koita D , Sangare Ak , Kassogué D, Dara C, Guindo I, Kouriba B, Djimdé AA</i></p> <p>CO92: R215 Micro-organismes Chez les Patients Atteints d'Infections Respiratoires Aiguës à Bamako, Mali <i>Xiang Z, Sangaré AK, Wang X, Xiao Y, Kané B, Cissé I, Camara M, Traore B, Dembele A, Wang Y, Ouedraogo J, Timbine Lg, Diallo S, Doumbo OK, Ren L, Kouriba B, Wang</i></p> <p>CO93: R218 Evaluation du succès virologique chez les patients adultes VIH+ dans un contexte de transition vers le Dolutegravir au Mali : Étude transversale en période de pandémie à la COVID-19 <i>Dolo O, Maiga AI, Diarra Z, Samake M, Saliou M, Traore Ft, Togo J, Kodio A,</i></p>	<p>SESSION 11 : Clinical and therapeutic efficacy of AMR</p> <p>Chair : Rosan N'GOME Co-Chair: Oumou MAIGA</p> <p>CO101: R033 Etude de la résistance aux antibiotiques des souches de Salmonella spp isolées dans les selles et le sang chez les patients à Bamako. <i>Timbiné L.G, Sawadogo N, Ouédraogo J, Traoré B, Sangaré AK et Kouriba B.</i></p> <p>CO102: R035 Fréquence élevée de la Résistance aux antimicrobiens chez les bactéries causant des maladies diarrhéiques chez les enfants de 0 à 15 ans au centre de santé communautaire de Yirimadjo, Mali <i>Diarra B, Koné B, Dembélé, Tekete M, Timbiné, Guindo B, Maiga A, Djimdé A</i></p> <p>CO103: R032 Infection Tuberculeuse Latente chez les adultes contacts des cas index de tuberculose pulmonaire à Bamako, Mali. <i>Somboro A, Baya B, Wague M, Koloma I, Nantoume M, Coulibaly N, Perou M, Coulibaly M, Coulibaly D, Diarra A, Coulibaly M, Sanogo I, Kone M, Tolofoudié M, Sanogo M, Diarra B,</i></p>	<p>SESSION 12 : Clinical and therapeutic efficacy of AMR</p> <p>Chair : Mounerou SALOU Co-Chair: Nada BOUKLATA</p> <p>CO111: R103 Comparison of environmental and clinical isolates of E. coli pathotypes from selected sites in the southwest region of Cameroon <i>Achah Jerome Kfusi, Seraphine Nkie Esemu, Ndip Roland Ndip, Lucy Mande Ndip.</i></p> <p>CO112: R183 Evaluation de la prise en charge thérapeutique des mycoses superficielles aux centres de Santé de Référence des Communes V et VI du District de Bamako <i>Sidibe M, Dama S, Sidibe A, Sow S, Niangaly A, Doumbo SN, Djimde AA.</i></p> <p>CO113: R106 Virulence and antimicrobial susceptibility profiling of Staphylococcus aureus from meat and raw milk samples from Douala, Cameroon and investigation of the</p>

Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?

<p><i>Foafana DB, Murphy R, Calvez V, Marcelin A-G</i> CO94: R220 Investigation épidémiologique de la bilharziose dans la localité de Katadji (Sikensi) au sud de la Côte d'Ivoire <i>Tuo K, N'Docho AFT, N'Guessan TL, Brou MT, Koffi AC, Dongo YK, Kouassi LF, Kouassi L, Tiembre I and Touré AO</i></p> <p>CO95: R221 Evaluation de l'activité gamétocytocides et schizonticides des extraits méthanolique et hydroéthanolique de <i>entandrophragma angolense</i> sur la maturation in vitro de <i>Plasmodium falciparum</i> <i>Dibi K. S-D., Beourou S, Bagre I, Tuo K, Ako AAB., Yao SS, N'guessan TL, Gnonddji AA, Aka NL, Effoh KJL, Koffi D, Toure OA</i></p> <p>CO96: R223 Molecular identification of <i>Schistosoma mansoni</i> in schoolchildre in Côte d'Ivoire <i>Angora KE, Sebastien AM, Valerie AB, William Y, Menan HEI, Utzinger J, Boissier J</i></p> <p>CO97: R229 Surveillance de la résistance aux antimicrobiens (RAM) dans le secteur de la santé humaine : cas de cinq sites sentinelles au Mali <i>Guindo I, Sanogo H, Ag Baraika M, Mahamadou A, Kone K.M, Diarra S, Gahimbare L, Bougoudogo S</i></p> <p>CO98: R099 Antimicrobial susceptibility patterns of <i>Escherichia coli</i>, <i>Klebsiella pneumoniae</i> and <i>Candida</i> spp. in patients with clinical presentation of a urinary tract infection in Yaounde, Cameroon <i>Laure Ngando, Leopold Mbous Nguimbus, Alice Ghislaine Ndoumba Afouba, Massongo Massongo, Thérèse Nkoa</i></p>	<p><i>Toloba Y, Diakite M, Doumbia S, Diallo S, Dabitaio D.</i></p> <p>CO104: R047 Time to Mycobacterial culture Conversion in multidrug-resistant tuberculosis patients under the short 9-month regimen in Bamako Mali. <i>Tolofoudie Mohamed, Togo Antieme Combo Georges, Diarra Bassirou, Degoga Boureima, Diallo Fatimata, Somboro Amadou, Baya Bocar, Drame Hawa Baye., Sanogo Moumine, Traore Fah Gaoussou, Coulibaly Gagny, Kone Mahamadou, Sanogo Fanta, Berthe.Gaoussou, Toloba.Yacouba, Diakite.Mahamadou, Doumbia.Seydou</i></p> <p>CO105 R049 Validation de la résistance variétale du riz SK 20-28 soutenue par le gène Os04g53120 cible de l'effecteur TAL E pour le contrôle du flétrissement bactérien au Mali. <i>Tekete, Cheick, Hutin, M, Daou, S, Dagno K, Cunnac, S, Verdier, V, Dereeper, A.</i></p> <p>CO106: R066 Evaluation de l'activité de la tigécycline sur les bactéries multi résistantes isolées au laboratoire du CHU Sourou Sanou Bobo-Dioulasso (Burkina Faso) <i>Gonfouli JM, Kaboré Do, Muhigwa M, Ouedraogo AS</i></p> <p>CO107: R083 Propriétés antimicrobiennes de l'extrait hydroéthanolique de <i>Bauhinia rufescens</i> L. et <i>Euphorbia hirta</i> L., Deux plantes de la pharmacopée traditionnelle tchadienne <i>Emmanuel Issa, Adoum Fouda Abderrazzac, Kokou Anani, Ameyapoh Yaovi</i></p> <p>CO108: R085 Prolonged mass Azithromycin distribution and its impact on the gut microbiome and antibiotics resistance in Niger <i>Yacouba A & Mamadou S</i></p>	<p>knowledge, attitude and practices of food handlers on food safety Akoachere Jane-Francis TK, Achuo Cyprian E and Dilonga Henry M.</p> <p>CO114: R107 Study on the gender prevalence and sensitivity of urogenital mycoplasmas to antibiotics in yaounde, Cameroon <i>Ahouga Voufo R, Maidadi Foudi M, Engowei Mbah C, Esemu Forgu L, Fouodji Hiota P, Molu JP, Djoulde I, Bouba A, Mansour M, Akwah L, Oumar A, Ngonde Essome MC.</i></p> <p>CO115: R109 The influence of Tuberculosis Treatment on Antimicrobial Resistance in ESKAPE Bacteria <i>Suventha Moodley, Charissa Naidoo, Happy Tshivhula, Tanner Porter, Jolene Bowers, David Engelthaler and Grant Theron.</i></p> <p>CO116: R135 Effet de la Pyronaridine-Artésunate sur le portage des gamétocytes et la transmission de <i>Plasmodium falciparum</i> au Mali <i>Ouologuem DT, Diallo D, Dara A, Kone AK, Ballo FI, Sangare CPO, Dao F, Goita S, Haidara AS, Traore A, Niangaly AB, Dama S, Sogore F, Dara JN, Barre YN, Daou A, Cisse F, Diakite O, Fofana B, Tandina F, Sylla D, Sacko A, Coulibaly MAnd Djimde AA.</i></p> <p>CO117: R121 Revue de l'évaluation de la mise en œuvre de la chimioprévention du paludisme saisonnier, de son effet sur l'incidence du paludisme dans un contexte de développement de génotypes résistants à <i>P. falciparum</i> avec une réduction potentielle de l'efficacité dans les pays d'Afrique occidentale et centrale. <i>Issiaka Soulama, Séni Nikiema, Salif Sombié, André-Marie Tchouatieu, Sindié Samuel Serme, Noélie Henry, Nathalie Ouaré, Raissa</i></p>
---	---	--

Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?

	<p>CO99: R227 Revue systématique sur les histoplasmoses de 1992 à 2021 Zida Adama, Sawadogo P Marcel, Guiguemde K Thierry, Soulama Issiaka, Sangare Ibrahim, Bamba Sanata</p> <p>CO100: R187 Surveillance dynamique de la résistance aux antimicrobiens par la méthode de Lots : étude pilote sur 2 sites à Lomé, Togo Siliadin ABW, Kagnissode S, Essenou G, Ananivi DK, Bali E, Salou M</p>	<p>CO109: R091 Evaluation de l'activité antibactérienne des extraits de <i>Arthrospira platensis</i> sur des bactéries habituellement multi-résistantes Signe Sadeu Wilfred, Assiene Oyong Damase Serge, Fosso Samuel, Gonsu Kamga Hortense</p> <p>CO110: R092 Utilisation des données du laboratoire de bactériologie pour guider les prescriptions d'antibiotiques en milieu hospitalier : expérience de l'Hôpital Général de Yaounde. Ngogang MP, Nkoth AF, Ekoume P, Ngaleu W, Mfouapon H, Enoka M, Ongo'o Y, Voundi Voundi E, Nana P, Fonkoua MC, Mouiche M, Toukam M, Mbopi Keou FX</p>	<p><i>Ily, Oumarou Ouédraogo, Dramane Zongo, Florencia Wendkuuni Djigma, Alfred B. Tiono, Sodiomon B. Sirima, Jacques Simporé.</i></p> <p>CO118: R122 Assessment of Susceptibility of <i>Plasmodium falciparum</i> to Artesunate Amodiaquine in children with uncomplicated malaria at Asante Akyem Agogo, Ghana Osei-Mensa James, Hanson Henry, Marfo Kwadwo Sarfo, Almoustapha Nana Safi, Martey Alfred, Placca Esther And Mäiga-Ascofaré Oumou</p> <p>CO119: R123 Efficacité de la quinine sur <i>Plasmodium falciparum</i> A Bougoula Hameau (Mali) Doumbia Diagassan, Fofana B, Togo A, Sidibe B, Kodio A, Toure S, Sanogo K, Diakite H, Doumbo KO, Djimde AA</p> <p>CO120: R124 Field platform for lead candidate antimalarial drug profiling toward better anticipation of field diversity response <i>Laurent Dembelele, Devendra guptab, Yaw Aniwhehc, Dinkorma T. Ouologuema, Nouhoum Diallo, Fanta Sogorea, Ousmaila Diakitea, Cheick P. O. Sangare, Aboubecrin S. Haidara, Aliou Traore, Amadou B. Niangaly, Brice Campod, Melanie Rouillard, Dominique Maziere, Gordon A Awandarec, Thierry Diaganab, Abdoulaye A. Djimde</i></p>
19h00-23h00	Dinner		

Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?

Friday, 10 February 2023			
Symposia from Sponsors/Labtech			
Oral Presentation			
08h30-9h00			
9h00-10h30	<p style="text-align: center;">Room 1</p> <p style="text-align: center;">SESSION 13 : Clinical and therapeutic efficacy of AMR</p> <p>Chair : Andre TOURE Co-Chair: Paterne GNAGNE</p> <p>CO121: R130 Evaluation de l'efficacité in vivo de la Pyronaridine –Artésunate (PA) dans le traitement du paludisme non compliqué à Plasmodium spp à Faladjè, cercle de Kati, Mali <i>Cisse F, Dara A, Ouoleguem D, Sissoko S, Daou F, Goita S, Sangare C.P.O, Haidara A.S, Diarra B, Barre Y.N, Tekete M, Djimde A</i></p> <p>CO122: R118 Évaluation de la dynamique des souches de <i>P. falciparum</i> résistantes à la Sulfadoxine-Pyriméthamine+Amodiaquine au cours des cycles de la chimio-prévention du paludisme saisonnier dans le district sanitaire de Saponé au Burkina Faso. <i>Salam Sawadogo, Issiaka Soulama, Seni Nikiema, Sombié Salif, Nathalie Ouaré, Serme Sindié Samuel, Noélie Henry, Ily Raissa, Florencia Guigma, Alfred B. Tiono, Sodiomon B. Sirima, Jacques Simpo</i></p> <p>CO123: R136 Understanding novel antimalarial drug resistance and combination, a proof of concept from lab to field toward sustainable malaria elimination</p>	<p style="text-align: center;">Room 2</p> <p style="text-align: center;">SESSION 14 : Clinical and therapeutic efficacy of AMR</p> <p>Chair : Thomas TONI D'ACQUIN Co-Chair: Abdoul Azaq ZOURE</p> <p>CO131: R157 Evaluation de l'efficacité du traitement à base d'Azithromycine de la Covid-19 au Mali <i>Diarra. M, Guindo. I, Cisse. I, Abdou. M, Diamoutene. M</i></p> <p>CO132: R158 Neutrophil levels and artemisinin-based combination therapy efficacy in West-Africa <i>Moussa Djimde, Japhet Kabalu Tshiongo, Kassoum Kayentao, Issaka Sagara, Alassane Dicko, Petra F. Mens, Henk DFH. Schallig, Abdoulaye Djimde</i></p> <p>CO133: R159 Menace d'un développement accéléré de la résistance aux antipaludiques suite aux monothérapies à base d'artémisinine : Les résultats d'une étude transversale sur des pratiques professionnelles dans huit établissements de santé publique au Mali <i>Guidigan K, Sissoko Ms, Traore K, Gazin P</i></p> <p>CO134: R160 Effect of five rounds of seasonal malaria chemoprevention in children aged between 5 and 14 years in Dangassa, Mali</p>	<p style="text-align: center;">Room 3</p> <p style="text-align: center;">SESSION 15 : Genetics of AMR</p> <p>Chair : Lassina TIMBINE Co-Chair: Fatoumata KONE</p> <p>CO141: R226 Évaluation des performances de cinq antigènes recombinants en formule unique et en combinaison (duplex et triplex) pour le sérodiagnostic de la cysticerose humaine <i>N'dri K. TB, Soumahoro MK, Melki J, Razafiarimanga ZN, Bellalou J, Toure AO, Djaman AJ, Jambou R</i></p> <p>CO142: R228 Caractéristiques virologique du SARS-COV-2 dans les centres de prise en charge de la covid-19 au mali et en Guinee <i>Coulibaly Y, Maiga AI, Somboro AM, Saliou M, Dolo O, Traore A, Dabo G, Traore FT, Togo J, Kodio A, Sow M, Murphy R, Maiga M</i></p> <p>CO143: R034 Rifampicin resistance among Mycobacterium tuberculosis-infected individuals using GeneXpert MTB/RIF ultra: a hospital-based study <i>Kouemo Motse F, Nsagha D, Teyim P, Adiogo D, Kojom L, Ngaba G, Assob J</i></p> <p>CO144: R026 Antibioresistance et support genetique chez les enterobacteries productrices de beta-lactamases a spectre elargi isolees du microbiote intestinal humain.</p>

Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?

Maiga FO, Dara A, Wele M, Kayentao K, Diakite M, Li J, Sagara I, Djimde A, Mather FJ, Doumbia SO & Shaffer JG

CO124: R139 A novel ex vivo drug assay for assessing the transmission-blocking activity of compounds on field-isolated *Plasmodium falciparum* gametocytes

Ouologuem DT, Dembele L, Dara A, Kone AK, Diallo N, Sangare Cpo, Ballo FI, Dao F, Goita S, Haidara As, Traore A, Niangaly Ab, Dama S, Sissoko S, Sogore F, Dara Jn, Barre Yn, Daou A, Cisse F, Diakite O, Doumbia D, Koumare S, Fofana B, Tandina F, Sylla D, Sacko A, Coulibaly M, Tekete Mm, Ouattara A. And Djimde AA

CO125: R141 Chimio prévention du paludisme saisonnier et infection asymptomatique à *Plasmodium falciparum* chez les enfants de moins de 10 ans à Koulikoro.

Sanogo D, Toure MB, Tounkara M; Keita M, Kane F, Keita S Et Doumbia S.

CO126: R143 Chimio-prévention du paludisme saisonnier avec la Dihydroarthémisine-pipéraquline (DHAPQ) chez des enfants de âgés moins de 10 ans à Koulikoro, Mali : Etude pilote

Keita S, Toure M, Sanogo I, Sanogo D, Keita M, Kané F, Coulibaly H, Traoré B, Niaré S, Sogoba N, Diakité M, Shaffe JG Doumbia S

CO127: R145 Disposition de la lumefantrine chez les participants atteints de paludisme et son implication dans la recurrence de *plasmodium falciparum* au Mali.

Tekete MM, Toure S, Dama S, Dara N, Traore OB, Fofana B, Sidibe B, Sagara I, Doumbo OK, Djimde AA

Cisse A, Konate D, Diawara SI, Sogoba N., Shaffer JG, Keita B, Dicko I, Sanogo I, Guindo MA, Traore A, Kante S, Dembele A, Kasse F, Denou L, Diakite SAS, Traore K, Thiam SM, Sanogo V, Diarra, Toure M, Mihigo J, Jane C, Doumbia S, Diakite AM

CO135: R165 Activité antiplasmodiale et étude de la toxicité des écorces de *Harungana madagascariensis* (Hypericaceae)

Traore O, AC. Maiga, Arama PD, Coulibaly Y, Diouf AIA

CO136: R166 Activités antiplasmodiale et antioxydante d'extraits de terminalia

Loua M, Tano K.D, Koffi A.J, Rasmane Nak, Yavo W.

CO137: R179 Sensitivity profile of fungal pathogens responsible for lower respiratory tract infections in Yaounde

Killa C, Ngando LM, Nguimbous L, Chiago S, Same E, Gonsu H.

CO138: R182 Sensitivity Profile of Fungal Pathogens Responsible for Lower Respiratory Tract Infections in Yaounde

Ngando L, Killa C, Nguimbus L, Ekobo A And Gonsu H

CO139: R201 Pre-Treatment Genotypic Resistance Profile of HIV-1 and HBV in co-infected individuals

Cindy Lobe, Nadege Goumkwa, Charles Kouanfack, Patrick Awoumou, Désiré Takou, Mohammed Fifen, Clauvis Yengo, Laure Tchapda, Veronica Aletum, Isabelle Fernandez, Rosi Garcia, Ana Guitierrez, Judith N. Torimiro,

CO140: R219 Antiprotozoal effectiveness of traditional medicinal plants on *Plasmodium falciparum* and *Cryptosporidium* spp infections

Tiekoura KB, Konan Fk, Toty Aa, M'bengue Gvc, Ouattara, Mb, Guedé Kb, Guessennd Nk, Dosso M.

CO145: R079 Identification of new genetic variant on NSMAF and CyP7A1 genes associated with pulmonary tuberculosis in the Moroccan population

Khalid SADKI

CO146: R080 Population structure and genetic diversity of *Mycobacterium Tuberculosis* isolates from pleural patients in Morocco

Nada Bouklata, Imane Chaoui, Hicham Tahoune, Reda Charof, M. Mzibri, Fouad seghrouchni, Khalid Sadki, Laila El Fenniri, Mohamed Rhajaoui

CO147: R081 Caractérisation génotypique de *Klebsiella pneumoniae* productrice de bêta-lactamase à spectre élargi isolées en portage chez les professionnels d'abattoirs, les patients hospitalisés et le bœuf

Godonou AM, Gueye AB, Kagnissode A, Wane AA, Fall C, Salou M Et Dieye Y

CO148: R097 Phenotypic and Genotypic Characterization of *Staphylococcus aureus* isolated from Bovine Mastitis cases in the North West Region of Cameroon

Nya'nying SF, Tanih NF, Ndip LM, Bessong PO, Nkie. SE, Smith SI, Ndip RN.

CO149: R102 Genetic diversity of Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolates circulating in the Fako Division of the Southwest region of Cameroon.

Nene Kaah Keneh, Tendongfor Nicholas, Esemu Seraphine Nkie, Lucy Mande Ndip

CO150: R142 Complexity of *Plasmodium falciparum* infection associated with

	<p>CO128: R147 Surveillance de l'efficacité et de la tolérance des combinaisons thérapeutiques à base d'artémisinine dans la prise en charge de l'accès palustre à Plasmodium falciparum au Sénégal et étude des marqueurs moléculaires pfk13 et pfcoronin Diallo MA, Diongue K, Badiane AS, Ndiaye YD, Ndiaye M, Sy M, Seck MC, Ndiaye D.</p> <p>CO129: R153 Évaluation de la consommation des antibiotiques en hospitalisation dans le service des maladies infectieuses et tropicales du CHU Point-G Cissoko Y, Beye SA, Dega AK, Guindo I, Soumaré M, Sogoba D, Magassouba O, Fofana A, Konaté I, Dao S, Bougoudogo FK, Diakite H, Doumbo KO, Djimde AA</p> <p>CO130: R154 Surveillance de la consommation des antibiotiques au niveau des établissements d'importation et de vente en gros de produits pharmaceutiques au Mali Traore O, AC. Maiga, Arama PD, Coulibaly Y, Diouf AIA</p>	<p>Karim Tuo, Kigbafori Dieudonné Silue, Sylvain Beourou, Gbouhoury Eric-Kévin Bolou, Emmanuelle Mara Sara, Xavier Ding, Bruno Polack, Andre Offianan Toure, Bassirou Bonfoh, Ronan Jambou</p>	<p>differences in parasite clearance time in two villages of Mali Sissoko S, Kone A, Dara A, Oboh MA, Fofana B, Sangare CO, Demebele D, Haidara AS, Diallo N, Toure S, Haidara K, Sanogo K, Doumbo OK, Ngwa AA, Djimde AA.</p>
10h30-11h00	<p style="text-align: center;">Coffee Break and Poster Session 2</p> <p>P45 : R167 Rôle de prevention et contrôle de l'infection (pci) dans la ripose contre covid-19 de mars à Decembre 2020. <u>Tiekoura K B, AchoYB, Lathro JS, Odi T, Bamba L, Adou C, Guessennnd N K, Dosso M.</u></p> <p>P46 : R174 Control of taro leaf blight of colocasia esculenta l.(schott) using extracts of three dominant ganoderma. <u>Bih Joan Ndeh, Tacham Walter Ndam and Tonjock Rosemary Kinge</u></p> <p>P47 : R175 Prevalence and antibiotics resistance profile of Coagulase –negative Staphylococci from chickens in Yaoundé Markets, Cameroon.. <u>Bughe RN, Mougou EFV, Mbl OV, Nji AM, Takoundjou CK.A.,2 Dongmo M.,2,3 Gamgne P.,3,4 Efundem C.E.,3 Mbacham W.F</u></p> <p>P48 : R176 Forte utilisation des antibiotiques dans la prise en charge des maladies respiratoires chez les enfants de moins de 18 ans dans trois centres de santé de Cotonou entre 2017 et 2018. <u>Damien BG, Aquemon B, Le Hesran JY.</u></p> <p>P49 : R177 Distribution et profil de résistance des candidoses aux antifongiques chez les patients vivant avec le vih à l'hôpital central de Yaoundé. <u>Cédric Gueguim, Ashley Sonmele Kamdem, Charles Kouanfack, Lucien Etame Sone, Hortense Gonsu Kamga</u></p> <p>P50 : R178 Antibiotic resistance of urogenital mycoplasmas isolated from sexually active women in one hospital in the city of Douala (Cameroon). <u>Nda Mefo'o JP, Fetue Notio R, Nana Njamen,, Dalle Ngondi G, Mengue ER, Ngo Malabo E, Essome H, Tchente Nguéfack, Okalla Ebongue</u></p>		

Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?

P51 : R180 Multilocus sequence typing (MLST) analysis reveals many novel genotypes and a high level of genetic diversity in *Candida tropicalis* isolates from Cameroon. **Dougue A**, *El-Kholy M, Giuffrè L, Galeano G, D'Aleo F, Levis Kountchou C, Nangwat C, Dzoyem J, Giosa D, Pernice I, Shawky S, Ngouana T, Fekam F, Orazio R*

P52 : R181 Epidémiologie et profil de résistance des agents étiologiques des candidoses vaginales chez les femmes séropositives au VIH à l'Hôpital Général de Yaoundé (Cameroun). **Mfouapon H**, *Fogue P, Madejo C, Kuate J.R*

P53 : R184 Identification des dermatophytes du cuir chevelu chez les enfants d'âge scolaire sur deux sites de Bamako, Mali. **Bamadio Amadou**, *Dara JN, Zeguime A, Garango A, Diarra B, Konate A, Kone A, Djimde A, Niara Ds*

P54 : R190 Evolution de la resistance phenotypique des candida spp aux antifongiques azoles. **Kouadio KF**, *Koffi D, Ira BAV, N'gou M'boh R, Sylla K, Yaye YG, Toure OA*

P55 : R191 Evaluation de la qualité des médicaments vétérinaires (albendazole, diminazène diacéturate et oxytétracycline) vendus dans les trois régions septentrionales du Cameroun. **Kougang Esther G**, *Wade Abel, Teubobé Gilbert, Emanda Martin, Nnanga Nga*

P56 : R198 Contexte de la prise en charge de la pandémie de Covid 19 par les tradipraticiens généralistes de la ville d'Abidjan. **Kacou Messan Amon Adjoba Claudine**

P57 : R201 Diagnostic sérologique et moléculaire du SARS-CoV2 en urgence hospitalière : expérience de l'Hôpital Général de Douala. **Ngo Malabo ET**, *Nda Mefo'o JP, Imandy G, Mengue E, Wanso D, Fanga B, Temb A, Ngounou C, Ngo Ngue M, Okalla Ebongue C.*

P58 : R205 Faible fréquence des mutations du gène NS5B du virus de l'hépatite C liées à la résistance aux antiviraux à action directe chez les patients naïfs de traitement au Cameroun. **Fabrice Levoa Eteme**, *Nadege Mafopa Goumkwa, Cindy Lobe, Clauvis Yengo Kunkwen, Mathurin Pierre Kowo, Laure Tchabda, Inoussa Pempeme, Alberic Ndonku Signang, Diapa Nana Yanick, Patrick Awoumou Lebon Marie Ange Kwizera, Nzoume Nsope, Henry Namme Luma, Judith Ndongo Torimiro*

P59 : R209 Maladie de castleman multicentrique (MCM) à Ac anti-HHV8 négatif associé à la maladie de Kaposi cutané chez un patient VIH positif. **Dabo Garan**, *Traoré AM, Dara C, Minta DK*

P60 : R211 Prévalence élevée de mutations d'échappement au vaccin dans une cohorte de patients infectés par le virus de l'hépatite B au Mali. **Coulibaly Tenin Aminatou**, *Cissoko Y, Goita A, Diallo D, Kampo M, Maiga A, Maiga M, Sissoko H, Kone A, Fofana Db*

P61 : R216 Identification d'inhibiteurs prometteurs de la protéase principale du SARS-CoV-2 à partir de produits naturels africains par modélisation. **Oudou Diabate**, *Cheickna Cisse, Mamadou Wele, Jeffrey Shaffer, Seydou Doumbia*

P62: R224 Evaluation de la qualité parasitologique des eaux de canalisations de la ville d'Abidjan (Côte D'Ivoire). **Koffi Ac**, *Tuo K, Gonedele BS, N'docho A.FT, N'guessan Ti, Yakoura OK, Amon LN, Ako A.A.B, Vanga BAH, Coulibaly KJ, Toure Ao*

P63 : R206 : Faible fréquence des mutations du gène NS5B du virus de l'hépatite C liées à la résistance aux antiviraux à action directe chez les patients naïfs de traitement au Cameroun. **Fabrice Levoa Eteme**, *Nadege Mafopa Goumkwa, Cindy Lobe, Clauvis Yengo Kunkwen, Mathurin Pierre Kowo, Laure Tchabda, Inoussa Pempeme, Alberic Ndonku Signang, Diapa Nana Yanick, Patrick Awoumou Lebon, Marie Ange Kwizera, Nzoume Nsope, Henry Namme Luma, Judith Ndongo Torimiro*

P64 : R014 Profils génotypiques de tuberculeux éligibles au régime de deuxième ligne en Côte D'Ivoire **Bamba N**, *Orsot Bosso-Bai D A, Adade O, Adagra GD, Angu-Seck H, Coulibaly F, Nchakou B, Soro S, Yapo FO, Ncho E, Koffi EA, Nguessan KR*

Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?

11h00-12h00

Oral Presentations

SESSION 16 : Genetics of AMR

Chair : Esther Voundi Voundi

Co-Chair: Dinanibè KAMBIRÉ

CO151: R50 Distribution of the Kdr L104F, kdr L104S, ace-1R G119S and rdl Ala296Gly&Ala296Ser mutations and resistance status in natural populations of *Anopheles gambiae* s.l. from different ecological zones in Burkina Faso

Abdou Azaque Zoure, Athanase Badolo and Frédéric Francis.

CO152: R171 Cotrimoxazole resistant profile of isolated bacteria strains from urinary samples of children born to HIV positive mothers.

Kampa Nkenfou B, Kengne M, Bongue B, Nguefeu NC

CO153: R197 Contribution de l'ADN recombinant pour le diagnostic moléculaire dans la surveillance du SARS-CoV-2 en Côte d'Ivoire.

Kakou-Ngazoa Solange, Sylla A, Coulibaly S, Adjougou V, Kadjo H, Coulibaly Nd, Aoussi S, Dosso M.

CO154: R203 HIV-1 Integrase Resistance Associated Mutations and the Use of Dolutegravir in Sub-Saharan Africa: A Systematic Review and Meta-Analysis

Ezechiel NJ Semengue, Maria Mercedes Santoro, Valentine Ngum Ndze, Aude Christelle Ka'e, Bouba Yagai, Alex Durand Nka, Beatrice Dambaya1, Desiré Takou, Georges Teto, Lavinia Fabeni6, Vittorio Colizzi, Carlo-Federico Perno1,8, Francesca Ceccherini-Silberstein, Joseph Fokam

SESSION 17 : Genetics of AMR

Chair : Dominique TANO

Co-Chair: Djeneba FOFANA

CO155: R204 Baseline Integrase Drug Resistance Mutations and Conserved Regions across HIV-1 Clades in Cameroon: Implications for Transition to Dolutegravir in Resource-Limited Settings

Ezechiel Ngoufack Jagni Semengue, Daniele Armenia, Seth Inzaule, Maria Mercedes Santoro, Béatrice Dambaya Désiré Takou, Georges Teto, Alex Durand Nka, Yagai Bouba, Lavinia Fabeni, Collins Chenwi, Grâce Angong Beloumou, Sandrine Claire Djupsa Ndjeyep, Vittorio Colizzi, Carlo-Federico Perno, Francesca Ceccherini-Silberstein, Joseph Fokam

CO156: R222 Mapping the proportion of isolates with Plasmepsin 2 gene multiple copy number prior to dihydroartemisinin-piperazine deployment in Côte d'Ivoire

Kouman KBA, Ako Aristide, Kouï TS, Yao, Assi S-B, N'guessan T.L2, Trebissou JND3, Beourou S.1, Toure A.O

CO157: R225 Profil des genes *pfprt*, *pfmdr-1* et *k13* chez des patients atteints de paludisme a bouafle, bondoukou et seguela (cote d'ivoire)

Kouakou A.Jérôme, Bla K. Brice, Konate-Toure Abibatou, Gnagne A. Paterne, Yavo William

CO158: R163 Implication des mécanismes métaboliques dans la résistance de *Ae. aegypti* aux insecticides à Songon-Agban, au sud de la Côte d'Ivoire.

SESSION 18 : One Health/ Free Communications

Chair : Mamadou TEKETE

Co-Chair: Serge BAGRE

CO159: R193 Prévalence et profils d'antibiorésistance des souches de *Staphylococcus aureus* résistante à la méthicilline (SARM) isolées des sécrétions nasales des porcs et des porchers dans des élevages porcins en Côte d'Ivoire
Traore M., Tano Kd., Tiekoura R., Koussemon M., Yavo W.

CO160: R194 Cysticercose porcine : développement d'un test sérologique pour les élevages.

N'dri K. T-B, Razafiarimanga ZN., Tantely R., Bellalou J., TOA., Djaman AJ., Jambou R

CO161: R192 Pratiques à risque zoonotique dans les ménages ruraux du District de Santé de Penka-Michel, Cameroun. **Namekong Fokeng Armand, Voundi Voundi Esther, Bediang Georges**

CO162: R119 Human genetics factors and plasmodium falciparum genetics diversity from children aged 2 to 10 years living in the Banfora health district in Burkina Faso.

Salif Sombié, Samuel Sindié Sermé, Aïssatou Diawara, Mame Massar Dieng, Amidou Diarra, Emilie S. Badoum, Sam Aboubacar Coulibaly, Noëlie Henry/Béré, Wael Said Abdrabou, Aissata Barry, Désiré Kargougou, Alfred B. Tiono, Sodiomon Bienvenu Sirima, Youssef Idaghdour and Issiaka Soulama

Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?

	<p>R229 : Surveillance de la résistance aux antimicrobiens (RAM) dans le secteur de la santé humaine : cas de cinq sites sentinelles au Mali</p> <p><i>Guindo I, Sanogo H, Ag Baraïka M, Mahamadou A, Kone KM, Diarra S, Gahimbare L, Bougoudogo S, Et Équipes De Surveillance Sentinelle</i></p>	<p>Yapo Marie-Ange Edwige Kadjo, Akéré M. Adja, Négnorogo Guindo-Coulibaly, Dounin Danielle Zoh, Dipomin François Traoré, Konan Fabrice Assouho, Malanfoua Agnimou Cecile Sadia-Kacou, Mintokapieu Didier Stéphane</p>	<p><i>Kpan, Ahoua Yapi 1 and Fabrice Chandre</i></p> <p>CO163: R173 Mitigating hospital infection risks at the “Université des Montagnes” teaching hospital: holistic policy to meet the challenge</p> <p>Fotsing Kwetche PR, Kougang Esther G, Noche Domngang C, Youté O’Neal D, Tchoukoua Serge H., Djogang Yawat AM,, Kaptué Lazare</p>
12h00-12h30	<p style="text-align: center;">Keynote 5: One Health and co-existing pandemics in Africa : Bassirou BONFO, Centre Suisse, Côte D’Ivoire</p> <p style="text-align: center;">Chair: Herve MENAN, Co-Chair: Almoustapha I. MAIGA</p>		
12h30-13h30	Award and Closing Ceremony		
13h30-14h30	LUNCH		
14h30-16h00	GENERAL ASSEMBLY		

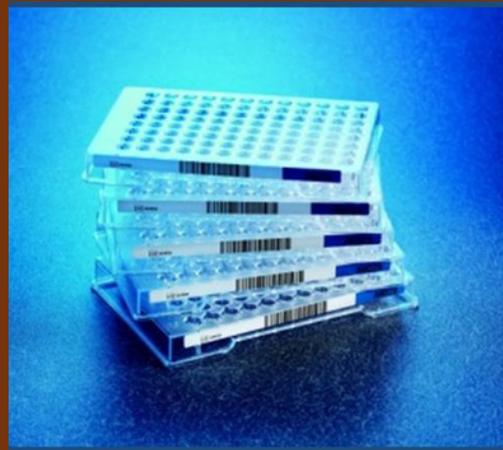
Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?



A PROPOS DE NOUS

DEPUIS 1963, NOUS EXPLORONS LE MONDE DU DIAGNOSTICS IN VITRO ET CONTRIBUONS
GRANDEMENT À L'AMÉLIORATION DE LA SANTÉ PUBLIQUE, POUR FAIRE DU MONDE UN LIEU DE
VIE PLUS SAIN.

Thermo Fisher SCIENTIFIC



Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?



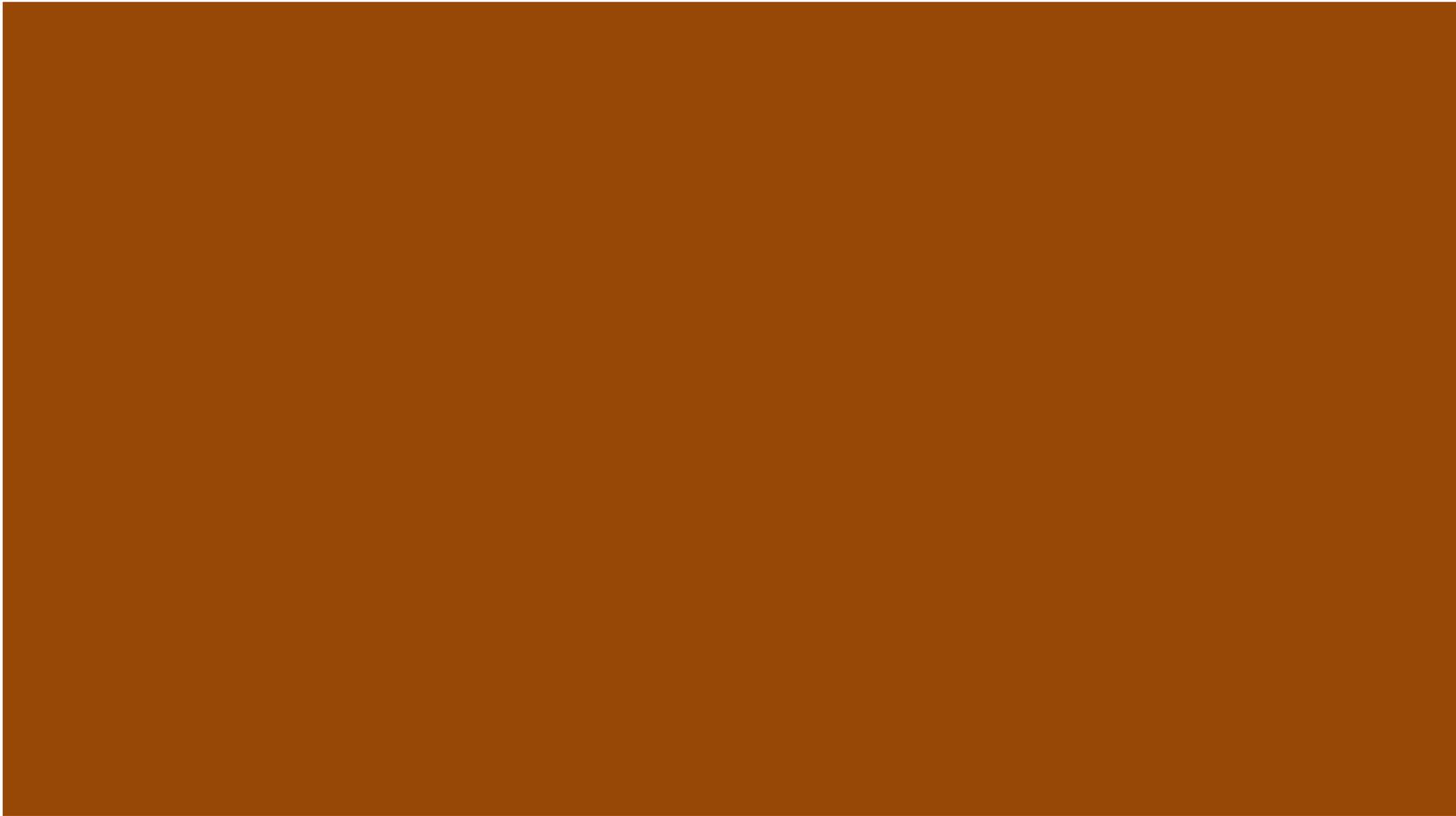
BOOKS OF THE RESUMES



08-10 FEVRIER



Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?



Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?

R001 : Profils génotypiques de tuberculeux éligibles au régime de deuxième ligne en Côte D'Ivoire.

Bamba N, Orsot Bosso-Bai D A, Adade, Adagra GD, Angu-Seck H, Coulibaly F, Nchakou B, Soro S, Yapo FO, Ncho E, Koffi EA, Nguessan KR

Introduction : Les antibiotiques de deuxième ligne sont un atout majeur dans la lutte contre la tuberculose à bacilles multirésistants. Les Fluoroquinolones en sont la pièce maîtresse et sont l'objet de résistances naturelles ou acquises. Afin de contrôler l'émergence de la tuberculose multirésistante, l'OMS a recommandé la détection rapide et fiable de la sensibilité des bacilles par les tests de sensibilité génotypique.

Objectif : Cette étude a pour objectif de dresser le profil de sensibilité génotypique d'isolats cliniques de nouveaux cas éligibles au traitement de deuxième ligne de janvier 2021 à décembre 2022.

Matériel et méthode : Les expectorations spontanées de patients suspects de tuberculose ont été analysées par PCR semi-quantitative à l'aide de la technologie du Xpert MTB/Rif-Ultra. Les échantillons avec une mutation dans le gène *rpoB* ont été mis en culture. L'ADN chromosomique extrait de primo-culture positive a été génotypé par la méthode de Hain de 1ère ligne (MTBDRplus) et 2ème ligne (MTBDRsl).

Résultats : Des 448 cas de tuberculose pulmonaire évolutive multi-résistante sans antécédent de tuberculose, 17(3,7%) avaient une résistance associée aux Fluoroquinolones ou aux Injectables. Sept (64%) des 11 isolats cliniques pré-XDR-TB avaient une mutation dans le gène *gyrA*(D94A, D94G, D94N/Y) qui codent pour un haut niveau de résistance et 4(36%) dans le gène *gyrB*. La mutation A1401G a été observée chez 6 souches.

Conclusion : Les tests génotypiques ont permis un diagnostic rapide et fiable de la résistance aux Fluoroquinolones une menace pour l'efficacité du régime de deuxième ligne.

Mots clefs : Tuberculose ; multirésistance ; fluoroquinolones

R002 : Caractérisation des plasmides hébergés par les entérobactéries productrices de bêta-lactamases à spectre élargi d'origine humaine isolées de différents services du Centre Hospitalier et Universitaire (CHU) de Cocody à Abidjan, Côte d'Ivoire

Ouattara Mohamed Baguy, Toty Abalé Anatole, Konan Kouadio Fernique, Guede Kipré Bertin, Tiekoura Konan Bertin, Kouadio Kouamé Innocent, M'bengue Gbonon Valérie Carole, Guessenn Nathalie Kouadio, Kamenan Alphonse, Dosso Mireille and GER BMR

Introduction : Les plasmides jouent un rôle majeur dans le transfert horizontal des gènes de résistance entre différents genres et espèces. L'objectif de cette étude était d'établir le lien entre la taille et le nombre des plasmides présents chez les entérobactéries multirésistantes et le phénotype.

Matériel et méthode : 280 entérobactéries productrices de bêta-lactamases à spectre élargi ont été isolées de divers produits biologiques issus de plusieurs services du CHU de Cocody. Les souches ont été identifiées et un antibiogramme par la technique de diffusion des disques en milieu gélosé a été réalisé. L'extraction des plasmides bactériens a été réalisée à l'aide d'un kit extraction de plasmides. Une électrophorèse sur gel d'agarose à 1,5 % a été réalisée afin de déterminer la taille et le nombre de plasmides par souche bactérienne.

Résultats : Les principales espèces isolées et identifiées étaient *Escherichia coli* (70%), *Klebsiella pneumoniae* (15%) et *Klebsiella oxytoca* (10%). Les phénotypes BLSE et BLSE FQ ont été les phénotypes dominants. 95 % des souches *Escherichia coli* issus de la plupart des services avaient le phénotype BLSE FQ. Toutes les souches hébergeaient au moins un plasmide de taille comprise entre 1200 et 1500 pb hébergeaient un ou deux plasmides de tailles moyennes comprises entre 750 et 1000 pb.

Conclusion : Cette étude préliminaire a montré la présence des plasmides chez les entérobactéries multirésistantes. Ces plasmides peuvent être impliqués dans la dissémination des gènes de résistance entre les espèces

bactériennes ainsi que dans les différents services hospitaliers.

Mots clés : *Entérobactéries, BLSE, plasmides, dissémination,*

R003 : Profil de résistance aux antibiotiques et formation de biofilm d'une biocollection de *Acinetobacter baumannii* de l'Institut Pasteur de Côte d'Ivoire.

M'lan-Britoh Alice, Koumba-Koumba Cariolh, Méité Syndou, Cissé Souleymane, Toty Abale, Sevede Daouda, Yapi Jaures, Tiekoura Bertin, Koukou Akissi Viviane, Doumbia Mousa, M'Bengue Valerie, Guessend Nathalie, Faye -Kette H, Dosso M

Introduction : *Acinetobacter baumannii*, bactérie commensale et pathogène opportuniste, est souvent incriminée dans les infections nosocomiales. Son niveau de résistance élevé aux antibiotiques et sa capacité à former un biofilm contribue à la persistance des infections en milieu hospitalier. L'objectif de cette étude était d'analyser la résistance aux antibiotiques et la formation de biofilm chez les souches de *A. baumannii*.

Méthode : L'étude a porté sur les souches de *Acinetobacter baumannii* isolées de produits biologiques divers analysés à l'Institut Pasteur de Côte d'Ivoire. Après revivification et isolement des souches, les tests de sensibilité aux antibiotiques ont été déterminées par la méthode de diffusion en milieu gélosé. La capacité de formation de biofilm des isolats de *Acinetobacter baumannii* a été déterminée à l'aide d'une méthode quantitative sur plaque de microtitration.

Résultats : Parmi 19 isolats de *A. baumannii* étudiés, les taux de résistance étaient respectivement de 73,7% pour la Ticarcilline+Acide clavulanique, 94,7% pour la Pipéraciline. Celui de la Gentamicine était de 94,7% et l'Amikacine de 57,9%. La Ciprofloxacine et la Tétracycline présentaient un taux de 84,2% et 86,7%. La multirésistance était de 58%. Tous les isolats ont formé des biofilms avec respectivement 36,8% ; 57,9% et 5,3% de formation faible, modérée et forte. Il n'y avait pas de lien entre la formation de biofilm et la multirésistance.

Conclusion : Ces données préliminaires montrent l'importance de poursuivre l'étude sur la caractérisation des gènes de résistance aux antibiotiques et le biofilm.

Mots clés : *Acinetobacter baumannii, Biofilm, Résistance antibiotique, Abidjan.*

R004 : Profil de résistance aux antibiotiques des bactéries isolées des eaux de puits à m'pody, village de la sous-préfecture d'anyama (cote d'ivoire)

Agbessi B.T, Djatchi R. A, Gbagbo T. A, Lathro S, Amin N. C.

Introduction : En 2017, 20% de la population ivoirienne (7% en milieu urbain et 33% en milieu rural), avait comme source d'approvisionnement en eau, des puits traditionnels. Des études effectuées sur les eaux souterraines des localités d'Abidjan, Biankouman, Buyo et N'zianouan, ont révélé une forte contamination microbienne. Par ailleurs, Agbessi et *al.* en 2020, ont mis en évidence la présence dans les eaux de surface à visée récréative de bactéries résistantes aux antibiotiques. C'est dans ce contexte que cette étude a été réalisée à M'pody, pour évaluer le niveau de contamination des eaux des puits et la sensibilité des bactéries aux antibiotiques.

Méthodes : Les indicateurs de pollution fécale ont été recherchés par la méthode de filtration sur membrane et la sensibilité des bactéries aux antibiotiques par la technique de diffusion en milieu gélosé.

Résultats : 359 souches bactériennes ont été isolées dont 167 *Escherichia coli*, 57 *Pseudomonas spp* et 135 *Enterococcus faecalis*. Des résistances ont été observées avec des taux respectifs de : Ampicilline (22%), Doxycycline (28%), Erythromycine (63%) pour *E. faecalis* ; Ticarcilline (31,1%), Amoxicilline+acide clavulanique (39,5%) pour *E. coli*.

Discussion : Les taux de résistance d'*E. coli* étaient moins élevés que ceux d'Agbessi en 2020, qui rapportaient des souches résistantes à l'Amoxicilline (45,5%) et à la Ticarcilline (38%) isolées des eaux de surface à visée récréative. Les taux pour *Enterococcus faecalis* se rapprochaient sensiblement de ceux

rapportés par Agbessi et al, 2020 pour la Doxycycline (50%), l'Erythromycine (20%) et le Cotrimoxazole (100%).

Mots-clés : *Nappe phréatique, bactéries, antibiotiques, résistance.*

R005: Vérification de la méthode d'antibiogramme direct à partir de flacons d'hémocultures positives à l'Institut Pasteur de Côte d'Ivoire (IPCI)

Mariko ST, Gbonon VC, Kouame EC, Diane Km, Guessennd N

Introduction : la bactériémie peut constituer une urgence thérapeutique, la disponibilité de l'antibiogramme (ATB) le plus rapidement possible assurera un traitement approprié en temps opportun.

Objectifs : Vérifier la méthode d'ATB direct à partir de flacons d'hémocultures positives dans notre contexte de travail conformément aux recommandations de la norme 15189.

Matériel et méthodes : Il s'agit d'une étude expérimentale, menée à l'IPCI, d'Avril 2021 à Mai 2021. L'échantillonnage était constitué de flacons d'hémocultures détectés positifs par l'automate BacT/ALERT®. Les tests de sensibilité aux antibiotiques par la méthode directe ont été réalisés, dans un délai de 24H après la positivité de l'hémoculture, et en parallèle avec la méthode standard avec lecture automatisée selon le référentiel de l'EUCAST/CASFM 2021 Version 1.0. Les analyses statistiques ont été effectuées à l'aide du coefficient de Kappa.

Résultats : A l'issue de la réalisation de l'ATB selon les deux méthodes, Le coefficient de kappa était de 0,95 ; 0,90 et 0,92 respectivement pour les bacilles à gram négatif (BGN), les cocci à gram positifs (CGP) et les deux (BGN + CGP). Cela traduit une excellente concordance entre les deux méthodes d'ATB.

Conclusion :

La vérification de la méthode d'ATB direct dans notre contexte de travail permettra de mettre cette méthode en routine pour les hémocultures et ainsi réduire le délai de rendu des résultats dans les situations d'urgence afin d'améliorer la prise en charge du patient.

Mots clés : *hémocultures - antibiogramme direct - Abidjan*

R006: Etude de l'écologie bactérienne des surfaces et dispositifs médicaux de la médecine interne (CHU de Treichville)

Kone-Dotia A, Tahou-Apete S, Djatchi R, Kouassi-Abgessi T, Lathro J.S, Cablan A, Krizo A, Zaba F, Ouassa T, Zinzendorf N. Y,

Introduction : Les établissements de santé constituent un écosystème favorable à la prolifération des bactéries multi-résistantes car ils rassemblent les deux déterminants de l'antibiorésistance. L'objectif général de cette étude était de déterminer la prévalence et le profil de résistance des bactéries les plus retrouvés dans l'environnement du service de Médecine interne du CHU de Treichville.

Matériel et méthodes : A l'aide d'écouvillons stériles des prélèvements ont été effectués entre Avril et Septembre 2013 sur des surfaces et dispositifs médicaux. Les isolements ont été effectués sur des milieux sélectifs usuels et l'identification a été faite selon les méthodes classiques de bactériologie.

Résultats et discussion : Au total 101 prélèvements ont été effectués. Le taux de positivité était de 90,1%. Les sites les plus contaminés étaient les lits (11,8%), les lavabos (11,8%) et les tensiomètres (10,2%). Les espèces bactériennes majoritairement identifiées étaient *Staphylococcus aureus* et *Klebsiella pneumoniae* avec des proportions respectives de 38,2% et 14,3% des isolats. Concernant l'antibiogramme, sur les 48 souches de *Staphylococcus aureus* testées aux disques d'antibiotiques, 39,6% étaient résistantes à la méticilline (METI-R). Quant aux souches d'Entérobactéries isolées, elles produisaient à 52,5% une bêta-lactamase à spectre élargi. Les isolats des bacilles Gram négatif non fermentaires exprimaient dans 52,9% des cas le phénotype céphalosporinase de haut niveau (CHN).

Conclusion : La surveillance microbiologique de ces surfaces hospitalières s'avère être un maillon essentiel dans la stratégie de lutte contre les infections nosocomiales.

Mots-clés : Surfaces et dispositifs médicaux, Infection nosocomiale, Ecologie bactérienne.

R007 : Profil de résistance aux bêta-lactamines et macrolides des souches de Staphylococcus aureus isolées à l'Institut Pasteur de Côte d'Ivoire dans le cadre d'une surveillance annuelle en 2021.

Guédé Kipré Bertin, Tiékoura Konan Bertin., Gbonon Valérie., Bamba Ahmed., Guessennnd Kouadio Aya Nathalie

Introduction : La fréquence des *Staphylococcus aureus* résistants à la méticilline (SARM) est variable dans le monde, faible en France et importante aux USA, atteignant jusqu'à 72% dans les infections cutanées, 80 à 100% en Afrique Subsaharienne, et près de 40% en Côte d'Ivoire.

Face à l'émergence de cette résistance, plusieurs études ont été menées pour aider à la compréhension des impasses thérapeutiques liées à ce germe.

La présente étude vise ainsi à étudier le profil de résistance aux Beta-lactamines et macrolides de cette bactérie.

Méthodes : Le matériel biologique est composé de 1492 souches de *Staphylococcus aureus* isolées sur une période de 12 mois de janvier à décembre 2021 à l'Institut Pasteur Cote d'Ivoire.

L'antibiogramme a été réalisé par la méthode de diffusion en milieu gélosé (Kirby Bauer). La lecture et l'interprétation ont été faites sur l'automate ADAGIO®/BIORAD selon le référentiel de l'EUCAST/CASFM 2021.

Résultats : Sur les 1492 souches isolées, 542 souches étaient résistantes à la cefoxitine (phénotype Méti-R) soit 36,32% et 165 souches résistantes aux macrolides (phénotype MLSb) soit 11,05%. Les phénotypes MLSb inductible et MLSb constitutif ont été retrouvés respectivement dans 15,76% et 84,24% des cas. De façon globale, durant l'année 2021, nous avons obtenu 707 souches de *Staphylococcus aureus* à la fois Méti-R et MLSb, soit 47,39%.

Conclusion : Les taux de résistance importants observés au cours de cette étude interpellent quant à une utilisation plus rationnelle des

antibiotiques afin d'en limiter l'évolution qui peut conduire à des impasses thérapeutiques.

Mots clés : Surveillance résistance - *Staphylococcus aureus* - beta-lactamines - macrolides

R008 : Détection moléculaire de Klebsiella pneumoniae productrice de carbapénémases en milieu hospitalier, CHU Angré, 2021

Sessegnon FA, Yapi IAD, Coulibaly GAE, N'Goran EK, EDI IMEA, Bahan GAJ, Coulibaly-Diallo YM, Kacou N'Douba A

Introduction- La diffusion des souches productrices de carbapénémases notamment en milieu hospitalier constitue un problème de santé publique. L'objectif de l'étude était de déterminer la prévalence de *Klebsiella pneumoniae* Productrice de Carbapénémases (KPC) et de décrire les résistances associées aux antibiotiques.

Méthodologie- Les données microbiologiques ont été collectées sur les souches isolées en 2021 au service de biologie médicale du CHU d'Angré. Les isolats provenaient de produits biologiques de malades hospitalisés. L'identification et l'étude de la sensibilité aux antibiotiques ont été réalisées à l'aide d'un automate (VITEK^{MD2} Compact®). Les souches présentant une sensibilité diminuée à au moins une des carbapénèmes ont fait l'objet de détection moléculaire. Les gènes codant pour la production de 5 carbapénémases (KPC, NDM, IMP, VIM, OXA 48) ont été recherchés par PCR.

Résultats- Sur un total de 179 bacilles à GRAM négatif isolées, *Klebsiella pneumoniae* représentait 35,20 % (63/179) des cas. Le taux de KPC était de 12,69% (8/63). KPC était fréquemment isolé des hémocultures (62,50%). Les gènes bla_{VIM} et bla_{KPC} étaient exprimés respectivement dans 37,50% (3/8) et 12,50% (1/8) des cas. Une co-expression des gènes (bla_{OXA-48} et bla_{NDM}) a été observée dans 50% des cas (4/8). Le gène bla_{IMP} n'a pas été exprimé. La résistance associée à la gentamycine était de 87,50% et de 75% à la

ciprofloxacine. La multi résistance a été observée dans 87,50% des cas.

Conclusion- La circulation de KPC en milieu hospitalier doit être pris en compte dans la stratégie de lutte contre les infections nosocomiales voire la résistance aux antimicrobiens.

Mots clés : *Klebsiella pneumoniae* - Carbapénémases- Milieu hospitalier – Abidjan.

R009: Epidémiologie et profil de résistance aux antibiotiques des souches de Staphylocoques coagulase négative isolées au service de biologie médicale du CHU d'Angré en 2021

Bahan GAJ, Yapi IAD, Ahonzo Afmae, Edi Imea, N'goran SE, Kacou N'douba A

Introduction- Les staphylocoques coagulase négative (SCoN) longtemps considérées comme non pathogènes sont de plus en plus responsables d'infections notamment en milieu hospitalier. L'objectif de l'étude était de déterminer la prévalence des staphylocoques coagulase négative dans les infections et leur profil de résistance aux antibiotiques.

Matériel et méthodes- Il s'agit d'une étude transversale réalisée sur les souches de staphylocoques à coagulase négative isolées au service de biologie médicale du CHU d'Angré, de 2020 à 2021. L'identification a été réalisée selon des méthodes bactériologiques standards et automatisées (Vitek 2). Les profils de résistance aux antibiotiques ont été déterminé selon les recommandations EUCAST.

Résultats- Sur 3274 échantillons analysés, 183 souches de SCoN étaient isolées. Parmi elles, 97 étaient considérées comme des contaminants et 86 isolats étaient des pathogènes (2,62% ; 86/3274). Elles provenaient des services de pédiatrie (37,2%), de médecine (12,8%) et de réanimation (8,1%). Elles étaient retrouvées dans les hémocultures et les pus respectivement dans 88,4% et 5,8%. Les espèces de SCoN identifiées étaient *S. epidermidis* (13,9%), *S. hominis* (9,3%) et *S. haemolyticus* (81%). La

résistance à la méticilline était de 68,6% (59/86). La résistance associée était de 69,5% à la Gentamycine, 62,7% à la Sulfaméthoxazole-Triméthoprime, 61 % à l'Erythromycine et 45,7% à la Ciprofloxacine. La résistance à la vancomycine était de 11%. La multirésistance était de 38,37%.

Conclusion- Les SCoN en milieu hospitalier présentent un niveau de résistance élevée aux antibiotiques. La caractérisation génotypique de ces isolats permettra d'étudier les mécanismes de résistance et les facteurs de pathogénicité.

Mots clés : *Staphylocoque à coagulase négative -résistance à la méticilline- infections hospitalières-Abidjan.*

R010 : Pseudomonas aeruginosa en milieu hospitalier: prévalence et profil de résistance aux antibiotiques, CHU Angré

Edi IMEA, N'Goran EK, Yapi IAD, Bahan GAJ, Coulibaly-Diallo YM, Ahonzo AF, Kacou-N'Douba A

Introduction- *Pseudomonas aeruginosa*, pathogène opportuniste, est fréquemment impliqué dans les infections nosocomiales. L'objectif de cette étude était de déterminer la prévalence de *Pseudomonas aeruginosa* dans les infections hospitalières et son profil de résistance aux antibiotiques.

Matériel et Méthodes: Cette étude transversale descriptive menée au service de biologie médicale du CHU d'Angré de 2021 à 2022. Les souches ont été isolées de divers produits biologiques provenant de malades hospitalisés. L'identification s'est faite à l'aide de méthodes bactériologiques standards. L'étude de la sensibilité aux antibiotiques a été réalisée grâce à un automate (VITEK^{MD2} Compact®).

Résultats- Sur 2038 cultures positives, 65 souches (3,19%) de *Pseudomonas* ont été isolées. *Pseudomonas aeruginosa* représentait 95,38% (62/65) et *Pseudomonas stutzeri* 4,62%. Les isolats de *Pseudomonas aeruginosa* provenaient des services de chirurgie (48,38%) et de réanimation (19,35%). Les pathologies étaient représentées par les suppurations post opératoires, les bactériémies

et les pneumonies respectivement dans 58,06%, 16,12% et 8,06%. Parmi ces souches, 48,39% (30/62) étaient résistantes à la ceftazidime, 22,58% (14/62) produisaient une Bétalactamase à Spectre Étendu (BLSE) et 11,29% (7/62) une carbapénémase. Pour les BLSE, la résistance croisée était de 57,14% (8/14) avec la gentamycine et 42,85% (6/14) avec la ciprofloxacine. Toutes les souches productrices de carbapénémases étaient résistantes à la gentamycine et 85,71% (6/7) à la ciprofloxacine.

Conclusion- La prévalence de *Pseudomonas aeruginosa* dans les infections est relativement basse mais le niveau de résistance est élevé. Ces données devraient être prises en compte dans les stratégies de lutte contre la résistance antibactérienne en milieu hospitalier.

Mots clés : *Pseudomonas aeruginosa* – Résistance aux antibiotiques - Infections hospitalières- Abidjan.

R011 : Surveillance de la résistance de Streptococcus pneumoniae à l'azithromycine en Côte d'Ivoire : enquête de portage nasopharyngé chez les enfants en 2022

Gbonon V, Sadate-Ngatchou P, Toure F, Kipré B, Kouamé C, Toure D, Kangah T, Tiékoura B, Toty A, Kangah T, N'golo D, Guessennd N, Dosso M, Dulli L

Introduction : Des lignes directrices de l'OMS publiées en 2020 appellent à une surveillance continue de la résistance à l'azithromycine de la flore nasopharyngée, notamment de *Streptococcus pneumoniae* (pneumocoque) dans le cadre de l'administration semestrielle de cette molécule en traitement de masse (TDM) aux enfants de 1 à 11 mois dans les zones de mortalité élevée.

Objectifs : Réaliser la surveillance de la résistance à l'azithromycine du pneumocoque chez les enfants ciblés par les campagnes semestrielles du TDM.

Méthodes : Les enfants éligibles dans 19 districts sanitaires au nord, nord-est et ouest de la Côte d'Ivoire ont été sélectionnés de manière aléatoire dans 44 zones de dénombrement (ZD). Un couple d'enquêteur/préleveur ont été

recrutés et formés à l'administration du questionnaire (via des tablettes) et aux prélèvements nasopharyngés. Ces enquêteurs ont travaillé en étroite collaboration avec l'Agent de Santé Communautaire de chaque ZD.

Résultats :

Du 10 juillet au 9 août 2022, 706 parents d'enfants sur 748 attendus ont accepté de participer à l'enquête. Au total, 704 prélèvements ont été réalisés, ensemencés directement sur le terrain sur des milieux de culture à base de gélose Columbia au sang frais de mouton supplémenté puis acheminés à l'Institut Pasteur de Côte d'Ivoire pour les analyses dans des milieux de transport AMIES et Trans Isolate. Des leçons ont été apprises tant au niveau managérial, logistique que technique.

Conclusion :

La surveillance de la résistance des souches de portage du pneumocoque (bactérie très fragile) à l'azithromycine reste un défi nécessitant un renforcement des capacités des ressources humaines, matérielles et financières pour une pérennisation.

Mots clés: *Surveillance – Portage pneumocoque – Résistance azithromycine – Enfant - Côte d'Ivoire*

R012 : Vérification de la méthode d'antibiogramme direct à partir de flacons d'hémocultures positives à l'Institut Pasteur de Côte d'Ivoire (IPCI)

Gbonon Vc, Mariko ST, Kouame EC, Diane KM, Guessennd N

Introduction : la bactériémie peut constituer une urgence thérapeutique, la disponibilité de l'antibiogramme (ATB) le plus rapidement possible assurera un traitement approprié en temps opportun.

Objectifs : Vérifier la méthode d'ATB direct à partir de flacons d'hémocultures positives dans notre contexte de travail conformément aux recommandations de la norme 15189.

Matériel et méthodes : Il s'agit d'une étude expérimentale, menée à l'IPCI, d'Avril 2021 à Mai 2021. L'échantillonnage était constitué de flacons d'hémocultures détectés positifs par

l'automate BacT/ALERT®. Les tests de sensibilité aux antibiotiques par la méthode directe ont été réalisés, dans un délai de 24H après la positivité de l'hémoculture, et en parallèle avec la méthode standard avec lecture automatisée selon le référentiel de l'EUCAST/CASFM 2021 Version 1.0. Les analyses statistiques ont été effectuées à l'aide du coefficient de Kappa.

Résultats : A l'issue de la réalisation de l'ATB selon les deux méthodes, Le coefficient de kappa était de 0,95 ; 0,90 et 0,92 respectivement pour les bacilles à gram négatif (BGN), les cocci à gram positifs (CGP) et les deux (BGN + CGP). Cela traduit une excellente concordance entre les deux méthodes d'ATB.

Conclusion : La vérification de la méthode d'ATB direct dans notre contexte de travail permettra de mettre cette méthode en routine pour les hémocultures et ainsi réduire le délai de rendu des résultats dans les situations d'urgence afin d'améliorer la prise en charge du patient.

Mots clés : *Hémocultures - Antibiogramme direct - Abidjan*

R013 : Étude de la sensibilité aux phages des souches d'Escherichia coli multi-résistantes aux antibiotiques

ESSOH Christiane, AYEIE Arlette Jemima, KRA Kouakou Eugène, KACOU-N'Douba Adèle, COULIBALY Adama

Introduction : Les bactéries multi-résistantes (BMR) aux antibiotiques comme les isolats d'Escherichia coli producteurs de BLSE et ceux résistants aux carbapénèmes provoquent des infections difficiles à traiter conduisant parfois à des impasses thérapeutiques. Cependant, l'utilisation thérapeutique des bactériophages (phagothérapie) pourrait représenter une alternative efficace à cette antibio-résistance. L'objectif principal de ce travail était de déterminer le profil de résistance aux bactériophages des souches cliniques d'E. coli multi-résistantes aux antibiotiques. Matériel et méthodes : L'approche méthodologique a consisté à isoler les phages spécifiques d'E. coli à partir des eaux usées d'Abidjan par la

méthode des spots. Les phages ont été caractérisés à partir de la morphologie des plages de lyse et de leur spectre d'hôte sur des souches cliniques d'E. coli majoritairement multi-résistantes aux antibiotiques.

Résultats : Près de quatre-vingt-dix phages actifs ont été isolés sur la base des caractères morphologiques des plages de lyses. Sur 32 souches bactériennes testées, 28 ont été lysées par l'ensemble des bactériophages. La majorité des phages a un large spectre d'hôte infectant individuellement près de la moitié des bactéries.

Conclusion: E. coli est identifié comme la bactérie la plus meurtrière parmi les agents pathogènes prioritaires. Ainsi, l'identification des phages spécifiques d'E. coli capables de lyser les souches multi-résistantes permet d'envisager la phagothérapie en Côte d'Ivoire.

Mots-clés: *résistance aux antibiotiques, Escherichia coli, bactériophages, Côte d'Ivoire*

R014 : Profils génotypiques de tuberculeux éligibles au régime de deuxième ligne en Côte d'Ivoire

Bamba N, Orsot Bosso-Bai D A, Adade O, Adagra GD, Angu-Seck H, Coulibaly F, Nchakou B, Soro S, Yapo FO, Ncho E, Koffi EA, Nguessan KR

Introduction : Les antibiotiques de deuxième ligne sont un atout majeur dans la lutte contre la tuberculose à bacilles multirésistants. Les Fluoroquinolones en sont la pièce maîtresse et sont l'objet de résistances naturelles ou acquises. Afin de contrôler l'émergence de la tuberculose multirésistante, l'OMS a recommandé la détection rapide et fiable de la sensibilité des bacilles par les tests de sensibilité génotypique.

Objectif : Cette étude a pour objectif de dresser le profil de sensibilité génotypique d'isolats cliniques de nouveaux cas éligibles au traitement de deuxième ligne de janvier 2021 à décembre 2022.

Matériel et méthode : Les expectorations spontanées de patients suspects de tuberculose

ont été analysées par PCR semi-quantitative à l'aide de la technologie du Xpert MTB/Rif-Ultra. Les échantillons avec une mutation dans le gène *rpoB* ont été mis en culture. L'ADN chromosomique extrait de primo-culture positive a été génotypé par la méthode de Hain de 1^{ère} ligne (MTBDR_{plus}) et 2^{ème} ligne (MTBDR_{sl}).

Résultats : Des 448 cas de tuberculose pulmonaire évolutive multi-résistante sans antécédent de tuberculose, 17(3,7%) avaient une résistante associée aux Fluoroquinolones ou aux Injectables. Sept (64%) des 11 isolats cliniques pré-XDR-TB avaient une mutation dans le gène *gyrA*(D94A, D94G, D94N/Y) qui codent pour un haut niveau de résistance et 4(36%) dans le gène *gyrB*. La mutation A1401G a été observée chez 6 souches.

Conclusion : Les tests génotypiques ont permis un diagnostic rapide et fiable de la résistance aux Fluoroquinolones une menace pour l'efficacité du régime de deuxième ligne.

Mots clés : Tuberculose ; multirésistance ; fluoroquinolones

R015 : *Mycobacterium tuberculosis* a sensibilité augmentée aux fluoroquinolones

Orsot Bosso-Bai DA, Bamba N, Adade O, Adagra Gd, Angu-Seck H, Coulibaly F, Nchakou B, Soro S, Yapo FO, Ncho E, Koffi EA, Nguessan KR

Introduction : L'émergence de la tuberculose pharmacorésistante est un défi majeur de santé publique. Les Fluoroquinolones, antituberculeux clés du régime de deuxième ligne, sont actifs sur *Mycobacterium tuberculosis* à des CMI variant entre 0,1 et 4µg/ml, leur efficacité étant dose-dépendante, toute résistance aux Fluoroquinolones pourrait être un facteur de mauvais pronostic du traitement d'où l'intérêt de leur surveillance.

Objectif: Cette étude avait pour objectif de décrire le profil de sensibilité génotypique et phénotypique d'isolats cliniques de patients traités par des antituberculeux de 2^{ème} ligne.

Matériel et méthodes: La veille microbiologique relative à l'antibiorésistance aux antituberculeux usuels au Laboratoire National de Référence de la Tuberculose s'appuie sur des tests de sensibilité génotypiques (Hain, MTBDR_{plus} et MTBDR_{sl}) réalisés sur une primo-culture positive d'expectorations spontanées collectées après la phase intensive du traitement et de tests de sensibilité phénotypique en milieu liquide à la concentration critique de 0,25 µg/ml, à 1µg/ml (clinical breakpoint) respectivement pour la Moxifloxacin et à 1µg/ml de Levofloxacin.

Résultats: Des 240 patients traités par un régime standardisé de deuxième ligne, le profil de sensibilité de 4 isolats cliniques a été interprété sensible aux Fluoroquinolones par la méthode génotypique et résistant à la concentration critique 0,25µg/ml de Moxifloxacin. A la concentration de 1 µg/ml de Moxifloxacin et de Levofloxacin, les résultats des tests phénotypiques et génotypiques étaient concordants.

Conclusion : Les souches de *Mycobacterium tuberculosis* à sensibilité augmentée aux Fluoroquinolones sont sources d'échec thérapeutique, une veille microbiologique incluant l'utilisation conjointe des tests phénotypiques et génotypiques est utile au succès thérapeutique.

R016: Profils de résistance aux antibiotiques des isolats de *Acinetobacter baumannii* dans les infections pédiatriques, CHU Angré, Abidjan.

N'goran ek, Edi ie, Sessegnon fa, Yapi iad, Bahan gaj, Coulibaly-diallo ym, Kacou n'douba a

Introduction- *Acinetobacter baumannii* multirésistant pose un véritable problème de prise en charge thérapeutique surtout chez l'enfant chez qui certains antibiotiques sont contre-indiqués. L'objectif de l'étude était de déterminer la prévalence de *Acinetobacter baumannii* dans les infections pédiatriques et sa sensibilité aux antibiotiques.

Méthodologie- Il s'agit d'une étude transversale rétrospective qui s'est déroulée de

janvier 2021 à septembre 2022 sur les échantillons biologiques provenant d'enfants hospitalisés. Les souches bactériennes isolées, ont été identifiées selon les méthodes bactériologiques standards. L'étude de la sensibilité aux antibiotiques a été réalisée à l'aide d'une méthode automatisée (Vitek®2 compact). L'analyse des données s'est faite dans le logiciel EPI INFO.

Résultats- Sur un total de 2562 analyses microbiologiques réalisées, 922 cultures (35,98%) étaient positives sur la base de signes cliniques infectieux pertinentes. *Acinetobacter baumannii* a été isolé dans 3,36% des cas (31/922). La majorité des souches provenait des hémocultures (28/31; 90,32%). Les isolats produisant une bêta-lactamase à spectre étendu (BLSE) et une carbapénemase représentaient respectivement 12,90% (4/31) et 6,45% (2/31). Les taux de résistance étaient de 12,90% (4/31) pour la ceftazidime, 22,58% (7/31) pour la piperacilline-tazobactam, 6,45% (2/31) pour l'imipénème, 19,35% (6/31) pour la gentamycine et 35,48% (11/31) pour la colistine. La multirésistance a été observée dans 12,90% des cas (4/31). Une souche soit 3,22% était toto résistante aux antibiotiques testés.

Conclusion- La présence de *Acinetobacter baumannii* multi-résistant dans les infections pédiatriques impose une surveillance microbiologique. La caractérisation moléculaire de ces isolats permettra d'étudier les mécanismes de résistance.

Mots-clés: *Acinetobacter baumannii*-Antibiotiques- Multirésistance- Infections pédiatriques- - Abidjan.

R017 : Profil bactériologique et résistance aux antibiotiques des souches de *Bacillus cereus* isolées des selles d'enfants (0 à 5ans) à l'hôpital général de Port-Bouet (Abidjan)

Yapi Adompo Jaures Cedric, Coulibaly Kalpy Julien, Britoh-Mlan Alice, Meité Syndou, Anné Jean Claude, Kouamé Elogne clarisse, Dosso Mireille

Introduction: Les maladies diarrhéiques représentent l'une des principales causes de morbi-mortalité chez les enfants de moins de 5 ans en Afrique. Les diarrhées dues à *Bacillus*

cereus sont rares, relativement bénignes et difficiles à confirmer. L'objectif général de ce travail était de décrire les principales caractéristiques phénotypiques des souches de *Bacillus cereus* isolés des selles d'enfants de 0 à 5 ans atteints de diarrhée à l'hôpital général de Port Bouet.

Matériel et méthode: La coproculture réalisée sur les selles prélevées chez les enfants de 0 à 5 ans a permis de mettre en évidence 16 souches de *Bacillus cereus* sur lesquelles la description des caractères bactériologiques cultureux, morphologiques et biochimiques a été effectuée. L'antibiogramme a été réalisé selon la méthode de Kirby Bauer et les phénotypes de résistance relevés.

Résultats: Les patients concernés étaient âgés de moins de 12 mois avec un sex ratio de 1,28. Toutes les souches (100%) étaient mobiles polaires péritriche et résistantes à la benzylpénicilline à l'ampicilline, à l'amoxicilline et au Triméthoprime. L'on notait également 6,25% de résistance à la clindamycine, 12,5% de Résistance à la vancomycine et 6,25 % des souches sensibles à l'imipénème.

Discussion: *B. cereus* est peu sensible aux bêta-lactamines. Il possède une bêta-lactamase chromosomique appartenant au groupe 2a de Jacoby-Meideros. La résistance élevée pour la plupart des souches à la Triméthoprime a été citée par **Hafiz et al. 2012**.

Conclusion: *Bacillus cereus* mérite d'être considérée dans les coprocultures standards ou d'investigation. Son profil phénotypique particulier pourrait expliquer ses implications pathogéniques

Mots clés : *Bacillus cereus*, Diarrhée, Caractères phénotypiques, Profil de résistance, Port-Bouët, Coproculture.

R018 : Détection moléculaire des gènes de résistance chez les bactéries des sols sous cultures maraichère

Coulibaly GAE, Pakora G, Essoh YC, Kacou NA, Djaman AJ

Introduction : L'utilisation de fumier comme engrais organique constitue une source de

contamination de l'environnement par les gènes de résistance et les bactéries résistantes aux antibiotiques. La présente étude avait pour objectif de caractériser les gènes de résistance aux β -lactamines, aux fluoroquinolones et aux sulfamides chez les bactéries des sols sous culture maraichère.

Methodologie: Une analyse phénotype de la résistance aux antibiotiques a été réalisée en mettant les bactéries en culture sur la gélose LB supplémentée d'antibiotique. Les isolats résistants aux différents antibiotiques ont été sélectionnés et les gènes de résistance $bla_{CTX-M-U}$, bla_{SHV} , bla_{TEM} , bla_{OXA-48} , bla_{VIM} , bla_{IMP} , bla_{NDM} , bla_{KPC} , $GyrA$, $QnrA$, $QnrB$, $Sul\ 1$ et $Sul\ 2$ ont été recherchés. Les bactéries présentant au moins un gène de résistance ont été identifiées au Vitek 2R compact.

Résultats: Sur les 142 bactéries isolées, 24 possédaient les gènes de résistance aux β -lactamines suivants bla_{SHV} , bla_{TEM} , bla_{IMP} , bla_{NDM} , bla_{OXA} et bla_{VIM} . Les gènes $Sul\ 1$ et $qnrB$ ont été détectés respectivement chez 46 et 15 bactéries.

Les bactéries résistantes étaient composées majoritairement de 9 *Enterobacter cloacae complex*, 5 *Enterobacter aerogenes* et 8 *Pseudomonas aeruginosa*.

La présence du gène TEM et Sul 1 traduit l'utilisation importante de ceftazidime et de Sulfaméthoxazole-Triméthoprime dans les fermes avicoles.

Conclusion: La présence des gènes de résistance aux carbapénèmes représente un risque épidémiologique car les métallob β -lactamases confèrent une résistance aux carbapénèmes et aussi à presque toutes les β -lactamines et peut même être associé à une résistance aux aminosides, ce qui rend les options thérapeutiques très limitées.

Mots clés : sol, gènes de résistance, bactéries multirésistances, *Enterobacter*, *Pseudomonas aeruginosa*

R019: Evolution de la résistance antibactérienne d'*Escherichia coli* vis-à-vis des céphalosporines de troisième génération et des fluoroquinolones du réseau de surveillance de 2019 à 2021

Konan K.F, Tiekoura K.B, Toty AA, Guede KB, Ouattara MB, Beudje F, Mariko ST, Gbonon VC ET Guessennd N

Introduction: L'antibiorésistance est un problème majeur de santé publique au niveau mondial. Le mésusage des antibiotiques participe à l'émergence de la résistance bactérienne. Cette étude vise à déterminer le profil de résistance des souches d'*Escherichia coli* vis-à-vis des céphalosporines de troisième génération et des fluoroquinolones en Côte d'Ivoire et analyser leur évolution dans le temps.

Méthodologie: C'est une étude rétrospective qui s'est déroulée de 2019 à 2021, portant sur les souches d'*Escherichia coli* du réseau de surveillance nationale. Les souches isolées ont fait l'objet d'un antibiogramme sur gélose Muller-Hinton.

Résultats: Un total de 1121 souches d'*Escherichia coli* d'origine humaine ont fait l'objet de cette étude. Ces souches ont été majoritairement isolées des urines avec un taux de 69,6%. Il a été observé une forte proportion des souches communautaires, soit 56,2%. Le taux de résistance des souches d'*Escherichia coli* a augmenté significativement de 63,5% à 88,5% à la cefotaxime, une légère augmentation de 30,2% à 36,6% à la cefoxitine. Au niveau des fluoroquinolones, une augmentation de 81,7% à 87,3% à la ciprofloxacine et une légère augmentation de 85,7% à 89,5% à la levofloxacine sont observées. Le taux de BLSE est passé de 40,9% à 48,1% et la résistance aux fluoroquinolones connaît une baisse de 27,3% (52,3% à 25%).

Conclusion: L'évolution de la résistance d'*Escherichia coli* aux céphalosporines de 3^e Génération et fluoroquinolones est un phénomène réel en Côte d'Ivoire. La maîtrise de ce phénomène est urgente et nécessite une implication des pouvoirs publics afin de mettre en place des dispositions idoines.

Mots clés: *Escherichia coli*, céphalosporines, fluoroquinolones, réseau de surveillance, Côte d'Ivoire

R020 : Prévalence de SARM dans les infections à *S aureus* au CHU de Yopougon

Meite S, Mlan AB, Zaba F, Yapi J, Ouattara AA, Faye-Kette H, Dosso M

Justification : *S aureus* est une bactérie fréquemment retrouvée dans les infections bactériennes chez l'homme. Elle développe de plus en plus des résistances aux antibiotiques classiques. L'émergence des SARM dans les structures hospitalières constitue un problème majeur de santé publique.

Objectif : Déterminer la proportion des SARM dans les infections à *S aureus* au CHU de Yopougon

Méthodologie: 384 de souches de *S aureus* ont été analysées. Les souches ont été isolées de produits biologiques reçus au laboratoire de Bactériologie entre 2014 et 2018. Les souches ont été identifiées par les tests phénotypiques après isolement sur gélose nutritive. L'étude de la sensibilité aux antibiotiques a été faite par la méthode d'antibiogramme et le disque de cefoxitine a été utilisé pour mettre en évidence la méticillino-résistance.

Résultats : 37,5% de *S aureus* provenaient des enfants de moins de 10 ans et le sex ratio (H/F) était de 1,18. 89% des souches étaient d'origine hospitalière dont 50% provenant des services de pédiatrie et 23% des services de chirurgie. 52% des souches de *S aureus* étaient isolées dans les échantillons de pus et 19% des hémocultures. Plus de 90% des souches étaient résistantes à la Pénicilline G et 47% étaient des SARM. 33,4% des bactéries avaient le phénotype KTG vis-à-vis des Aminocyclitolés. 30% des *S aureus* étaient résistantes à Erythromycine et 34,7% de résistance à la Ciprofloxacine.

Conclusion : *S aureus* reste généralement une bactérie du milieu hospitalier impliqué dans les suppurations. L'émergence des SARM constitue une réelle préoccupation pour la prise en charge des patients dans les structures hospitalières. La veille microbiologique et l'hygiène hospitalière constituent des moyens de lutte efficace contre sa dissémination.

Mots clés : *S aureus* – Méticillino-résistance – infection bactérienne

R021 : Résistance de *Neisseria gonorrhoeae* aux antibiotiques en Côte d'Ivoire

Yeo A., Ngahane D.M.B., Kouame-Blavo B., Ouattara A, Yao A.C., Bazan F., Faye-Kette H., Dosso M., Teodora Wi, Unemo M.

Introduction : La résistance de *N gonorrhoeae* aux antimicrobiens (RAM) compromet le traitement de la gonorrhée à l'échelle mondiale. Les données récentes sur la RAM sont extrêmement limitées en Côte d'Ivoire. Cette étude avait pour objectifs : (i) établir un réseau national de surveillance active des IST pour collecter les souches de *N gonorrhoeae*. (ii) étudier la RAM des isolats de gonocoques.

Methodologie : Des souches de *N gonorrhoeae* ont été obtenus à partir d'hommes et de femmes sexuellement actifs symptomatiques ou asymptomatiques du réseau national des IST en Côte d'Ivoire. Les données des patients ont été collectées, y compris l'âge, le sexe, l'orientation sexuelle et les symptômes. Les concentrations minimales inhibitrices de 7 antibiotiques ont été déterminées par Etest et interprétées à l'aide des seuils EUCAST. La production de β -lactamase a été détectée à l'aide de disques de cefinase.

Resultats : Le réseau national de surveillance des IST a collecté 373 souches de *N gonorrhoeae* et 287 isolats ont été testés. Le niveau de résistance de ces gonocoques, était reparti comme suit ; 91,28 % de résistance à la tétracycline et à la pénicilline G, 89,55 % à la ciprofloxacine, 14,64 % à l'azithromycine. Toutes les souches testées étaient sensibles à la ceftriaxone, à la céfixime et à la spectinomycine.

Conclusion : La résistance élevée à la ciprofloxacine traduit un changement dans le profil épidémiologique des souches de *Neisseria gonorrhoeae* en Côte d'Ivoire.

Mots clés : Antimicrobial resistance (AMR) - *Neisseria gonorrhoeae* - Côte d'Ivoire.

R022 : Résistance aux antibiotiques des enterobactéries uropathogènes communautaires au CHU d'Angre, Abidjan

Coulibaly-Diallo YM, Yapi IAD, Kamara SM, Bahan GAL, Kacou N'douba A

Introduction : La consommation abusive des antibiotiques au sein des collectivités est à l'origine de l'émergence d'entérobactéries résistantes dans les infections communautaires. L'objectif de cette étude était d'évaluer le niveau de résistance des entérobactéries uropathogènes dans les infections communautaires.

Méthode : L'étude transversale a porté sur les données de l'examen cytobactériologique des urines (ECBU) collectées de 2019 à 2020 au service de biologie médicale du CHU d'Angré. Les urines provenaient de patients non hospitalisés. L'analyse des urines s'est fait selon les méthodes bactériologiques standards. Un antibiogramme a été réalisé grâce à l'automate VITEK[®]2 Compact, (Biomerieux[®]).

Résultats : Sur 799 ECBU collectés, 678 provenaient de patients ambulatoires parmi lesquels 129 (19,02%) étaient en faveur d'une infection urinaire. Les entérobactéries étaient isolées dans 87 cas sur 129 (67,44%). Les espèces isolées étaient *Escherichia coli* (68%), *Klebsiella spp* (26%), *Proteus mirabilis* (5%) et *Enterobacter spp* (1%). La résistance d'*E. coli* était de 91,52% à l'Amoxicilline, de 72,88% à l'Amoxicilline + Acide Clavulanique, de 27,58% à la Gentamicine, de 60,34% à la Ciprofloxacine et de 75% au Cotrimoxazole. La résistance à l'Imipénème était de 1,69% pour *E. coli* et de 10% pour *Klebsiella spp*. Parmi les isolats d'entérobactéries, 6,66% étaient productrices de beta-lactamase à spectre étendu (BLSE) et 51,72% étaient multirésistantes. Ces bactéries multirésistantes (BMR) étaient plus fréquentes chez les personnes âgées ($p=0,0008$) et les femmes non enceintes ($p=0,0034$).

Conclusion : Le taux élevé de BMR dans les infections urinaires communautaires, reflète la surconsommation des antibiotiques et devrait susciter l'élaboration d'un algorithme thérapeutique adapté.

Mots clés : Entérobactéries, Multirésistance, Infection urinaire communautaire, Abidjan

R023 : Prévalence de *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline isolées dans les

infections hospitalières, Centre Hospitalier et Universitaire d'Angré, 2021

Ahonzon Afmae, Bahan GAJ, Yapi IAD, Edi Imea, N'goran SE, Koffi S, Kacou N'douba A

Introduction- *Staphylococcus aureus* (SA), bactérie commensale pouvant être responsable d'infections graves en milieu hospitalier. L'objectif de cette étude était de déterminer la prévalence de *Staphylococcus aureus* dans les infections hospitalières et leur profil de résistance aux antibiotiques.

Matériel et méthodes- C'est une étude transversale qui s'est déroulée de janvier à décembre 2021 au service de biologie médicale du CHU d'Angré. Les souches ont été isolées de produits biologiques provenant de malades hospitalisés. L'identification de SA a été réalisée selon les techniques standards et l'étude de la sensibilité aux antibiotiques s'est faite à l'aide de l'automate (Vitek[®]MD 2 compact).

Résultats: Parmi 2383 échantillons analysés, 264 cultures étaient positives (11,08%). *Staphylococcus aureus* a été isolé dans 33,71% (89/264) après les entérobactéries (62,87%). Les isolats provenaient majoritairement de la pédiatrie (56,17%). SA était isolé des hémocultures (56/89; 62,92%), des suppurations post-opératoires (5,84%) et des liquides pleuraux (11,24%). Le taux de *Staphylococcus aureus* résistant à la méticilline (SARM) était de 20,22% (18/89). La résistance croisée des SARM aux autres antibiotiques était de 78% pour la gentamycine, 72% pour la ciprofloxacine, 50% pour l'érythromycine, 27% pour la clindamycine et 88% pour le sulfaméthoxazole-triméthoprim. Le taux de bactéries multi résistantes était de 13,48% (12/89).

Conclusion- La circulation des souches de SARM avec une résistance associée aux autres antibiotiques en milieu hospitalier reste une

préoccupation dans la prise en charge thérapeutique des malades. Une caractérisation génotypique des isolats de SARM devrait permettre de déterminer les clones.

Mots-clés : *Staphylococcus aureus- Résistance à la pénicilline- Infections hospitalières- Abidjan.*

R024: Caractérisation de la résistance bactérienne dans des milieux hydriques urbains et péri-urbains en Côte d'Ivoire

Coulibaly kj, Diaby as, M'bengue-gbonon vc, Vakou ns, Tiekoura kb, Bagre i, Dosso m

Introduction : La résistance aux antimicrobiens représente une menace majeure de santé publique surtout dans les pays en développement (PVD). La dissémination croissante des antibiotiques dans l'environnement catalyse la transmission des gènes de résistances aux antibiotiques (ARG) entre bactéries. D'où l'importance d'étudier la présence d'ARG et de bactéries multirésistantes (BMR) au sein des milieux récepteurs environnementaux. L'OMS avertit plus particulièrement sur la menace de santé publique lié aux bactéries Gram négatif résistantes aux céphalosporines de troisième génération (C3G) et aux carbapénèmes.

Méthodes : En Côte d'Ivoire où, les eaux usées sont rejetées sans traitement dans l'environnement, cette étude se propose d'évaluer et de cartographier l'antibiorésistance à l'échelle d'un bassin péri-urbain et de 3 agglomérations. L'abondance des bactéries multirésistantes et des ARG a été étudiée respectivement à l'aide de méthode bactériologie classique et de biologie moléculaire (PCR). Cette étude a mis en évidence les gènes codant des résistances aux carbapénèmes notamment KPC, NDM et OXA48. Des souches d'*E. coli*, de *K. pneumoniae* multirésistantes et d'autres

hautement résistantes émergentes (BHRe) ont été isolées.

Résultats : Les analyses PCR ont révélé que ces BHRe sont productrices de carbapénémases de types NDM. La présence d'EPC dans les eaux urbaines est préoccupante, puisqu'elle constitue un réservoir environnemental d'antibiorésistance exposant les riverains à des bactéries résistantes et pouvant jouer un rôle dans la dissémination de gènes.

Conclusion : Ce travail met en lumière les effets des activités anthropiques sur l'émergence et de la dissémination des ARG dans l'environnement et encourage à améliorer les dispositifs d'assainissement dans les pays en voie de développement.

Mots clés : *Pressions anthropiques, milieux urbains, entérobactéries, multirésistances, gènes, Côte d'Ivoire*

R025: Profil de résistance aux antibiotiques des bactéries responsables d'infection respiratoire en période pré et post covid-19 en côte d'ivoire.

Tiekoura KB, M'bengue, Gbonon V C, Toty A A, Konan F K, Guedé K B, Ouattara M B, Guessennd N K, Dosso M.

Introduction: La maladie à coronavirus est une maladie infectieuse respiratoire aiguë, causée par le virus SARS Cov-2. Elle se caractérise le plus souvent par de la fièvre et de la toux, une sensation d'oppression thoracique. Sa prise en charge nécessite une antibiothérapie. L'objectif est : déterminer le niveau de résistance aux antibiotiques de bactéries responsables d'infections respiratoires avant et après Covid-19. **Méthodologie:** Cette étude a couvert six mois avant et après le premier cas de Covid-19 en Côte d'Ivoire. Les antibiotiques choisis selon la directive nationale de prise en charge des patients Covid-19: Ceftriaxone, Céfotaxime, Ceftazidime, Céfoxitine, Azythromycine et Erythromycine. L'étude a concerné *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella*

pneumoniae et *Pseudomonas aeruginosa*. La base de données du CNR-antibiotique a été analysée. **Resultats:** 216 et 208 souches de *Klebsiella pneumoniae*, 109 et 81 *Pseudomonas aeruginosa*, 222 et 193 *Staphylococcus aureus* respectivement en période pré et post Covid-19 ont été étudiées. *Klebsiella pneumoniae*: les taux de résistance à la ceftriaxone sont passés de 7,4% avant Covid-19 à 42,8% après. Les taux sont restés stables, 56,5% avant Covid-19 et 62% après, pour céfotaxime ($p=0,557$). *Pseudomonas aeruginosa*: les taux de résistance à la ceftazidime sont passés de 9,2% à 13,6% respectivement avant et après Covid-19 ($p=0,393$). *Staphylococcus aureus*: les taux de résistance à la céfoxitine (Méti®) sont passés de 36,9% à 38,8% ($p=0,056$). **Discussion:** Cette différence du niveau de résistance entre ces deux molécules fait évoquer une plus forte utilisation de la ceftriaxone favorisant une pression de sélection plus importante.

Mots-clés: Antibiorésistance, Bactérie, Covid-19, infection respiratoire.

R026: Antibioresistance et support génétique chez les enterobacteries productrices de beta-lactamases a spectre élargi isolées du microbiote intestinal humain.

Tiekoura K B, Konan-F K, Toty A A, M'bengue-GVC, Ouattara MB, Guedé KB, Guessenmd-N K, Dosso M.

Introduction : Le microbiote défini comme l'ensemble des micro-organismes qui colonisent les surfaces épithéliales et muqueuses ouvertes. L'intestin abrite le plus grand nombre de bactéries, puisque l'on trouve environ 10^{11} bactéries/gramme de selles. Face à l'augmentation des infections à entérobactéries multirésistantes et des échecs des antibiothérapies, il est apparu nécessaire d'étudier l'implication dans les infections, des entérobactéries productrices de BLSE du microbiote intestinal humain. L'objectif de cette étude a été de détecter les gènes de résistances aux antibiotiques chez les entérobactéries productrices de bêta-lactamases

à spectre élargi du microbiote intestinal humain.

Méthodes: Cette étude portait sur la détection des gènes de résistance aux antibiotiques chez les entérobactéries multirésistantes isolées de selle de patients., d'août 2019 à février 2020. Cette étude a été réalisée au Centre National de Références des Antibiotiques de l'Institut Pasteur de Côte d'Ivoire. L'antibiogramme a été réalisé selon la méthode de diffusion en milieu gélosé. Une PCR conventionnelle a permis la recherche des gènes de résistance aux antibiotiques. Les souches de référence utilisées pour l'antibiogramme (*E. coli* ATCC29522 BLSE-) et la PCR (*Salmonella sp.* U2A1446 TEM/SHV).

Resultats : Sur 70 bactéries identifiées, 37(52,9%) étaient *Escherichia coli* et 14(20%) *Klebsiella pneumoniae*. Un total 66(94,3%) étaient des entérobactéries non productrices de BLSE dont 36(54,5%) *Escherichia coli*. Toutes les souches testées étaient résistantes aux céphalosporines. Le taux de résistance à l'imipénème a été de 3,90%. La ciprofloxacine était inactive à 22,9%. Quatre souches BLSE portaient les gènes *bla*TEM (75%), *bla*SHV (25%).

Mots-clés : Antibiorésistance, Entérobactérie, Support génétique, Microbiote

R027: Prévalence des bactéries multi résistantes (BMR) isolées au CNRAO en 2021 et 2022

Boni C, Gnegouri R, Lohore C, Ackah Benié J.

Justification : L'émergence des bactéries multi résistantes (BMR) est liée à une consommation non raisonnée des antibiotiques. D'autres facteurs comme les actes invasifs pratiqués en chimiothérapie anticancéreuse contribuent à accroître le risque d'exposition à ces bactéries. Les infections causées par ces bactéries multirésistantes (BMR) augmentent la morbi-mortalité. L'objectif de ce travail était d'étudier le profil de résistance aux antibiotiques des bactéries et plus précisément les entérobactéries productrices de bêta lactamase à spectre élargi (EBLSE) et entérocoques résistants à la vancomycine (ERV).

Méthodologie : Il s'agissait d'une étude transversale descriptive de novembre à décembre 2021 et Mars à Octobre 2022, Les germes ont été identifiés par les méthodes conventionnelles et l'étude de la résistance aux antibiotiques par la méthode de diffusion en milieu gélosé. L'interprétation des résultats a été faite selon de CA-SFM 2018. L'analyse des données s'est faite grâce aux logiciels Excel et Epi info.

Résultats : Durant la première période ,38 souches bactériennes ont été isolées avec 50% de Entérobactéries et 50% d'entérocoques. La prévalence des BMR était de 63% dont 37% pour EBLSE et 26% pour ERV. Les espèces de EBLSE étaient constitués de *Escherichia coli* (57%), *Enterobacter cloacae* (29%) et *Klebsiella pneumoniae* (14%). ERV était constitué à 100% par *Entérocooccus faecalis*.

De Mars à Octobre 2022 , 39 souches bactériennes ont été isolées avec 58,1% (21/31) d'Entérobactéries, 18% (7/39) d'Enterocoque , 12% de Staphylocoques (5/39) et 10% (4/39) de Pseudomonas. La prévalence des BMR étaient de 33,3 % (13/39) . Les phénotypes isolés étaient réparties comme suit : 38,4% de EBLSE, 38,4% de BMR , 7 % de Méti R et 7% de ER R.

Conclusion : Cette étude a établi la circulation de BMR chez les patients. Le taux élevé de BMR suggère un dépistage systématique pour une meilleure prise en charge et une maîtrise de l'écosystème bactérien chez les patients sous chimiothérapie.

Mots clés : BMR, chimiothérapie, EBLSE, ERV.

R028 : Profil de résistance des *Escherichia coli* isolés des infections urinaires de 2017 à 2020 à l'Institut Pasteur de Côte d'Ivoire.

Kangah-N'goran Asseh Tatiana, Okpo-Boyou Sophia, Yapi Adompo Jaures Cedric, Kouame Elogne Clarisse, Dosso Mireille

Introduction : L'infection urinaire est l'une des infections communautaires les plus fréquentes. Dans notre contexte, l'émergence de souches d'*Escherichia coli* de plus en plus résistantes pose un véritable problème de santé

publique. L'objectif de cette étude était de décrire les principaux profils de résistance retrouvés dans les infections urinaires à *Escherichia coli*.

Matériel et méthode : Ont été inclus, les patients ayant réalisé un ECBU à l'Institut Pasteur de Côte d'Ivoire. Les urines ont été collectées de Janvier 2017 à juin 2020. Les infections urinaires à *Escherichia coli* ont été relevées et les différents phénotypes de résistance recherchés. Les méthodes bactériologiques classiques ont été utilisées et l'antibiogramme a été réalisé selon les recommandations du référentiel EUCAST/CASFM.

Résultats : Au total 853 patients présentant une infection urinaire à *Escherichia coli* ont été inclus, les échantillons provenaient principalement des services de consultations externes et de patients ambulatoires dans 49,82%. L'on notait une nette prédominance masculine (53%). Les principaux phénotypes observés étaient les suivants : Résistance croisée au fluoroquinolones 57,88 %, Béta lactamase à spectre élargi (BLSE) 41,38 %, Céphalosporinase probable 11,60%, Carbapénémases 0,82%.

Discussion : *Escherichia coli* est responsable de 75-80% des infections urinaires (*Shakya et al*), l'émergence de souches multirésistantes est également rapportée par *Kettani Halabi et al*, au Maroc. La faible proportion des carbapénémases s'expliquent par l'accessibilité de ces molécules et leur usage typiquement hospitalier.

Conclusion : Le mauvais usage des antibiotiques a favorisé l'apparition de souches d'*Escherichia coli* multirésistantes avec son corollaire de difficultés de prise en charge.

Mot-clés : Infection urinaire, *Escherichia coli*, BLSE, carbapénémases, Côte d'Ivoire

R029 : Essais de biocontrôle du phage EbM3 contre *Escherichia coli* sur les surfaces de tomates

Audrey A. Addablah, Emmanuella Adioumani, Eric E. Akpa, Solange Kakou-Ngazona.

Introduction : Dans un contexte mondial d'émergence de la résistance bactérienne aux antibiotiques, les bactériophages sont apparus comme des alternatives viables. Ces prédateurs des bactéries ont été utilisés avec succès dans le cadre de la décontamination des aliments dans le secteur agro-industriel. En effet, les bactéries pathogènes d'origine alimentaire représentent un problème majeur de santé publique. *Escherichia coli* est une bactérie responsable de gastroentérite et transmise par les aliments et les eaux. En Afrique, les bactériophages peuvent servir pour la lutte contre les bactéries multiresistantes.

Méthodes : Cette étude a pour objectif d'évaluer la capacité du bactériophage EbM3 isolé en Côte d'Ivoire à réduire la contamination bactérienne sur les surfaces de tomates fraîches.

Résultats : Les tomates ont été contaminées expérimentalement par la bactérie modèle *E. coli* B et traités avec le phage EbM3 sur une période de sept jours (168 heures).

Les résultats ont démontré une élimination totale (100%) de la charge bactérienne de *E. coli* B sur la surface des tomates après 24 heures.

Conclusions : Cette étude confirme qu'une approche basée sur les bactériophages est justifiée contre les bactéries revêtant une menace de santé publique dans le cadre de la consommation d'aliments contaminés.

Mots-clés : *Bactériophage, E. coli, Décontamination, Tomates.*

R030: Comparison of the Xpert MTB/RIF and the GenoType® MTBDRplus for the detection of rifampicin resistance in suspected drug resistant tuberculosis patients in Bamako/Mali.

Dramé HB, Diarra B, Kone M, Togo ACG, Traoré FG, Diallo F, Degoga B, Sanogo M, Sarro YS, Tolofofou M, Somboro A Baya BI, Berthe G, Toloba Y, Saliba KS, Chen R, Doumbia S.

Introduction: Xpert MTB/RIF (Xpert) and GenoType® MTBDRplus (MTBDRplus) are two molecular drug susceptibility testing (DST) methods approved by WHO for the rapid

diagnosis of drug-resistant tuberculosis (DR-TB). Importantly, both methods target the same 81 bp rifampicin resistance (RR) determining region (RRDR) for the detection of RR-associated mutation. The goal of our study was to determine the diagnostic performance of both techniques in diagnosing RR in Bamako, Mali.

Method: We performed a cross-sectional pilot study between July 2017 and December 2021 at the University Clinical Center (UCRC), including patients suspected of DR-TB aged 18 years and over who presented at the MDR unit of the University Teaching Hospital of Point-G, Bamako in an IRB approved protocol. After TB diagnosis using smear microscopy, and culture, sputum samples were processed for RR determination by Xpert and MTBDRplus. Phenotypic DST BD BACTEC MGIT 960/AST/SIRE was used as reference test. Sensitivity, Specificity, Predictive positive and Negative values and diagnostic accuracy were determined for each test.

Results: Of the 83 samples analyzed, the frequency of RR was 2.6% (95% CI: 1.7-3.7) in new TB patients. Both Xpert and MTBDRplus had a sensitivity of 100% (93.12-100). In addition, Specificity, positive predictive, and negative predictive values of Xpert were 77.78% (59.24-89.39), 89.66% (79.21-95.17), 100% (84.54-100) respectively, and 85.19% (67.52-94.08), 92.86% (83.02-97.19), 100% (85.69-100) for MTBDRplus

Conclusion: Although user friendly, Xpert has a reduced specificity compared to MTBDRplus in this pilot study. Further comparison is needed in a larger sample size for true profile of these techniques.

Key words: *Xpert MTB/RIF, MTBDRplus, BACTEC MGIT/SIRE, Rifampicin resistance, Mali*

R031: Production de carbapénémases chez les souches de *Klebsiella pneumoniae* multi-résistantes isolées à Bamako de janvier à août 2022.

Sidibé M, Timbiné L.G, Ouedraogo J, Traoré B, Sangaré A.K, Guindo I, Kouriba B

Introduction : La résistance bactérienne aux antibiotiques est un problème de santé publique croissant dans le monde entier. Le but de cette étude est de caractériser les marqueurs moléculaires de résistance aux antibiotiques des souches de *Klebsiella pneumoniae* multi-résistantes isolées au laboratoire Rodolphe MERIEUX.

Méthodes : Une étude transversale, prospective, descriptive portant sur les souches de *Klebsiella pneumoniae* multi-résistantes isolées des prélèvements humains au laboratoire Rodolphe MERIEUX de janvier à août 2022 par la méthode de bactériologie classique. Les gènes de résistances ont été mis en évidence par PCR.

Résultats : Pendant notre étude, nous avons isolés 34 souches de *Klebsiella pneumoniae* multi-résistantes sur un total de 98 souches, soit 34,69% des souches de *Klebsiella pneumoniae* isolées. L'intégralité des nos souches présentait une résistance à la Cefotaxime (100%) et la Cefotaxime (100%). Des taux de résistances élevés ont été observés vis-à-vis de l'Acide nalidixique (95,12%), la Tobramycine (91,18%), la Piperacilline-Tazobactam (88,24%), la Ciprofloxacine (88,24%), la Gentamicine (85,30%) et le Cotrimoxazole (76,47%). Six de nos souches étaient résistantes à tous les antibiotiques testés y compris l'Imipénème (17,65%) et 38,24% de nos souches étaient productrices de BLSE. L'amplification des gènes par PCR a montré la présence parmi nos souches, de *blaTEM* (100%), *blaSHV* (79,47%), *QnrB* (52,94%), *NDM* (17,65%), *OXA-48* (5,88%).

Conclusion . Plus du tiers des souches de *Klebsiella pneumoniae* isolées étaient des bactéries multi-résistantes et la détection des *Klebsiella pneumoniae* productrices carbapénémases prouve l'émergence des souches dangereuses responsables d'impasse thérapeutique.

Mots clés : *Klebsiella pneumoniae*, gènes, résistance, antibiotiques, One Health, Mali.

R032: Infection Tuberculeuse Latente chez les adultes contacts des cas index de tuberculose pulmonaire à Bamako, Mali

Somboro A, Baya B, Wague M, Koloma I, Nantoume M, Coulibaly N, Perou M, Coulibaly M, Coulibaly D, Diarra A, Coulibaly M, Sanogo I, Kone M, Tolofoudié M, Sanogo M, Diarra B, Toloba Y, Diakite M, Doumbia S, Diallo S, Dabita D

Introduction: La tuberculose (TB) reste un problème majeur de santé publique dans les pays en voie de développement dont le Mali. Cependant, très peu de données existent sur l'épidémiologie de l'ITL au Mali, pays où la TB est endémique et la résistance aux antituberculeux est sous-reportée. L'objectif de cette étude était de déterminer la fréquence de l'ITL parmi les contacts des nouveaux cas de TB à Bamako au Mali.

Méthodologie: Nous avons mené une étude transversale entre octobre 2020 et février 2022 au Centre Universitaire de Recherche Clinique (UCRC). Les sujets âgés de 18 ans ou plus, contacts de nouveaux cas de tuberculose pulmonaire active ont été enrôlés. Le diagnostic de l'ITL a été effectué sur la base du test de Quantiferon TB Gold Plus (QTF-Plus), de la radiographie pulmonaire, et de l'examen physique.

Résultats: Nous avons dépisté cent cinquante-six (156) contacts de 127 nouveaux cas de TB pendant la période d'étude. L'âge moyen était de 29 ans et la majorité des participants était vaccinée par le BCG (85.90%). La fréquence de la TB multi-résistante à la rifampicine et à l'isoniazide était de 2.4 % chez les cas index. Nos analyses ont identifié soixante-dix-huit (78) cas d'ITL, soit une fréquence de 38,42%.

Conclusion: ITL affecte plus du tiers des sujets contacts à Bamako. Le dépistage et le suivi des contacts positifs pourrait être une stratégie appropriée pour contrôler la transmission de la TB afin de réduire l'émergence des souches multi-résistantes aux médicaments.

Mots clés: *Résistance, Mycobactéries, Dépistage, Transmission, Mali*

R033: Etude de la résistance aux antibiotiques des souches de *Salmonella spp* isolées dans les selles et le sang chez les patients à Bamako.

Timbiné L. G; Sawadogo N; Ouédraogo J; Traoré B; Sangaré A.K et Kouriba B

Introduction : En raison de l'utilisation généralisée et irrationnelle des antibiotiques, la résistance aux antibiotiques des salmonelles devient de plus en plus élevée. Pour contribuer à la surveillance de cette résistante, nous avons mené cette étude sur les souches de salmonelles isolées chez les patients à Bamako.

Méthodes : Les souches de salmonelles ont été isolées à partir des prélèvements de selles ou de sang chez les patients reçus au CICM-Mali. Les tests d'orientation ont été réalisés par la méthode de Bactériologie classique. L'identification et les tests de sensibilité aux antibiotiques ont été réalisés sur le Vitek 2 compact.

Résultats : Nous avons isolé **25** souches de *salmonella* durant cette étude dont 96%(24) dans les selles et 4%(1) dans les sangs.

Les résistances relativement élevées ont été observées à l'Ampicilline (**8%**) et à la Ticarcilline (**8%**). Les Aminosides ont présenté des taux de résistances, de **16%** pour la Gentamicine et la Tobramycine et **12%** à l'amikacine. Les Quinolones ont toutes présentées des résistances avec une résistance plus élevée à la ciprofloxacine (**20%**). La résistance à la Co-trimoxazole était de **12%** ; **36% (9/25)** des souches étaient résistantes à au moins un antibiotique, **16% (4/25)** étaient des souches multi-résistantes.

Conclusion : Cette étude nous a permis d'isoler 25 souches de *Salmonella* parmi lesquelles 36% (9/25) présentaient une résistance à au moins un antibiotique et 16% étaient des souches multi-résistantes. Les souches multi-résistantes étaient plus retrouvées dans le milieu communautaire qu'hospitalier.

Mots clés : *Salmonella, antibiotiques, résistance, CICM, Mali*

R034: Rifampicin resistance among Mycobacterium tuberculosis-infected individuals using GeneXpert MTB/RIF ultra: a hospital-based study

Introduction: Tuberculosis is a bacterial infection, spread through inhaling tiny droplets from the coughs, an infected person. It mainly affects the lungs, it's treated with the antibiotics. The aim of his study was to determine the prevalence and risk factors associated with rifampicin (RIF)- resistant tuberculosis using GeneXpert technology.

Method: A cross-sectional study was conducted from April 2018 to November 2019 among tuberculosis (TB)-infected Cameroonian patients in the Littoral Region using records from patients presenting with clinically suspected or documented TB. The patients were screened for TB using GeneXpert MDR/RIF ultra. Data were documented with an ad hoc survey form and analysed with SPSS version 22.

Results: 153 patients were included in the study. 64.1% were males; mean age was 37.9 ± 14.7 years and median age 37 years (range: 2–82). Most patients were new cases (76.4%). Relapses accounted for 8.5% and recurrences for 2.6%. Pulmonary TB was diagnosed among 98.7% patients using mostly sputum samples (85%). The prevalence of RIF resistance was 6.7% (95% CI: 3.4%–12.7%). This prevalence was significantly higher in samples of mucus and mucopurulent aspect (P-value = 0.04). RIF-resistant *M. tuberculosis* strains were significantly more frequent among relapses than new cases (23.1% vs. 2.3% P-value < 0.0001). A statistically significant association was found between GeneXpert-based quantification results and type and aspect of samples.

Conclusion: This study confirms the circulation of RIF-resistant *M. tuberculosis* strains in the Littoral region. There is a need for extensive studies in other parts of the country.

R035 : Fréquence élevée de la Résistance aux antimicrobiens chez les bactéries causant des maladies diarrhéiques chez les enfants de 0 à 15 ans au centre de santé communautaire de Yirimadjo, Mali

Diarra B, Koné B, Dembélé M, Tekete M, Timbiné L, Guindo B, Maiga A, Djimdé A

Introduction : La diarrhée est un problème de santé publique dans les pays en développement ou elle est la deuxième cause de mortalité infantile. Dans les pays à faible revenu comme le Mali, l'automédication et l'utilisation abusive des antibiotiques en raison de la rareté des systèmes complémentaires de diagnostic, peuvent conduire au développement de bactéries multi-résistantes provoquant la diarrhée. L'objectif de ce travail était de déterminer les microorganismes responsables de la diarrhée chez les enfants de 0 à 15 ans et de caractériser leur sensibilité à un panel d'antibiotiques utilisés au Mali.

Méthodes : L'étude a porté sur 438 enfants vu en consultation au centre de santé communautaire de Yirimadjio et diagnostiqués avec une diarrhée. Des échantillons de selles ont été prélevés et analysés par coproculture et la sensibilité aux antibiotiques a été déterminée par la méthode de diffusion sur disque sur milieu gélosé.

Résultats : Dans notre étude, les enfants de 0-3 ans représentaient 87.44%. *E. coli* était l'espèce la plus incriminée (30.14%) avec 93.93% et 91.67% de résistance à l'amoxicilline et au cotrimoxazole. Les BLSE représentaient 39.39%. L'imipénème était la molécule la plus sensible (96.21%). Ont été observés chez *Salmonella*, une résistance de 9.09% à l'amoxicilline, cotrimoxazole, amoxicilline acide clavulanique, cefoxitine et à la ceftriaxone.

Conclusion: Les données suggèrent que *E. coli* est fréquemment impliquée dans la diarrhée chez les enfants de 0-3 ans au Mali, avec un taux élevé de résistance à l'amoxicilline et au cotrimoxazole, les antibiotiques les plus utilisés dans la prise en charge de la diarrhée.

Mots clés : *Diarrhée, E. coli, Salmonella, Résistance, BLSE*

R036 : Etude Epidémiologique et bactériologique de la tuberculose pulmonaire chez les PvVIH dans le cercle de Kolokani

Dabo Garan, Traoré AM, Dara C, Minta DK

Introduction: la coinfection VIH-tuberculose constitue un problème majeur de santé publique. La véritable problématique de cette coinfection est diagnostique et thérapeutique avec la difficulté de confirmation de la tuberculose sur le plan microbiologique. Le but de ce travail était d'étudier les aspects épidémiologiques et bactériologiques de la tuberculose pulmonaire chez les PvVIH dans le CSRef de Kolokani.

Matériels et méthodes: il s'agissait d'une étude prospective sur 8 mois. Ont été inclus les patients âgés d'au moins 15 ans et présentant une coinfection VIH – tuberculose pulmonaire.

Résultats: Nous avons colligé 36 patients de coinfection VIH-tuberculose pulmonaire sur 188 PvVIH suivies soit une fréquence de 19,14%. L'âge moyen était de 43 ans avec des extrêmes allant de 15 à 85 ans. Le sexe masculin prédominait (22H/14F). Tous les patients étaient infectés par le VIH1 et la majorité était au stade 4 de l'OMS (25 cas soit 69%) et 36% (13 cas) avaient un Karnofski à 80%. Et 36% des patients avaient un taux de CD4 inférieur à 200 cellules/mm³. La tuberculose pulmonaire était confirmée à la microscopie chez 32 patients (89%) et les localisations extrapulmonaires étaient associées dans 25 cas (69%). Il y avait 6 cas de rechute soit 17%. Les signes cliniques prédominants étaient respectivement l'amaigrissement (35 cas= 97%), la fièvre (30 cas= 83%) et la toux (28 cas= 78%). La tuberculose était révélatrice de l'infection à VIH dans 22 cas soit 61% et il s'agissait dans 14 cas soit 39% d'une tuberculose de restauration. L'évolution a été marquée par la guérison de la tuberculose dans la majorité des cas (33 cas=92%). Nous avons enregistré 2 cas de perdu de vue et 1 cas de décès.

Conclusion: la tuberculose reste l'infection opportuniste la plus importante au cours du VIH. Son diagnostic et sa prise en charge précoce améliore le pronostic vital.

Mots clés: *Tuberculose pulmonaire, microscopie, PvVIH, Kolokani*

R037 : Prevalence des infections gynécologiques bactériennes chez la femme au laboratoire du CHU point G

Maïga A, Coulibaly DM, Keita O, Dicko OA, Traore A, Diarra B, Toure Ab, Kone D, Fane R, Dembele D, Maïga II.

Introduction : Les infections gynécologiques bactériennes constituent un problème majeur de santé publique à la fois dans les pays industrialisés et dans les pays en voie de développement dont beaucoup sont guérissables par un traitement efficace.

L'objectif était d'étudier les infections gynécologiques bactériennes diagnostiquées chez la femme au laboratoire du CHU du Point G.

Méthodes : Il s'agissait d'une étude rétrospective menée du 1^{er} janvier au 31 décembre 2021. Nous avons utilisé les registres de secrétariat, de paillasse et les fiches d'antibiogramme pour l'identification de nos souches bactériennes.

Résultats : Au total 129 prélèvements étaient effectués dont 39 étaient positives à la culture soit une prévalence de 30,2%. L'âge moyen était de 27 ans avec des extrêmes de 19 et 61 ans.

Escherichia coli N=21 (53,8%) était l'espèce bactérienne la plus isolée, suivie de *Staphylococcus aureus* N=6 (15,4%) et de *Klebsiella pneumoniae* N=4 (10,3%).

Les antibiotiques les plus actifs sur nos souches d'entérobactéries étaient l'amikacine (94%), l'imipénème (94%) et le chloramphénicol (77%).

Le Chloramphénicol et la Fosfomycine étaient les antibiotiques les plus actifs (100%) sur nos souches de *Staphylococcus aureus*.

Conclusion : Les infections gynécologiques bactériennes touchent les sujets de tous les âges, la connaissance des espèces bactériennes impliquées et de leur sensibilité permettent l'adaptation de la stratégie thérapeutique.

Mots clés : Prévalence, infections gynécologiques bactériennes, CHU du Point G, Bamako.

R038: Profil moléculaire de résistance aux fluoroquinolones des souches de

Mycoplasma hominis et Ureaplasma urealyticum chez les femmes à Bamako.

Zoumana Sidibé

Introduction : Les mycoplasmes sont des bactéries ubiquitaires dépourvues de parois, la plupart sont retrouvés à l'état commensal, d'autres sont associés à des infections respiratoires, uro-gynécologiques. *Mycoplasma hominis* et *Ureaplasma spp* ont été décrits dans de nombreuses études comme étant associés dans nombreuses pathologies (l'infertilité, la vaginose, la salpingite, les infections néonatales, l'endométrite, les urétrites non gonococciques), ils sont beaucoup plus fréquemment isolés chez les femmes.

Méthodes : L'étude a été menée à Bamako en 2019 à l'Institut National de Santé Publique de Bamako, sur les prélèvements vaginaux chez 63 femmes âgées de 8-61 ans pour l'identification de *Mycoplasma hominis* et de *Ureaplasma urealyticum*, la détermination de leur résistance aux antibiotiques (macrolides, cyclines, fluoroquinolones) et l'identification des gènes du complexe de l'ADNgyrase et la topoisomérase IV associés à la résistance aux fluoroquinolones.

Résultats : Les résultats ont donné une prévalence de 50,79% soit (32/63) d'infections aux mycoplasmes dont 3,17% pour *M. hominis* et 47,61% pour *U. urealyticum*. Les résultats de l'antibiogramme ont montré une résistance élevée aux fluoroquinolones (Ciprofloxacine :81%, Ofloxacine :53%), contrairement aux macrolides (Azithromycine :13%, Clarithromycine :16%, Erythromycine :19%), et les Cyclines (Tétracycline :16%, Doxycycline :9%) qui ont une résistance faible.

La recherche des gènes du complexe de l'ADNgyrase et la topoisomérase IV associés à la résistance aux fluoroquinolones par la PCR classique a révélé la présence de ces gènes = *gyrA* :9,09%, *gyrB* :42,42%, *parC* :45,45%, *parE* : 45,45%. Nous avons constaté la présence simultanée du gène *gyrA* et *parC* au niveau d'une(1) de nos souches résistantes aux fluoroquinolones conférant à ce dernier une probable résistance haute, par contre la

présence simultanée du gène *gyrB* et *parE* a été constatée chez huit (8) de nos souches leur conférant une probable résistance basse.

Conclusion : Cette étude nous a permis, de déterminer une présence élevée des mycoplasmes en particulier *U. urealyticum* isolés dans la population des femmes enrôlées dans notre étude ainsi que le taux de résistance aux antibiotiques testés. Elle nous a aussi permis de déterminer les gènes associés à la résistance aux fluoroquinolones au niveau du chromosome bactérien dans le complexe de l'ADN *gyrase* (*gyrA*, *gyrB*) et la *topoisomérase* IV (*parC*, *parE*).

Nous pensons qu'une meilleure rationalisation de prescription d'antibiotique et la diminution de l'automédication minimiseront considérablement la résistance antimicrobienne.

Mots clés : *Ureaplasma urealyticum*, *Mycoplasma hominis*, Résistance, Fluoroquinolones

R039 : Frequence de la resistance aux antibiotiques des souches de mycoplasma et ureaplasma isolees des prelevements vaginaux au centre d'infectiologie charles merieux-mali.

Timbiné L. G; Wele F.; Ouédraogo J ; Traoré B; Sangaré A.K; Tall M. et Kouriba B

Introduction : Les mycoplasmes génitaux sont impliqués dans les infections sexuellement transmissibles et présentent de plus en plus de résistance aux antibiotiques.

Méthodes : L'étude a été effectuée sur 2 ans allant de janvier 2020 à décembre 2021 au Laboratoire Rodolphe Mérieux. L'écouvillonnage au niveau de l'exocol a été effectuée chez 281 femmes. L'identification des mycoplasmes et leurs tests de sensibilité aux antibiotiques ont été effectués à l'aide du Vitek2 Compact en utilisant le kit *mycoplasma* IST2 et IST3

Résultats : *Ureaplasma spp* et *Mycomplasma hominis* étaient retrouvés respectivement dans 52% et 17% des infections. Ces bactéries étaient plus fréquentes chez patientes âgées de 17 à 35 ans. Les tests de sensibilité de nos

souches aux différents antibiotiques ont montrés des taux des résistances de 97% à la ciprofloxacine, 91% à l'ofloxacine. Ces taux étaient faibles voir nuls à d'autres antibiotiques comme la moxifloxacine (6%) et la clindamycine (0%).

Conclusion : Une augmentation de la résistance des souches *Ureaplasma spp* et *Mycoplasma hominis* aux antibiotiques a été observée ce qui suggère la mise en place d'une surveillance nationale.

Mots clés : *Infections*, *Ureaplasma*, *Mycoplasma hominis*, *Résistance*, *Antibiotiques*, *Mali*.

R040 : Séquençage direct de l'ARN microbien pour le diagnostic au Centre Universitaire de Recherche Clinique (UCRC), Bamako-Mali.

Dramane Diallo, Amadou Koné, Fousseyni Kané, Tenin Aminatou Coulibaly, Daouda Keita, Mahamane T. Diakité, Ramatoulaye Diallo, Zeinabou Samaké, Mariama Diabaté, Amsatou Diallo, Souraley Emmanue Kouame, Diakalia Dembele, Cheick Tidiane Togora, Fatoumata Camara, Oumou Maiga, Aaron Neal, Katy Saliba-Shaw, Ydrissa Sow, Mahamadou Diakité et Seydou Doumbia.

Introduction : La surveillance génomique microbienne joue un grand rôle dans la lutte contre l'émergence des pathogènes. Le diagnostic moléculaire de référence étant biaisé par la connaissance préalable du génome microbien recherché, les outils de capture non ciblés pourront aider au diagnostic des infections non suspectées et des pathogènes encore inconnus. L'objectif de cette étude était de faire le diagnostic de pathogènes à travers le séquençage direct de leur ARN.

Méthodologie : L'ARN a été extrait sur les échantillons du sang et du liquide céphalorachidien du même participant avec le kit Qiamp viral RNA. Le kit direct RNA des technologies nanopore d'oxford a été utilisé pour la préparation de la librairie et séquencer avec le Minlon MK1C. Le flux de travail bio-informatique (prétraitement fast5, Basecalling, démultiplexage, filtrage, QC, mapping, quantification des transcriptions) s'est effectué sur « MasterOfPores », puis les modifications

et la longueur de la queue des polyA de l'ARN ont été estimés. Le logiciel Kaiju a été utilisé pour la classification taxonomique.

Résultats : L'analyse des séquences a révélé 1817/9867 lectures classées avec « *RefSeq complete genomes* » comme référence. Dans l'ARNm retrouvé, les bactéries représentaient 99% des séquences, 0,2% de virus duplodna et 0,8% d'archées.

Conclusion : Cette étude nous a montré la détection directe de l'ARN circulant de microorganismes chez un patient. La détection des transcrits du microbiote humain démontre la forte sensibilité de cette technique. Cette technique serait une bonne alternative pour le diagnostic de patients infectés par des microbes qui ont échappé aux tests conventionnels.

Mots clés : *Séquençage, direct RNA, MinIon MK1C et Mali.*

R041 : Evaluation du test GenoType® MTBDRsl V2 pour la détection de la résistance des mycobactéries aux médicaments antituberculeux de deuxième intention à Bamako, Mali.

Traore Fg, Togo ACG, Drame HB, Sanogo M, Sarro Ys, Tolofoudie M, Baya B, Berthe G, Toloba Y, Sanou A, Diarra B, Sangare L, Saliba KS, Diarra B, Chen R, Doumbia S.

Introduction : Les tests de sensibilité phénotypiques basés sur la culture sont les méthodes de références pour la détermination de la résistance aux antituberculeux de première et deuxième intention. Ces tests conventionnels demandent beaucoup de temps, et un plateau technique sophistiqué. Cependant les techniques moléculaires rapides comme le GenoType® MTBDRsl V2 (MTBDRsl V2.) sont rapides et permettent une prise en charge efficace et efficiente des patients. Le but de notre étude était d'évaluer les performances de MTBDRsl V2 chez les patients suspects de Tuberculose ultra résistante (TB-UR).

Méthodes : Entre 2018 et 2020 au laboratoire de niveau de sécurité 3 de Mycobactériologie et des Fièvres Hémorragiques du Centre

Universitaire de Recherche Clinique (UCRC), nous avons mené une étude transversale chez les patients suspects de TB-UR à Bamako. Les performances diagnostiques de MTBDRsl V2 ont été évaluées par rapport à la méthode phénotypique du système BACTEC MGIT™ 960 pour les médicaments de deuxième intention (fluoroquinolones et les aminosides).

Résultat : Parmi les 115 isolats testés, la fréquence de la TB-UR était de 1,73% (2/115). La sensibilité, spécificité, valeur prédictive positive, valeur prédictive négative de MTBDRsl V2 pour la détection de la résistance des mycobactéries aux fluoroquinolone étaient respectivement de 100%, 98,20%, 66,67% et 100%. Pour les aminosides, ces valeurs étaient de 66,67%, 100%, 100% et 99,12%.

Conclusion : Le test MTBDRsl V2 a montré une bonne performance pour la détection de la résistance des mycobactéries aux fluoroquinolones mais une grande limite dans la détection de la résistance aux aminosides.

Mots-clés : *GenoType® MTBDRsl V2, TB-UR, Mali.*

R042 : Caractérisation phénotypique de la résistance aux antibiotiques des souches d'*Escherichia coli*, de *Klebsiella spp* et de *salmonella spp* isolées chez les humains, les animaux et dans l'environnement (concept one health) au laboratoire Rodolphe Mérieux de Bamako - Mali

Ouédraogo J, Traoré B, Sangaré A.K, Sidibé M, Sylla H, Sogodogo E, Timbiné L.G, Haukka K and Kouriba B.

Introduction : Les bactéries résistantes aux antibiotiques ou leurs déterminants de résistance sont connus pour se transmettre des animaux aux humains via la chaîne alimentaire. Notre étude avait pour but de caractériser les souches d'*Escherichia coli*, de *Klebsiella spp* et de *Salmonella spp* multirésistantes isolées des échantillons humains, d'animaux et environnementaux.

Méthode : Des souches d'*E. coli*, de *Klebsiella spp* et de *Salmonella spp* ont été isolées dans des échantillons issus des trois secteurs par la

méthode de bactériologie classique d'identification et de test de sensibilité aux antibiotiques selon la recommandation du CA-SFM 2019 à partir de l'automate Vitek2 compact.

Résultats : De janvier à décembre 2019, ont été isolées au LRM, **129** souches d'*E.coli* et **48** de *Klebsiella spp* chez les humains, **40** souches d'*E.coli* et **11** de *Klebsiella spp* chez les animaux, **30** souches d'*E.coli* et **26** de *Klebsiella spp* dans l'environnement. Pour les souches de *Salmonella spp*, ont été isolées chez les humains **25** souches, **8** souches chez les animaux et **4** dans l'environnement. Les résistances les plus élevées ont été observées chez les humains pour *E. coli* vis à vis du cotrimoxazole (**88,19%**), la ticarcilline (**86,96%**), l'amoxicilline (**85,94%**) et l'acide nalidixique (**64,34%**). *Klebsiella spp* chez les humains présentaient un taux de résistance à l'imipénème de **4,55%**.

Les souches de *Salmonella spp* isolées chez les animaux ont présenté des résistances élevées vis à vis du cotrimoxazole (**75%**), de la péfloxacin (**100%**) et des β -lactamines (**50%**). La résistance aux antibiotiques n'épargne aucun des trois secteurs qui les utilisent.

Mots clés : *bactéries, résistance, antibiotiques, One Health*

R043 : Prevalence des infections génitales bactériennes chez la femme au laboratoire du HCU point G

Maiga A. Keita O, Dicko OA, Coulibaly DM, Traoré AM, Touré AB², Diarra, Koné D.

Introduction : Les infections génitales bactériennes constituent un problème majeur de santé publique à la fois dans les pays industrialisés et dans les pays en développement. L'objectif était d'étudier les infections génitales bactériennes féminines diagnostiquées au laboratoire du CHU du Point G.

Méthodologie : Il s'agissait d'une étude rétrospective menée de janvier à décembre 2021. Tous les prélèvements vaginaux (PV) ont

été recueillis pendant la période quel que soit leur provenance (Hospitalière ou communautaire). Les registres du secrétariat du laboratoire, de paillasse, ainsi que les résultats des fiches d'antibiogramme de PV ont été utilisés pour la réalisation de cette étude.

Résultats : Au total 129 prélèvements dont 39 positifs soit une fréquence de 30,2%, la moyenne d'âge était de 27 ans, les extrêmes de 19 et 61 ans.

Escherichia coli (53,8%) a été l'espèce bactérienne la plus isolée suivi de *Staphylococcus aureus* (15,4%) et *Klebsiella pneumoniae* (10,3%). Les antibiotiques les plus actifs sur les entérobactéries ont été l'amikacine (93,54%), l'imipénème (93,54%) et le chloramphénicol (77,41%). Le Chloramphénicol et la Fosfomycine ont été les antibiotiques les plus actifs (100%) sur nos souches de *Staphylococcus aureus*.

Conclusion : Une étude prospective à la consultation gynécologique serait intéressante.

Mots clés : *Prévalence, Infections génitales bactériennes, Point G.*

R044 : Méta-analyse du profil des bactéries isolées dans les hémocultures et leur sensibilité aux antibiotiques au Mali de 2000 à 2020.

Ouédraogo Dramane, Cissoko Y, Alle Akakpo E, Oumar AA, Guindo I, Konate I, Soumare M, Sogoba D, Magassouba O, Fofana A, Bougoudogo F, Dao S.

Introduction : le sepsis est la plus grave des infections, mais dans les pays à ressources limitées, l'antibiothérapie est le plus souvent probabiliste. Pour guider cette antibiothérapie au Mali, il convient d'établir le profil des bactéries isolées dans les hémocultures et leur sensibilité aux antibiotiques.

Méthodologie : Nous avons conduit une méta-analyse de toutes les études accessibles portant sur les bactéries isolées dans les hémocultures au Mali de 2000-2020 et leur sensibilité aux antibiotiques. Les bases de données consultées étaient celles des bibliothèques universitaires (Bamako, Dakar, Abidjan), PubMed, Medline et Google-scholar. L'outil d'évaluation des études observationnelles et transversales du

NIH a été utilisé pour sélectionner les études de qualité et le logiciel StatDirect pour l'analyse statistique (diagramme en forêt et en entonnoir).

Résultats : Huit études ont été retenues. Le taux de positivité des hémocultures variait de 7% à 38% donnant un taux combiné de 22% (95% IC :17-28%). Les bactéries majoritairement isolées étaient *Streptococcus pneumoniae* (18%), *Salmonella enterica* (11,5%) et *Haemophilus influenza B* (10,1%). Chez l'enfant, la fréquence des germes était différente entre de 2002-2008 et 2009-2018 : ainsi, pour *Salmonella enterica* elle est passée de 14% à 0% et pour *Haemophilus influenza B* de 12,3% à 3,2%. *Streptococcus pneumoniae* étaient sensible aux bêta-lactamines, érythromycine et chloramphénicol. *Salmonella enterica* était sensible aux céphalosporines, imipénème, amikacine et quinolones. *Haemophilus influenza B* était sensible aux bêta-lactamines, chloramphénicol et ciprofloxacine.

Conclusion : *Streptococcus pneumoniae* est le germe le plus isolé dans les hémocultures au Mali et sa sensibilité aux bêta-lactamines reste conservée.

Mots clés : sepsis , hémoculture, bactérie, sensibilité

R045 : Pneumonie à *Mycobacterium tuberculosis* multirésistant : rapport d'un cas clinique chez un nourrisson de 3 mois dans le service de pédiatrie du CHU Hôpital du Mali.

Kané. B, Diallo K.W, Sangaré. A, Traoré. B, Camara. M. A, Reaoré. M. M, Touré. B.M

Introduction

La tuberculose multirésistante est une infection par une souche de *Mycobacterium tuberculosis* (*M. tuberculosis*) résistante au moins à l'isoniazide et à la rifampicine, les deux antituberculeux majeurs du traitement de référence. Elle est la conséquence de la mauvaise prise en charge des tuberculoses sensibles. Elle est devenue un problème de santé dans les pays dont le système de santé est désorganisé. Nous rapportons un cas de

pneumonie à *M. tuberculosis* multirésistant chez un nourrisson de 3 mois diagnostiqué dans le service de pédiatrie du CHU Hôpital du Mali.

Observation

Il s'agissait d'un nourrisson de 3 mois hospitalisé pour fièvre, sans notion de contagé tuberculeux. Il a reçu le BCG. Depuis 15 jours, il présentait une fièvre à 39°C, une toux et une dyspnée. A l'admission il avait un mauvais état nutritionnel et une polypnée à 60 cycles/mn. Le reste de l'examen clinique était normal. La radiographie du thorax a révélé un foyer de pneumonie apicale droite. L'hémogramme a montré une anémie à 8,6 g/dl, les leucocytes étaient à 4300/mm³ et la CRP était à 2,46 mg/l. L'hémoculture était négative. Il a été mis sous oxygène et sous cefotaxime : 50 mg/Kg/8H en IVD pendant 7 jours. Devant la persistance des symptômes, nous avons réalisé une culture du liquide gastrique, elle est revenue positive à *M. tuberculosis* résistante. Il est décédé une semaine avant la confirmation.

Conclusion

La tuberculose multirésistante est un problème de santé dans les pays en développement. Elle doit être évitée par la prise en charge optimale des tuberculoses à bacilles sensibles.

Mots clés : pneumonie – tuberculose multirésistante-Hôpital du Mali.

R046 : Evaluation de la résistance aux antibiotiques de *Staphylococcus aureus* isolés à Bamako au Mali de janvier 2020 à Décembre 2021.

Timbiné L. G ; Din B ; Ouédraogo J ; Traoré B ; Sangaré A.K et Kouriba B

Introduction : Le *Staphylococcus aureus* est l'une des principales bactéries d'intérêt médical, par son importance en pathologie aussi bien nosocomiale que communautaire. Il constitue un problème thérapeutique par sa capacité d'acquisition de nombreux mécanismes de résistance aux antibiotiques.

Méthode : La présente étude a pour but de faire le point sur l'évolution de la résistance aux antibiotiques de *S. aureus* au Laboratoire Rodolphe Mérieux Mali (LRM).

L'étude rétrospective a porté sur les *S. aureus* isolés des différents prélèvements bactériologiques reçus au LRM entre janvier 2020 et décembre 2021.

L'identification et le test de sensibilité aux antibiotiques ont été réalisés à partir de l'automate VITEK® 2 Compact.

Résultats : Nos résultats montrent que durant la période d'étude, 162 souches de *S. aureus* ont été isolées. Les souches isolées ont montré des niveaux de résistance élevés selon les années respectivement pour les antibiotiques comme les tétracyclines 53,9- 61,2%, la pénicilline G 100-97,4%, l'érythromycine 28,4-33,8%, l'oxacilline 35,5-47,3 et le cotrimoxazole 22,1-26,6%. En revanche pour certains antibiotiques les souches de *S. aureus* ont montré des niveaux de résistance beaucoup plus faibles, respectivement la vancomycine 3,8-8,6%, la clindamycine 5,4-10,5%, la gentamycine 3,8-12,5%, la fosfomicine 3,8-4,1%, l'acide fusidique 6,2-13,3% et la tobramycine 7,5-22,5%.

Conclusion : Généralement, les taux de résistance de *S. aureus* isolés des patients reçus au CICM-Mali ont augmenté contre les molécules comme l'érythromycine, le cotrimoxazole, les tétracyclines, la gentamycine, la tobramycine et l'acide fusidique.

Mots clés : *Staphylococcus aureus*, résistance, antibiotiques, étude-rétrospective, Bamako.

R047: Time to Mycobacterial culture Conversion in multidrug-resistant tuberculosis patients under the short 9-month regimen in Bamako Mali.

Tolofouidie M, Togo A C G, Diarra B, Degoga B, Diallo F, Somboro A, Baya B, Drame H, Sanogo M, Traore F, Coulibaly G, Kone M, Sanogo F, Berthe.G, Toloba.Y, Diakite. M, Doumbia.S

Introduction: Rifampicin and/or Multidrug-resistant tuberculosis (RR/MDR-TB) is a major challenge in Tuberculosis (TB) control. Culture conversion is one of the most important indicators of the effectiveness of the TB treatment regimen. This conversion helps clinicians to stop patients' isolation measures and/or infection control. The objective of our study was to evaluate the time to

mycobacterial culture conversion in RR/MDR-TB patients in Bamako/Mali.

Methodology: We performed a prospective cohort study in RR/MDR-TB patients from January 2018 to December 2021 at the University Teaching Hospital of Point-G. Patients received the short 9-month treatment regimen (4KmMfxPtoHCfzEZ/5MfxCfzEZ). Sputum samples were collected at a monthly basis for culture. Conversion time was measured from the day of initiation treatment until two consecutive negative results. Socio-demographic, clinical and microbiological data were collected and analyzed by epi Info version 7 software.

Results: Of the 70 RR/MDR-TB patients included, 57 were analyzed with the sex ratio was 4, and the TB/HIV coinfection was 14.3%. During treatment period, 52 (91.2%) of the patients had converted. As for conversion period, 11 patients (21.2%) converted at two month-period and 14 (27%) at three month-period. Four TB/HIV patients (7.7%) converted between two to four months. Unfortunately, five (8.8%) didn't convert, and three (0.5%) patients died.

Conclusion: In this cohort, the treatment success rate is high, and most patients converted before and/or at four-month period. This is encouraging, and RR/MDR-TB patients should initiate treatment as soon as possible.

Key words: *RR/MDR-TB, 9-month regimen, Culture Conversion, Mali*

R048 : Résistance primaire du bacille tuberculeux aux antituberculeux à Bamako, Mali.

Traoré B, Samaké D, Coulibaly A, Timbiné LG, Sangaré AK, Ouédraogo J, Kouriba B

Introduction : La tuberculose (TB) est l'une des 10 premières causes de décès dans le monde et le nombre croissant de souches résistantes aux antituberculeux constitue une menace majeure. Ces deux dernières années, la pandémie de la Covid-19 a eu un impact négatif sur les programmes de lutte contre la TB.

Matériels et méthodes : Il s'agissait d'une étude prospective, descriptive d'août 2020 à septembre 2021 à Bamako sur les patients ayant une TB pulmonaire naïfs de tout traitement antituberculeux. Les échantillons étaient

constitués d'expectorations qui étaient envoyées au Laboratoire Rodolphe Mérieux pour être digérés, décontaminés avec la N-acétylcystéine + NaOH 2% et concentrés par centrifugation pendant 15 minutes à 3000 g à 4°C. La microscopie mycobactérienne (Ziehl Neelsen et Auramine) était réalisée et la culture en milieu solide (Lowenstein Jensen) et en milieu liquide (Mycobacteria Growth Indicator Tubes) ont été utilisées. Les cultures positives ont été identifiées avec TB AgMPT64 (SD BIOLINE). La sensibilité aux antituberculeux a été réalisée par phénotypage avec le AST/SIRE, OFL, KAN (Bactec MGIT 960 ATB SIRE) et génotypage avec génotype MTBDRplus, génotype MTBDRsl. La sérologie VIH a été réalisée chez les patients consentants.

Résultats : Nous avons isolé 81 souches de *Mycobacterium tuberculosis*. Le taux de résistance primaire global était de 7,4% dont Streptomycine 4,9%, isoniazide 7,4%, Rifampicine 1,2%, Streptomycine + Isoniazide 3,7% et Rifampicine + Isoniazide (MDR) 2,5%. Il n'y avait pas de résistance aux autres antituberculeux testés (Ethambutol, Ofloxacin, et Kanamycine). Cette étude montre la circulation de souches avec une multirésistance primaire.

Mots clés : *Mycobacterium tuberculosis*, Résistance, Bamako, Mali.

R049 : Validation de la résistance variétale du riz SK 20-28 soutenue par le gène Os04g53120 cible de l'effecteur TAL E pour le contrôle du flétrissement bactérien au Mali.

Tekete, cheick., Hutin, m., Daou, s., Dagno k., Cunnac, s., Verdier, ³., Dereeper, a.

Introduction : Le déploiement de la résistance variétale serait la stratégie la plus efficace pour contrôler le flétrissement bactérien (BB), causées par *Xanthomonas oryzae* pv. *Oryzae* (*Xoo*). En effet, le criblage d'une trentaine de variétés a révélé auparavant que SK 20-28, issu du croisement entre Giganté et Kogoni 91-1, possédait une source à large spectre de

résistance contre ce phytopathogène majeure du riz.

Méthodes : Pour valider cette résistance, nous avons d'abord évalué la croissance de ces bactéries dans les tissus de la variété, puis identifié le gène responsable de ce caractère avant de caractériser l'allèle de résistance vis-à-vis de sa relation avec les effecteurs Tal de *Xoo* isolé au Mali.

Résultats : Ainsi, en comparaison avec la variété sensible témoin, Azucena, pour leur interaction avec la souche *Xoo-MA1145*, le riz SK20-28 a présenté après 10 jours d'inoculation, les symptômes de mort cellulaire programmée, alors qu'Azucena présentait de larges symptômes de la maladie et les bactéries se multipliaient dans ses tissus de façon exponentielle. Le mapping des gènes de résistance candidats identifiés auparavant, sur les séquences génomiques (illumina) des 3 variétés, a révélé que le gène de type NBS-LRR, *Os04g53120* (*Xa1*) portant une délétion de C [TC/T] dans l'EBE (Effector-binding element) de Tal E sur son promoteur avec une bonne couverture de son extrémité 3' terminale (domaine LRR : Leucine Rich Repeat) serait responsable du caractère de résistance de SK20-28.

Conclusion : L'utilisation de ce variant du gène, *Os04g53120* dans les rizières, augmenterait significativement la productivité variétale par le contrôle écologique du flétrissement bactérien au Mali.

Mots clés : Variété de riz, gène de résistance, maladie.

R050 : Acinetobacter kempfiae sp. Nov., Acinetobacter mediterraneus sp. Nov., and Acinetobacter troglodytarum sp. Nov., three ertapenem-resistant new species isolated from Chimpanzee feces

Yacouba A, Yimagou Ek, Abdallah R, Dubourg G, Lagier J-C, Diatta G, Hernandez-Aguila, Amanda Barciela R, Sokhna C, Mediannikov O, Rolain JM, Davoust B, Raoult D, Baron SA

Background: Carbapenem is an important therapy against all multiple drug-resistant Gram-negative bacteria, specifically

Acinetobacter species. Herein, we describe three ertapenem-resistant new species isolated from chimpanzees.

Methods: We isolated three unidentified bacterial strains from three chimpanzee feces using MALDI-TOF MS. Biochemical, morphological, fatty acid, and genomics profiles were assessed to characterize these species.

Results: The colonies of Marseille-Q1618^T, Marseille-Q1620^T, and Marseille-Q1623^T had almost the same morphological aspect, namely translucent with a mean diameter of 1µm. Bacterial cells were Gram-negative for all strains. The sporulation test was negative. The genomes of the strains Marseille-Q1618^T, Marseille-Q1620^T, and Marseille-Q1623^T were 3,5 Mb, 4,08 Mb, and 3,46 Mb, respectively. Strains Marseille-Q1620^T, Marseille-Q1618^T, and Marseille-Q1623^T exhibited a 97.39%, 99.09%, and 98.83% sequence identity with *Acinetobacter baumannii* strain ATCC 19606, *Acinetobacter defluvii* strain WCHA30, and *Acinetobacter chinensis* strain WCHAc010005, respectively the phylogenetically closest species with standing in nomenclature. The digital DNA-DNA hybridization of strains Marseille-Q1620^T, Marseille-Q1618^T, and Marseille-Q1623^T were 21.10%, 42.60%, and 22.80% with *A. baumannii*, *A. defluvii*, and *A. chinensis*, respectively. The phylogenetic tree based on the Genome-to-Genome distance showed that the strains Marseille-Q1620^T and *A. baumannii*, Marseille-Q1618^T and *A. defluvii*, and strain Marseille-Q1623^T and *A. chinensis*, belonged to distinct species.

Conclusion: Taken together, these results clearly demonstrate that these three strains represent a new species within the genus *Acinetobacter*. We consequently propose strains Marseille-Q1620^T, Marseille-Q1618^T, and Marseille-Q1623^T as type strains of *Acinetobacter mediterraneus* sp. Nov., *Acinetobacter kempfiae* sp. Nov. and *Acinetobacter troglodytidis* sp. Nov., respectively. Our findings confirm that antibiotic resistance evolved in environmental bacteria in the absence of human inputs.

Keywords : *Culturomics* ; *taxono-genomics* ; *Acinetobacter mediterraneus* ; *Acinetobacter kempfiae*. ; *Acinetobacter troglodytidis* ; *Chimpanzee*.

R051 : Prévalences des bactéries multirésistantes isolées chez des patients suspects d'une infection urinaire communautaire dans la ville de Bobo-Dioulasso (Burkina Faso)

Muhigwa M, Zongo E, Kaboré O, Ouedraogo A-S

Introduction : L'objectif de cette étude était d'évaluer les prévalences des bactéries multirésistantes isolées d'une infection urinaire communautaire (ITUC).

Méthodes : Il s'est agi d'une étude prospective descriptive allant du 15 décembre 2021 au 31 août 2022 chez des patients suspects d'infection urinaire dans les centres de santé et de promotion sociale de Sakaby et Accart-ville à Bobo-Dioulasso. Les échantillons d'urines ont fait l'objet d'un dépistage avec les bandelette urinaire (BU) et d'une analyse cytot bactériologique. Un antibiogramme par la méthode de Kirby Bauer a été réalisé pour les souches d'*Escherichia coli* et *Klebsiella pneumoniae*.

Résultats : Sur les 875 patients inclus, 428 étaient positifs à la BU dont 21% (180/428) à la culture. L'ITUC était la plus associée au sexe féminin (sex ratio 2.8). La tranche d'âge de 15-24 ans était la plus touchée (57%). *Escherichia coli* était l'espèce prédominante avec 59% (106/180). L'antibiogramme a révélé des fréquences des souches d'*Escherichia coli* de phénotype pénicillinase de 71% (75/106), 12% (13/106) de BLSE et 6,6% (7/106) de carbapénémase. Toutes les souches de *Klebsiella pneumoniae* étaient de phénotype pénicillinase de haut niveau 100% (10/10) et aucune production de BLSE ni carbapénémase a été observée.

Discussion : Il ressort de notre étude que le phénotype pénicillinase reste le principal mécanisme de résistance rencontré en milieu communautaire. La connaissance du profil de sensibilité aux antibiotiques selon l'écologie bactérienne permettra de faire des prescriptions raisonnées en attendant d'adapter la situation

particulière de chaque patient et limiter le phénomène de l'antibiorésistance.

Mots clés : *Résistance, antibiotiques, infection urinaire, Bobo-Dioulasso*

R052 : Profil de sensibilité aux antibiotiques des souches de *Klebsiella pneumoniae* isolées des infections du tractus urinaire au laboratoire de Bactériologie-Virologie au CHUSS, 2020

Kambiré Dinanibè, Merci M, Merveille – Carmen- M – Bidounga M O W, Henri G, Kouanda S, Ouédraogo A-S

Introduction : *Klebsiella pneumoniae* est un pathogène opportuniste impliqué dans les infections du tractus urinaire (UTI). Elle est difficile à traiter du fait des résistances aux antimicrobiens. L'objectif de ce travail est d'étudier le profil de sensibilité aux antibiotiques des souches de *K. pneumoniae* isolées des ITU au CHUSS.

Matériel et méthodes : Il s'agit d'une étude transversale à visée descriptive menée sur toute l'année 2020 au service de Bactériologie. Elle a concerné l'Examen Cytobactériologique des urines chez des patients hospitalisés ou non. L'identification des souches de *K. pneumoniae* et l'antibiogramme ont été réalisés.

Résultats : Au total 869 patients ont été inclus. Les résultats ont montré une prévalence de l'ITU à *K. pneumoniae* à 19%. Le sexe féminin était prédominant avec un sex-ratio de 1.05. La tranche d'âge la plus touchée était celle de 70-74 ans. L'ITU a été plus observée dans le service de néphrologie avec une fréquence de 27,03%. Sur sept (7) antibiotiques testés, l'activité de l'amikacine était de 97% et l'imipénème à 90%. Cependant, l'amoxicilline + acide clavulanique était inactive à 99%, le céfotaxime à 76%, la gentamicine à 59%, la ciprofloxacine à 72%. On a noté une production de BLSE à 27,03%.

Conclusions : l'ITU constitue un problème préoccupant. Il est donc nécessaire d'appliquer rigoureusement les règles d'hygiène avec une prescription rationnelle des antibiotiques. La

connaissance du profil de sensibilité aux antibiotiques selon l'écologie bactérienne permet de faire des prescriptions raisonnées en attendant d'adapter la situation particulière de chaque patient.

Mots clés : *ITU, K. pneumoniae, sensibilité, antibiotique, CHUSS*

R053 : Profil de sensibilité aux antibiotiques des souches d'*Escherichia coli* isolées des pyocultures au laboratoire de bactériologie-virologie du CHUSS en 2020

Kambiré Dinanibè, Muhigwa Merci, Salgo Haoua, Odilon Kaboré, Zougmore Arnaud, Ouédraogo W Henri Gautier, Kouanda Séni, Ouédraogo Abdoul-Salam

Introduction : L'examen cytbactériologique des pus a pour but la détection des agents étiologiques pouvant entraîner une morbidité et une mortalité liées aux infections en cause. L'objectif de ce travail était de décrire le profil de sensibilité aux antibiotiques des souches d'*Escherichia coli* isolées dans les suppurations au laboratoire de Bactériologie du CHUSS.

Matériel et méthodes : Il s'est agi d'une étude transversale à visée descriptive conduite en 2020. L'identification bactérienne a été faite à l'aide de la galerie minimale et /ou API20E. Le test de sensibilité aux antibiotiques a été réalisé selon la méthode de diffusion en milieu gélosé de Kirby-Bauer, suivant les recommandations du CA-SFM.

Résultats : L'analyse des 527 prélèvements de pus a permis d'identifier 324 souches bactériennes dont 97 souches d'*Escherichia coli* qui représentaient 30%. Les patients de 20-24 ans étaient les plus touchés avec une fréquence de 10,30%. *Escherichia coli* était également la souche la plus rencontrée dans le service de la chirurgie avec une fréquence de 50,52%. Le test de sensibilité a montré une résistance au céfotaxime, à la ciprofloxacine, à l'amoxicilline et à l'amoxicilline + acide clavulanique. Une très bonne activité de l'imipénème (95,88), de l'amikacine (92,78%) et de la gentamicine (52%) a été rapportée.

Conclusion : Cette prévalence élevée des colibacilles en chirurgie semble être associée à des infections du site opératoire. Les profils de sensibilité aux antibiotiques observés laissent appréhender les difficultés de prise en charge de ces suppurations post opératoires.

Mots-clés : *Antibiotiques, Escherichia coli, suppurations,*

R054: Occurrence of extended-spectrum beta-lactamase-producing (ESBL) *Escherichia coli* and *Klebsiella* spp. In urban agriculture, One Health approach in Ouagadougou, Burkina Faso

Fatimata B J, Marguerite E M. N, Souleymane S, Evariste B, Zakaria G, Djifahamaï S, Zourata G, Yentema Jacqueline Y, Nicolas B, Isidore J O B

Introduction: In Low and Middle Income Countries, urban agriculture has been developed by urban farmers to supply food to the city inhabitants. Due to water scarcity and cost, urban farmers generally use untreated wastewater irrigation. Therefore, we investigated the occurrence of ESBL-producing *Escherichia coli* and *Klebsiella* spp. In market gardening environment and the stools of market gardeners.

Material and methods: A prospective cross-sectional study was conducted from April 2021 to June 2022 in the capital city, Burkina Faso on the irrigated gardens (Paspanga, Boulmiougou and Tanghin). A total of 277 environmental samples (63 irrigation water, 76 lettuces, 76 soils, 62 manures) and 79 stools samples were collected and analyzed in the microbiology laboratory of Université Joseph Ki-Zerbo.

Results: We isolated 111 ESBL-*Escherichia coli* and 191 ESBL-*Klebsiella* spp. From these samples. The prevalences of ESBL-*Escherichia coli* and ESBL-*Klebsiella* spp. Were respectively, 20.57% (57/277) and 56.67% (157/277) from environmental samples, 63.29% (50/79) and 37.97% (30/79) from gardeners' stool samples. Antimicrobial susceptibility testing showed that 90% of the ESBL strains were multidrug resistant (MDR) with associated resistance to fluoroquinolones,

sulfonamides, aminoglycosides, phenicols and cyclins.

Conclusion: This study showed the presence of ESBL-producing bacteria in irrigated environments, on lettuce leaves and in gardener's stools. This raises the question of major risk of community contamination from market garden products, especially those consumed raw. Therefore, there is a need to monitor MDR bacteria in the agricultural sector using a "One Health" approach to reduce the spread of these bacteria in vegetable crops.

Keywords : *Escherichia coli, Klebsiella spp, ESBL, urban agriculture, Ouagadougou*

R055 : Portage et résistance aux antibiotiques du pneumocoque chez les enfants de moins de 5 ans au district sanitaire de Nouna, Burkina Faso

Boubacar C, Ali S, Dramane K, Nestor D, Adama C, Ousmane D, Clarisse D, Lucienne O, Vicky C, Elodie L, Jessica M. B, Jeremy D. K, Catherine O

Introduction : Il a été démontré que l'augmentation de la consommation d'antibiotiques entraîne une sélection accrue de la résistance aux antibiotiques. Nous avons évalué la prévalence de la résistance aux antibiotiques chez *Streptococcus pneumoniae* pour les classes d'antibiotiques couramment utilisées ainsi que les corrélations entre la résistance et la consommation d'antibiotiques chez les enfants âgés de 0 à 59 mois dans le district de Nouna.

Méthodologie: Un échantillon de 300 enfants âgés de 0 à 59 mois a été sélectionné aléatoirement dans 18 communautés dans l'observatoire de Nouna. Les personnes s'occupant des enfants ont été interrogées sur l'utilisation récente d'antibiotiques et un écouvillon nasopharyngé a été prélevé sur chaque enfant. Les échantillons ont été traités selon des méthodes microbiologiques standard. La consommation d'antibiotiques a été déterminée par l'examen des dossiers des consultations.

Résultats: *Streptococcus pneumoniae* a été isolé dans 101 (35,7 %) échantillons nasopharyngés. Parmi les isolats positifs, la résistance au cotrimoxazole (75,6 %) et à la tétracycline (69,3 %), suivies de l'oxacilline (26,7 %) et l'azithromycine (9,9 %). L'utilisation récente d'antibiotiques a été associée à une diminution du portage de pneumocoques (odds ratio 0,56, IC 95 % au niveau individuel. Il n'y avait pas de relation statistiquement significative entre l'utilisation d'antibiotiques et la résistance aux antibiotiques au niveau individuel ou communautaire bien que les IC soient larges.

Conclusion: La prévalence de l'antibiorésistance aux antibiotiques couramment utilisés était élevée dans la zone d'étude. L'extension de la surveillance de l'antibiorésistance sera importante pour informer la politique liée à l'utilisation des antibiotiques.

R056: Recherche des bactéries multirésistantes dans les effluents du Centre Hospitalier Universitaire Souro Sanou et de la station d'épuration d'eau de la ville de Bobo-Dioulasso au Burkina Faso

Muhigwa M, Sanou S, Kantagba D, Ouangraoua S, Poda A, Peris R.E, Bernasconi A, Godreuil S, Ouedraogo A-S

Introduction : Les effluents générés par les activités hospitalières peuvent présenter un danger potentiel non seulement pour les humains mais aussi pour l'environnement. L'objectif de notre étude était de décrire les bactéries multirésistantes isolées des eaux usées.

Méthodes-Résultats : Il s'agissait d'une étude prospective descriptive du 18 janvier au 31 décembre 2019. Nous avons prélevé des échantillons d'eau usées au Centre Hospitalier Universitaire Souro Sanou (CHUSS) et à la station d'épuration d'eaux (STEP) de la ville de Bobo-Dioulasso. Un isolement sur le milieu Mac Conkey Cefotaxime à 4µg/ml et une identification avec la galerie API 20E ont été faite. Un antibiogramme, un test de synergie et un test Carbapenem Inactivation Method suivi d'une caractérisation moléculaire a été réalisée

sur les isolats bactériens. Sur un total de 100 (50 au CHUSS et 50 à la STEP) échantillons collectés. Le rendement bactériologie était de 180 (96 CHUSS et 84 STEP) isolats. Les principales espèces étaient *Klebsiella oxytoca* et *Klebsiella pneumoniae* 28% (27/96) au CHUSS contre 27% (23/84) pour *Citrobacter diversus* à la STEP. La prévalence des bactéries productrices de bêta-lactamase à spectre étendu était de 100% et 10,0 % de carbapénémase. La prévalence du gène *bla*CTX-M était de 65% CHUSS et 63% STEP ; du gène *bla*NDM-1 7% CHUSS et 2 % STEP et du gène *bla*OXA-48-like 2,2% CHUSS.

Conclusion : Cette étude décrit pour la première fois la circulation de bactéries multirésistantes avec la présence de carbapénémases dans les eaux usées au Burkina Faso. Il est important d'installer des stations de traitement des effluents hospitaliers pour réduire la charge en microorganismes résistants avant de les rejeter dans le système d'assainissement urbain.

Mots clés : *Bactéries multirésistantes, eaux usées, Burkina Faso.*

R057: Profil de résistances aux antibiotiques des souches d'*Escherichia coli* isolées des infections du tractus urinaire au Centre Hospitalier Universitaire Sourô Sanou de Bobo Dioulasso de Juin à Aout 2021

Gouba N, Muhigwa M, Anagossi R, Ouedraogo A-S

Introduction: Les infections du tractus urinaire à *Escherichia coli* sont fréquentes et peuvent être graves. L'objectif de notre étude est de déterminer le profil de résistance aux antibiotiques des souches de *Escherichia coli* isolées des infections du tractus urinaire au Centre Hospitalier Universitaire Sourô Sanou (CHUSS).

Méthodologie: Il s'agissait d'une étude transversale à visée descriptive menée du 1^{er} juin au 31 Août 2021 au CHUSS chez les patients suspects d'une infection du tractus urinaire. Les échantillons d'urines ont fait l'objet d'un examen cytotactériologique. Une identification et un antibiogramme ont été réalisés sur toutes les souches isolées.

Résultats: Sur les 424 patients inclus la fréquence de l'infection urinaire était de 42,4%. Le sexe féminin était prédominant avec un sexe ratio de 1,1. La tranche d'âge de [70-79] ans était la plus touchée (20,51%). L'infection urinaire à *E. coli* était plus observée chez les patients en communautaire soit 39,74%. Le profil de résistance était : l'Amoxicilline + acide clavulanique (79%), Amoxicilline (93%), Céfotaxime (53%) avec production de bêta-lactamase à spectre élargi (18 souches), aux fluoroquinolones (la Ciprofloxacine 70%) et les aminosides : Gentamicine (75%). L'Imipenème et l'Amikacine sont restés actifs (5%).

Conclusion: Le niveau de résistance élevés de *E. coli* aux antibiotiques de la famille des bêta-lactamines, aminosides et quinolones demeure une limite dans la prise en charge des infections urinaires. Une surveillance accrue de l'évolution des résistances est donc obligatoire afin de définir de nouvelles stratégies thérapeutiques adoptées à l'épidémiologie locale des infections urinaires.

Mots Clés : *E. coli*, infections, tractus urinaires, résistance, antibiotique.

R058: Profil de résistance aux antibiotiques des bactéries isolées au cours des fièvres aiguës au Centre Hospitalier Universitaire Souro Sanou et au Centre Médical avec Antenne Chirurgical de Dano (Burkina Faso)

Muhigwa M, Yaldia W.E, Poda A, Godreuil S, Ouedraogo A-S

Introduction : Les bactériémies sont des infections associées à une morbidité et une mortalité importante et constituent une urgence diagnostique et thérapeutique. L'objectif de notre travail était d'étudier la résistance aux antibiotiques des bactéries isolées au cours des fièvres aiguës.

Méthodes : Il s'est agi d'une étude rétrospective menée de 2018-2020 chez des patients suspects de fièvre aigue au Centre Hospitalier Universitaire Souro Sanou de Bobo-Dioulasso et au Centre médical avec Antenne Chirurgical de Dano. Les échantillons ont fait l'objet d'une analyse bactériologique :

isolement, identification et antibiogramme pour les souches identifiées.

Résultats : Sur les 600 flacons d'hémocultures inclus, le rendement bactériologique était de 79 soit 13,1%. La tranche d'âge de 1-17 ans était la plus représentée avec 39,2% de cas codifiés. L'identification microbienne a trouvé *Staphylococcus epidermidis* comme espèce prédominante (27,8%) suivi de *Staphylococcus aureus* (15,2%) et de *Escherichia coli* (11,4%). Les isolats des staphylocoques ont présenté de résistance élevée à la pénicilline G, l'oxacilline, le céfoxitine, l'érythromycine et la ciprofloxacine dans environ 50% avec résistance à la méticilline. Les Entérobactéries ont été très résistant à l'amoxicilline, l'amoxicilline +acide clavulanique et le céfotaxime dans 64% et 60% de cas avec production de bêta-lactamase à spectre étendu.

Discussion : L'évolution de résistance aux antibiotiques montre les antibiotiques tels l'amoxicilline, l'amoxicilline + acide clavulanique, le céfotaxime n'ont évidemment plus leur place pour traiter ces tableaux infectieux. Ces molécules pourraient ne plus être recommandées comme traitement antibiotique empirique dans notre contexte.

Mots clés : Résistance, antibiotiques, bactéries, fièvres aiguës, CHUSS

R059: Caractérisation des souches de Staphylococcus aureus isolées des plats cuisinés des zones industrielles, hospitalières et éducatives de la ville de Ouagadougou, Burkina Faso.

Bagre T.S^{1,2}, Illy D¹, Barro N¹*

Introduction : Les maladies d'origine alimentaires représentent de nos jours un problème de santé publique dans les pays en développement comme le Burkina Faso. L'objectif de cette étude est de caractériser *Staphylococcus aureus* à coagulase positive isolées des plats cuisinés en restauration collective à Ouagadougou.

Méthodes : Un total de cent cinquante-neuf (159) échantillons d'aliments de plats cuisinés a été analysé d'octobre 2019 à juillet 2021 selon

des méthodes normalisées d'isolement et d'antibiogramme. La caractérisation moléculaire des gènes de virulence et des supports de résistances a été réalisée par des PCR multiplex.

Résultats : Au total, 83,75% des plats cuisinés étaient « Non satisfaisant » vis-à-vis de *Staphylococcus aureus* à coagulase positive et 35% des souches étaient porteuses de gène *eta* codant pour une toxine extracellulaire. Des résistances ont été observées à l'acide fusidique (81,3%) et la pénicilline (80%). Les gènes *bla_{SHV}*, *bla_{TEM}* et *bla_{CTX-M}* codant la production des beta-lactamases ont été détectés respectivement dans 75%, 16% et 7% des souches. Aussi, 33%, 23%, 15%, 9%, 8%, 5% et 3% des souches portent respectivement les gènes *parE*, *parC*, *aaC (6')* -*ib*, *gyrA*, *qepA*, *qnrS* et *qnrC*. Aucun gène *gyrB*, *qnrA* et *qnrB* n'a été détecté.

Conclusion : Il ressort de cette étude que la majorité des aliments consommés dans les zones industrielles, hospitalières et éducatives à Ouagadougou sont contaminés par *Staphylococcus aureus* à coagulase positive porteurs de gène *eta*. Certaines souches isolées présentent des résistances aux antibiotiques et portent des gènes de résistance aux différentes antibiotiques couramment utilisés ce qui pose un sérieux problème de santé publique.

Mots clés : *Staphylococcus aureus*, Antibiorésistance, virulence, plats cuisinés et Ouagadougou

R060 : Occurrence of Extended-Spectrum Beta-lactamase (ESBL)-producing *E. coli* and *Klebsiella* spp. among Humans, Beef Cattle and Environments in Ouagadougou

Djifahamaï S, Evariste B, Zakaria G, Marguerite Edith M. N, Souleymane S, Fatimata B J D, Jacqueline Y Y, Zourata G, Nicolas B and Isidore J O B.

Introduction: *Enterobacteriaceae* producing extended-spectrum beta-lactamases (E-ESBL) and carbapenemases are currently one of the major threats in both humans and animal's care. *E. coli* and *Klebsiella pneumoniae* are enterobacteria belong to the most critical group of multidrug-resistant pathogens for public

health. This study aim was to determine the occurrence of Extended-Spectrum Beta-Lactamase producing *E. coli* and *Klebsiella* spp. in cattle farms in Ouagadougou using One Health approach.

Material and methods: We conducted a cross-sectional study in beef cattle farms in Ouagadougou, Burkina Faso from April to September 2021. Cattle fecal samples (n=26), cattle farm environment (n=26), farmers drinking water (n=25), and farmers stool samples (n=47) were captured and analyzed by screening ESBL producing *E. coli* and *Klebsiella* spp. using ESBL chromoAgar.

Results: In total, 124 samples were collected. At least 67% (83/124) of ESBL- *E. coli* and 39% (48/124) of ESBL- *Klebsiella* spp were isolated. Among these, ESBL-*E. coli* and *Klebsiella* spp were isolated respectively in 72% (34/47) and 32% (15/47) from farm workers fecal samples, 88% (23/26) and 42 % (11/26) from cattle fecal, 73% (19/26) and 23% (6/26) from environmental, 8% (2/25) and 60% (15/25) from drinking water. A large percentage of *E. coli* (62%) and *Klebsiella* spp (71%) were classified as multidrug resistance.

Conclusion: This study shows ESBL colonization in the farms and farms environment as well as farmer's gut microbiota. These results show the necessity to monitor the use of antibiotics on farms that are used as growth promoters. A pooling of forces in the fight against antibiotic resistance would therefore be an asset.

Key words: *ESBL*, *Burkina Faso*, *Escherichia coli*, *Klebsiella* spp, *One Health*, *occurrence*.

R061: Extended-spectrum beta-lactamase and fluoroquinolone resistance genes among *Escherichia coli* and *Salmonella* isolates from children with diarrhea, Burkina Faso.

R. Dembélé, A. Konaté, O. Traoré, W.A.D. Kaboré, I. Soulama, A. Kagambèga, A.S. Traoré, N.K. Guessennd, A. Aidara-Kane, A. Gassama-Sow, and N. Barro

Introduction: The emergence and spread of multidrug-resistant gram-negative bacteria (MDR) has become a major public health

concern worldwide. This resistance is caused by enzyme-mediated genes that are common in certain *Enterobacteriaceae* species. However, the distribution of these genes is poorly documented in Burkina Faso. This study aims to determine the prevalence and distribution of the resistant genes coding for broad-spectrum beta-lactamases and quinolones in rural Burkina Faso. **Methods:** Multiplex PCR assays were carried out to detect ESBL-encoding genes, including *bla*_{OXA}, *bla*_{TEM}, *bla*_{CTX-M}, *bla*_{SHV}. The assays also assessed the presence of quinolone resistance gene namely *qnrA*, *qnrB* and *qnrS* in the quinolone-resistance DEC and *Salmonella* strains. **Results:** The Extended-Spectrum Beta-Lactamases (ESBL) resistance phenotype was reported in all the *E. coli* isolates (5/5). Cross-resistance phenotype to quinolones (CRQ) was shown by one *Salmonella* strain (1/9) and three *E. coli* (3/5). Cross-resistance phenotypes to fluoroquinolones (CRFQ) were harboured by one *Salmonella* (1/9) and carbapenemase phenotypes were detected in two *E. coli* strains (2/5). Whilst the *bla*_{OXA} genes were detected in 100% (5/5) of *E. coli* isolates and in 33.33% (3/9) *Salmonella* isolates. One strain of *E. coli* (1/5) harbored the *bla*_{CTX-M} gene and the *qnrB* gene simultaneously.

Discussion: This study identified β -lactam (*bla*) and quinolone resistance (*qnr*) genes in multidrug-resistant *E. coli* and *Salmonella* spp. in rural Burkina Faso. Our finding which highlighted the *enterobacteriaceae* strains resistance to β -lactams and quinolones are of high interest for adequate management of antimicrobial-resistant genes outbreak in Burkina Faso.

Keywords: *Antibiotics, resistance genes, qnrB, bla*_{OXA}, *bla*_{CTX-M}.

R062: MALDI-TOF identification of *Campylobacter* isolated from patients consulted in private laboratories in France

R. Dembélé, A. Ducournau, A. Buissonnière, L. Bruhl, F. Megraud, E. Bessède, N. Barro, P. Lehours.

Introduction: *Campylobacter* is a major agent of gastroenteritis worldwide. The incidence and

prevalence of campylobacteriosis have increased in both developed and developing countries over the last decade. This study used MALDI-TOF MS to provide rapid, accurate identification of *Campylobacter* spp. from patients.

Methods: A total of 197 *Campylobacter*-like strains collected by the National Reference Center of Campylobacters and Helicobacters laboratory in September 2018 were included in this study. Bacterial isolates from clinical samples were identified with a mass spectrometer (Ultraflex III TOF/TOF and the BIOTYPER database from Bruker Daltonics).

Results: Of the 197 isolates, 143 were identified as *Campylobacter jejuni* (72.59%), 28 as *C. coli* (14.21%), 2 as *Arcobacter butzleri* (1.02%), 1 as *C. fetus* (0.51%) and 1 as *C. lari* (0.51%). Isolation rate of *Campylobacter* was highest in the 0–9 age group (22%). The proportion of male and female patients was 59.4% (CI 95% = 52,2-66,3) and 40.6% (CI 95% = 33,7-42,8) respectively. Sixty strains (30.5%) were resistant to tetracycline and fifty-two (26.4%) resistant to ampicillin.

Discussion: The identification by MALDI-TOF mass spectrometry is particularly efficient for the identification of *Campylobacter* and makes it to identify genera and species difficult to access by conventional identification tests.

Keywords: *Campylobacter, identification, MALDI-TOF, patients, France.*

R063: Profil de sensibilité aux antibiotiques de *Shigella* spp. isolées de selles d'enfants de moins de cinq ans en zone péri-urbaine de la ville de Ouagadougou, au Burkina Faso : à propos d'une étude longitudinale

Alimatou H, Nouhoun B, Ben I. Soulama, Aïssata B, Issa N. O, Alphonse O, Alfred B. T, Sodiomon B. S

Introduction:

La résistance aux antimicrobiens (RAM) est un problème émergent chez *Shigella* spp. Nous avons évalué la fréquence d'isolement et le profil de sensibilité aux antimicrobiens des espèces de *Shigella* spp au cours d'une étude

longitudinale. Cette évaluation s'impose comme une étape préliminaire à l'évaluation d'un candidat vaccin contre la shigellose.

Méthodes: Une cohorte d'enfants de moins de cinq ans a été constituée dans la périphérie Nord de la ville de Ouagadougou et suivie pendant un an. Des échantillons de selles ont été collectés pendant les visites de suivi et lors d'épisodes diarrhéiques. Les selles ont été mises en culture pour l'isolement de *Shigella spp.* La sensibilité de *Shigella spp.* a été évaluée par la méthode de Kirby Bauer.

Résultats/Discussion: Au total, 750 enfants ont été inclus dans cette étude ; 367 de sexe féminin et 394 de sexe masculin. 2373 échantillons de selles ont été analysés. Un total de 80 *Shigella* isolées, dont 55% *Shigella flexneri* (n=44), 17,5% *Shigella boydii* (n=14), 13,75% *Shigella sonnei* (n=11), 3,75% *Shigella dysenteriae* (n=3), 10% *Shigella sp* (n=8). Toutes les souches ont présenté une multirésistance. *Shigella flexneri* résistaient à 88,64% (n=39) au sulfamthoxazole-trimetoprim et à l'amoxicilline, à 79,55% (n=35) à la tétracycline, à 72,73% (n=32) à la Streptomycine. Tous les isolats de *Shigella sonnei* résistaient à l'acide nalidixique. Une souche de *Shigella boydii* était aussi résistante à la ceftriaxone.

La résistance de *Shigella* au sulfamthoxazole-trimetoprim, médicament recommandé pour le traitement de la diarrhée infantile dans de nombreux pays dont le Burkina Faso, est inquiétante.

Keywords : *Shigella*, « Résistance aux Antibiotiques », diarrhée bactérienne, Ouagadougou, Burkina Faso.

R064: Caractérisation des gènes de virulences *IceA1*, *IceA2*, *OipA* et *CagE* de *Helicobacter pylori* dans des échantillons de selles au burkina faso

W Yasmine Astrid SANA, *T Rebeca COMPAORE*, *N Ines COMPAORE*, *Lassina TRAORE*, *Henri Gautier Ouedraog*, *Jacques SIMPORE*

Introduction : *Helicobacter pylori* est un bacille à Gram négatif incurvé. Elle est responsable de pathologies gastriques telque la gastrite

chronique, l'ulcère duodénale pouvant évoluer vers une transformation maligne.

Notre étude avait pour objectif de caractériser les gènes de virulences responsable de l'évolution de l'infection vers une transformation maligne.

Méthodes : L'étude était de type transversal. Notre population d'étude a concerné tout patient venant au laboratoire pour la réalisation d'un test antigénique à *H. pylori*. Le diagnostic de l'infection a été faite avec un test antigénique de la marque INVBIO. La détection des gènes de virulences a été faite par PCR classique, et la révélation des bandes par électrophorèse sur gel d'agarose.

Résultats : Les résultats ont montré un taux d'infection de 89,6%. Les femmes étaient les plus infecté avec 50,4% et les hommes avec 39,2%(P-value=0,20). Les tranches d'âge les plus touchés étaient celle des]20-40] ans et]40-60]. La fréquence de nos gènes de virulences *cagE*, *IceA1*, *IceA2* et *oip A* était respectivement de 67,6%, 3,12%,3,12%,1,6%. Le gène *cag E* a été corrélé significativement avec l'infection à *H. pylori* avec une P-value à **0,001**. Notons que la présence de certains gènes de virulences a été associées au traitement, à la symptomatologie et à certains facteurs de risques. Notre population bactérienne ne comportait qu'un seul allèle *iceA*. Notre étude est l'une des premières au Burkina Faso et dans le monde caractérisant ces gènes de virulences d'*H. pylori* dans les selles. Elle nous a permis de prouver que les gènes de virulences peuvent être recherché et retrouvés dans les selles.

Mots clés : *Helicobacter pylori*, selles, gènes de virulences, PCR , Burkina Faso

R065: Etude de cas descriptif des bactéries multirésistantes dans les effluents du Centre Hospitalier Universitaire de Souro Sanou et de la station d'épuration

Muhigwa M, *Sanou S*, *Kantagba D*, *Ouangraoua S*, *Poda A*, *Peris R.E*, *Bernasconi A*, *Godreuil S*, *Ouedraogo A-S*

Introduction : Les effluents générés par les activités hospitalières peuvent présenter un danger potentiel non seulement pour les humains mais aussi pour l'environnement. L'objectif de notre étude était de décrire les

bactéries multirésistantes isolées des eaux usées.

Méthodes : Étude de cas descriptive du 18 janvier au 31 décembre 2019. Nous avons prélevé des échantillons d'eau dans les effluents du Centre Hospitalier Universitaire Souro Sanou et de la station d'épuration des eaux usées de la ville de Bobo-Dioulasso. Un isolement sur Mac Conkey Cefotaxime à 4µg/ml et l'identification avec la galerie API 20E a été. Un antibiogramme, un test de synergie et un test Carbapenem Inactivation Method suivi d'une caractérisation moléculaire a été réalisée.

Résultats : sur un total de 100 échantillons collectés, 180 isolats bactériens ont été isolés et identifiés à partir des différents sites. *Klebsiella oxytoca* et *Klebsiella pneumoniae* étaient les espèces majoritaires avec une prévalence de 27,5%. La prévalence de bêta-lactamase à spectre étendu était de 100% et 10,0 % de carbapénémase. La prévalence du gène blaCTX-M était de 89,8% et 7,8% de gène blaNDM-1 et 2,2% du gène blaOXA-48-like.

Conclusion : Cette étude décrit pour la première fois la circulation de bactéries multirésistantes avec la présence de carbapénémases dans les eaux usées au Burkina Faso. Il est important d'installer des stations de traitement des effluents hospitaliers pour réduire la charge en microorganismes résistants avant de les rejeter dans le système d'assainissement urbain.

Mots clés : Bactéries multirésistantes, résistance aux antibiotiques, eaux usées, Burkina Faso.

R066 : Evaluation de l'activité de la tigécycline sur les bactéries multi résistantes isolées au laboratoire du CHU Souro Sanou Bobo-Dioulasso (Burkina Faso)

Gonfouli J-M, Kaboré D. O, Muhigwa M, Ouedraogo A-S

Introduction. L'objectif de cette étude était d'évaluer l'activité de la tigécycline (TG) sur les Bactéries Multi Résistantes (BMRs) isolées au CHU Souro Sanou de Bobo-Dioulasso.

Méthodes. Il s'est agi d'une étude prospective allant du 1^{er} Mai au 31 Juillet 2022. Toutes les BMRs isolées en routine lors d'une

bactériémie, analyse des urines, liquides de ponction ou de pus des patients hospitalisés et externes ont été testées à la TG conformément aux normes du CA-SFM /EUCAST.

Résultats. Cent-dix-sept (117) BMRs ont été testées, incluant 79 % d'entérobactéries : i) 62/117 *E. coli* [45/62 Productrices de Beta Lactamases à Spectre Elargie (BLSE) et 17/62 Souches Résistantes aux Carbapénèmes (SRC), dont 43/45 (BLSE) et 13/17 (SRC) étaient sensibles à la TG] ; ii) 27/117 *Klebsiella* spp. [20/27 BLSE et 7/27 SRC dont 19/20 et 5/7 étaient respectivement sensibles à la TG] ; iii) 3/117 souches de *Raoultella terrigena* BLSE et une (1/117) SRC de *Serratia* spp., étaient toutes sensibles à la TG. Parmi 15 souches d'*Acinetobacter baumannii* testées, 10 étaient sensibles à la TG, incluant une BLSE (1/15) et (9/15) SRC. Enfin, une seule souche sur 9 *Staphylococcus Aureus* Résistant à la Méricilline (SARM) isolées a montré une résistance à la TG.

Discussion. Au regard de ces résultats, la TG, non encore commercialisée dans notre pays, devrait rapidement être disponible en vue d'épargner d'une part les carbapénèmes dans les infections à BLSE ; et surtout pour venir à bout des impasses thérapeutiques dans un contexte grandissant de SRC au Burkina Faso.

Mots clés : BMR, tigécycline, carbapénèmes, BLSE, SARM, Bobo-Dioulasso

R067: Antibiotics susceptibility testinf of pneumococcal strains before the introduction of the thirteen-valent pneumococcal conjugate vaccine (PCV-13) in Burkina Faso

D Kambire, I Tonde, M Sanou, H G Ouedraogo, M Tamboura, M Congo /Ouedraogo, S Ouangraoua, A Ky/Ba, A A Zouré¹, G Sawadogo, K Cissé, A S Ouedraogo, O Ouedraogo, A P Yooda, I Sangare, I Yameogo, L Mcgee, V Srinivasan, H M Soeters, F Aké, S Zida, C V Beneden, I Meda, S Kouanda, Rasmata o/Traore.

Introduction : *Streptococcus pneumoniae* is an important pathogen of acute bacterial meningitis in Burkina Faso. This justified the introduction of the pneumococcal conjugate vaccine in October 2013 in the expanded

program of vaccination in children under one year of age. The objective of this work is to establish the antibiotic susceptibility profile of *S. pneumoniae* strains isolated from cerebrospinal fluid.

Methodology : From January 1, 2010 to December 30, 2012, 37 pneumococcal strains were collected from the national meningitis surveillance network of the country. These strains, plated on fresh blood agar, were confirmed by optochin susceptibility testing. The Quellung test determined the pneumococcal serotypes and the susceptibility test was performed according to the diffusion method and interpreted according to the standards of the European Committee for Antibiotic Susceptibility.

Results : Of 37 isolates serotyped, 77% were vaccine serotypes. Antibiotic susceptibility testing revealed that 92% of strains were susceptible to oxacillin, 97% to erythromycin and 73% to clindamycin. Cotrimoxazole was active in 14% and tetracycline in only 5% of the strains.

Conclusion : The majority of pneumococcal strains isolated from meningitis in Burkina Faso belong to vaccine serotypes. However, molecules such as cotrimoxazole and tetracycline are mostly inactive.

Keywords : *Susceptibility-Antibiotics-Pneumococcal-PCV-13*

R068: Meningitis outbreak caused by *Neisseria meningitidis* serogroup C ST 10217 in 2019 in Diapaga, Burkina Faso

Kambire D, T Issa, O W Gautier, Sanou M, Ouedraogo LSLW, Savadogo M, Tamboura M, Zongo M, Ouedraogo O, Zoure A A, Compaore R, Sagna T, Zida S, Soubeiga T, Ake F, Sangare L, Meda I, Kouanda S, Ouedraogo/Traore

Introduction : Meningitis caused by *Neisseria meningitidis* constitute a burden for the countries in the meningitis belt of sub-Saharan in general and particularly for Burkina Faso. In 2019 the Diapaga health district experienced a meningitis epidemic due to *N. meningitidis* serogroup C.

Methodology : This is a cross-sectional study with a descriptive aim in the health district of Diapaga where all cases of meningitis were included in this work. Rapid diagnostic tests (RDTs), culture as well as real-time PCR were used for the biological analysis of cerebral spinal fluid (CSF) samples.

Results : Of 155 CSF samples analysed, 42% were tested positive for a *Neisseria meningitidis* C (NmC). Thus, *N. meningitidis* C had accounted for 83% of all positive cases. Likewise, all thirteen (13) NmC strains were susceptible to oxacillin, ceftriaxone, penicillin and chloramphenicol. All strains of NmC belonged to the sequence type (ST) 10 217 and to the clonal complex (CC) 10 217. These CCs belonged to the same variant PorA type : P1.21-15.16; FetA type: F1-7; PorB type: 3-463.

Conclusion : Burkina Faso had known an epidemic of meningitis caused by NmC in 2019 in the health district of Diapaga. This outbreak was contained in time due to the performance of the epidemiological surveillance system which made it possible to investigate on time and introduce the vaccine against the pathogen NmC.

Keywords : *Meningitis - Neisseria meningitidis - Diapaga - Burkina Faso*

R069: : Isolement et caractérisation des souches d'actinomycètes productrices de substances antimicrobiennes à partir d'échantillons de sol prélevés dans la ville de Ouagadougou, Burkina Faso

Dissinviel K, Isiaka T, Sandrine O, Adam A, Cheikna Z, Aly S

Introduction : Face à la progression continue de l'émergence des bactéries multi-résistantes, la recherche de biomolécules à activité antibactérienne est aujourd'hui nécessaire. L'objectif du présent travail était d'isoler et de caractériser des souches d'actinomycètes capables de produire des substances antimicrobiennes.

Méthodologie : Des échantillons de sol ont été prélevés sur deux sites (« Bangré Weogo » et serre Université Joseph KI-ZERBO) et ensuite analysés au Laboratoire de Biochimie et

Immunologie Appliquées, au Burkina Faso. L'isolement des souches d'actinomycètes a été fait en utilisant le milieu Caséine-Amidon-Agar supplémenté de nystatine et de chloramphénicol après enrichissement au CaCO₃. L'activité antibactérienne a été réalisée par la technique des disques d'Agar et celle des puits. Des observations des souches ainsi que les tests biochimiques ont été effectués en vue d'un essai d'identification des souches.

Résultats/Discussion : Au total, 20 souches ont été isolées. Sept ont présenté une activité antibactérienne à l'encontre des souches pathogènes. Les souches BW12 et BW13 ont présenté une activité antibactérienne tant sur les bactéries pathogènes à Gram négatif qu'à Gram positif. Le diamètre d'inhibition le plus élevé (23 mm) a été obtenu avec la souche BW12 sur *Bacillus licheniformis* et le plus petit (07 mm) a été obtenu avec les souches BW1, BW9, BW10 sur *Bacillus spizini* et BW14 à l'encontre d'*Enterococcus faecalis*.

Conclusion : Les observations morphologiques ainsi que l'analyse des résultats des tests biochimiques a permis d'assigner six souches au genre *Streptomyces*. Ce travail nous a permis d'isoler de présumés *Streptomyces* productrices de substances contre les bactéries Gram + et Gram -.

Mots clés: *Sol, actinomycètes, activité antimicrobienne, antibiotiques, Burkina Faso*

R070: Isolement et caractérisation de *Escherichia coli* entéro-pathogénique et entéro-toxinogénique des produits laitiers consommés au Burkina Faso.

Bagre T.S, Barro N

Introduction : Les maladies d'origine alimentaires représentent un problème de santé publique. Cette étude avait pour objectif d'évaluer la résistance aux antibiotiques de *Escherichia coli* diarrhéique isolé des produits laitiers consommés au Burkina Faso.

Méthodes : Au total, 520 échantillons de produits laitiers ont été analysés et *Escherichia coli* a été isolé selon les méthodes standards de microbiologie. La PCR 16-plex a été utilisée pour détecter les 5 principaux pathovars de *E.*

coli diarrhéique alors la méthode de diffusion a été utilisée avec 31 antibiotiques. Quant à la recherche des intégrons de classe 1, 2 et 3 ainsi que les gènes codant la résistance aux antibiotiques, elle a été réalisée par PCR.

Résultats : Les résultats montrent que 1.92% des produits laitiers étaient contaminés par *E. coli* diarrhéique. *Escherichia coli* Entérotoxinogénique a été trouvé dans 4,45% des laits crus, 3,4% des laits pasteurisés et 1,15% des « déguës ». Il ressort que 2,3% des déguës étaient contaminés par *E. coli* Entéropathogénique. L'antibiogramme a montré que les pathogènes isolés présentaient des résistances vis-à-vis de la tétracycline, l'amoxicilline, la ticarcilline, l'acide nalidixique, les sulfonamides et le triméthoprime-sulfaméthoxazole. Seulement les intégrons de classe 1 ont été détectés dans 80% des *E. coli* diarrhéiques. Parmi les intégrons de classe 1, 4 souches contenaient des régions variables avec la présence du gène *dfrA7* codant la résistance aux triméthoprime.

Conclusion : Il ressort de cette étude que les produits laitiers consommés au Burkina Faso sont contaminés par des souches de *E. coli* Entéropathogénique et Entérotoxinogénique avec des résistances variables vis-à-vis des antibiotiques couramment utilisés.

Mots clés : *Produits laitiers, Escherichia coli diarrhéique, Résistance aux antibiotiques, intégrons, Burkina Faso*

R071: Risque de résistance lie a l'utilisation des antibiotiques dans les fermes avicole et chez les vendeurs détaillants de volaille au Burkina Faso

Soro Karna Daniel; Sawadogo A; Nikiema M E M; Sama B N F; Kagambega A; Barro N

Introduction: Au Burkina Faso, l'aviculture est une activité en croissance. C'est importante source de revenu mais aussi une source de protéines animale disponible. En revanche, des pratiques d'élevage inappropriées pourraient présenter des risques de développement des résistances bactériennes. L'objectif de cette étude est de faire une analyse des utilisations

d'antibiotiques vétérinaires dans les élevages périurbains et chez les revendeurs de volaille au Burkina Faso.

Méthodes: Une interview de 121 éleveurs a été réalisée et des observations ont été faites.

Resultats: L'usage d'antibiotique a représenté 87,6% avec de l'automédication utilisant principalement l'amoxicilline et la tétracycline et ses dérivés provenant des ventes de rue (51,2 %), pharmacies vétérinaires (56,2 %) et les officines (3,3 %). L'usage était préventif, curatifs et anti-stress. 47% n'avaient pas respecté le délai d'attente chez les éleveurs contre 87% chez les revendeurs.

Discussion: Les élevages avec la population est source de transmission de pathogènes à l'homme. La biosécurité dans les zones urbaines sont difficiles. Le mixage facilite le partage de germe. L'automédication augmente la résistance aux antimicrobiens et l'usage de médicaments interdits. Les résidus d'antibiotiques indiquent un non-respect des délais d'attentes conduisant à des sélections de bactéries résistantes. Les tétracyclines entraînent des risques de prolifération de bactéries multirésistantes. Une surveillance et une sensibilisation pour un usage contrôlé des antibiotiques est nécessaire. Les revendeurs n'observent pas de délai d'attente pour la plupart car ils maintiennent la volaille en forme pour les clients.

Mots clés : *Volaille, Antibiotiques, Bonnes pratiques, Burkina Faso*

R072: Détection et caractérisation moléculaire des Bacilles à Gram négatif (BGN) multirésistants en portage chez la mouche domestique dans la ville de Bobo-Dioulasso, Burkina Faso

Sanou DMS, Yerbanga R. S, Bangre T, N'do S, Yameogo I, Nikiema F, Fofana A, Batiene N, Ouedraogo J-B, Sangare I, Sanou M.

Introduction : Les mouches domestiques (*Musca domestica*) sont des insectes synanthropiques vecteurs de nombreux pathogènes (multirésistants) responsables de maladies infectieuses. Cette étude visait à détecter et à caractériser les bacilles à Gram

négatif (BGN) multirésistants aux antibiotiques en portage chez les mouches domestiques dans la ville de Bobo dioulasso.

Méthodologie : Au total 500 mouches domestiques ont été capturées dans des environnements hospitaliers et non hospitaliers de la ville de Bobo-Dioulasso. Elles ont été réparties en 125 lots de 5 mouches chacun, pour les analyses bactériologiques. Les bactéries multirésistantes, isolées sur la gélose MacConkey additionnée de céfotaxime à 4µg/ml, ont été identifiées sur la base des caractères biochimiques. Les profils de sensibilité aux antibiotiques ont été déterminés par la méthode de diffusion en milieu gélosé. La détection des gènes de résistance blaCTX-M et les gènes de résistance aux quinolones (PMQR), a été faite par PCR.

Résultats : Sur 115 souches bactériennes obtenues, 26 étaient des entérobactéries productrices de bêta-lactamases à spectre étendu (BLSE): *E. coli* (15), *Klebsiella pneumoniae* (6), *Enterobacter cloacae* (4), *Morganella morganii* (1). Ce portage était statistiquement plus important en milieu hospitalier (9/30, p=0,03). Aucune souche résistante aux carbapénèmes n'a été observée. Les gènes de résistance BLSE (de type CTX-M du groupe1) (25/26) et de résistance aux quinolones (QnrS) (6/26) ont été retrouvés.

Conclusion : Les mouches domestiques, dans la ville de Bobo-Dioulasso, sont des vecteurs de transmission de BGN multirésistants. Une surveillance des risques en découlant pour la santé publique s'avère nécessaire.

Mots clés : *Bacilles à Gram négatif, Bactéries multirésistantes, BLSE, mouche domestique, Bobo-Dioulasso.*

R073: Détection bactériologique et moléculaire des entérobactéries multi résistantes en portage digestif chez le Gecko en milieu hospitalier à Bobo-Dioulasso au Burkina Faso

Sanou DMS, Yerbanga R. S, Sombie E, Kabre A, Ouedraogo N, Nikiema F, Boni, Thiombiano N, Ouedraogo J-B, Zoungana J, Hema A, Sanou M.

Introduction : Le gecko est un reptile de la famille des *Gekkonidae*. Sa présence en milieu hospitalier, indicateur de déficit d'hygiène hospitalière, pourrait contribuer à la survenue d'infections associées aux soins (IAS). Nous avons étudié le portage digestif des Entérobactéries multi résistantes chez le gecko au CHU Souro SANOU (CHUSS) de Bobo Dioulasso.

Méthodologie : L'étude, transversale descriptive, a consisté en la capture, de Geckos dans différents services du CHUSS. Après identification et dissection des Geckos, les crottes ont été recueillies pour l'isolement des entérobactéries multirésistantes sur la gélose MacConkey additionnée de céfotaxime (4µg/ml). L'identification a été faite sur la base des caractères biochimiques. La sensibilité aux antibiotiques a été déterminé par diffusion en milieu gélosé. La détection des gènes de résistance a été faite par PCR conventionnelle.

Résultats : Sur 30 geckos des genres *Hemidactilus sp* et *Tarentola sp* capturés, 16 souches d'entérobactéries multirésistantes ont été identifiées chez 14 geckos. Ces geckos porteurs de BMR ont été majoritairement capturés en Pédiatrie (4/14), en Réanimation (3/14) et au Laboratoire (3/14). Les principales BMR isolées étaient : *Citrobacter freundii* (7/16), *Enterobacter cloacae* (2/16) et *Salmonella spp* (2/16). Seule l'amikacine était active sur l'ensemble des souches isolées. Le gène de résistance bla CTX-M du groupe 1 était présent chez 13 BMR, et 1 souche de *Raoultella ornithinolytica*, en Réanimation, portait le gène NDM-1.

Conclusion : Les geckos, en milieu hospitalier, sont de potentiels vecteurs de transmission de BMR. Une amélioration de l'hygiène hospitalière s'avère nécessaire pour maîtriser ce risque.

Mots clés : Bactéries multirésistantes, CTX-M, gecko, milieu hospitalier, Bobo-Dioulasso.

R074 : Diagnostic et caractérisation des infections à *Staphylococcus aureus* à l'Hôpital National de Niamey

Sanou D. M. S, Alzouma M. B, Boubou L, Yerbanga R. S, Nikiema F, Bangre T, Da A, Ouedraogo J-B, Sangare I, Sanou M

Introduction : *Staphylococcus aureus* est l'un des principaux agents étiologiques des infections suppuratives superficielles et profondes. Nous avons étudié les aspects épidémiologiques, bactériologiques et moléculaires des infections à *Staphylococcus aureus* diagnostiquées à l'Hôpital National de Niamey.

Méthodologie : Cette étude transversale a été menée à l'Hôpital National de Niamey et au centre MURAZ de Bobo-Dioulasso. Les procédures opérationnelles standards en vigueur au laboratoire ont été utilisées pour identifier les bactéries, réaliser les tests de sensibilité aux antibiotiques et rechercher les gènes de résistance et de virulence.

Résultats : Au total 64 souches de *S. aureus* ont été isolées majoritairement des prélèvements de pus (92,19 % des cas). L'âge moyen des patients était de 29 ans avec une prédominance masculine (68,75%). Les différents phénotypes de résistance étaient : SARM (32,81 %) ; K (14,09 %) ; KT (12,5 %) ; KTG (12,5 %) ; MLS inductible (7,81 %) ; MLS constitutif (6,25 %). Aucune résistance à la vancomycine n'a été observée. Aucune différence statistique dans la répartition des souches SARM n'a été observée entre les hospitalisés et les patients ambulatoires (p=0,762). Sur 16 SARM, le gène *MecA* était présent chez 43,75% de ces souches et le gène *PVL* chez 37,5%. Une seule souche possédait cumulativement les deux gènes.

Conclusion : Nos résultats ont montré une prévalence importante de SARM au niveau de l'Hôpital National de Niamey. Une surveillance de la résistance bactérienne est nécessaire afin de limiter la diffusion des souches résistantes au sein des établissements hospitaliers et dans la population.

Mots clés : phénotypes, SARM, *MecA*, *PVL*, Niger.

R075 : Haute fréquence des entérobactéries productrices de betalactamases à spectre étendu isolées chez les patients en

ambulatoire au laboratoire de biologie clinique du Centre MURAZ à l'ouest du Burkina Faso

Kobo G, Soumeya O, Nongdo F, Arsène Z, Amariane O, Cherileila P, Soufiane S, Azouman D, Romaric B, Dramane K, Kireopori G, Abdoul O.

Introduction : Les infections à entérobactéries constituent une cause majeure de morbidité et mortalité dans les pays en développement. L'émergence et la diffusion de la résistance aux antibiotiques dans cette famille de bactérie contribuent à amplifier le problème. Ce travail a pour objectif de déterminer les phénotypes de résistance des entérobactéries isolées dans divers produits biologiques analysés au laboratoire de bactériologie.

Méthodologie : Il s'est agi d'une étude transversale réalisée chez des patients reçus en milieu communautaire pour le diagnostic d'infection bactérienne réalisée en bactériologie du Centre MURAZ du 1^{er} Avril au 30 juin 2017. L'isolement des souches a été réalisé par les techniques standards de bactériologie. L'identification et l'antibiogramme ont été faits à l'aide de l'automate VITEK 2 compact selon les recommandations de la Clinical and Laboratory Standard Institute version 2012.

Résultats : Parmi les entérobactéries isolées, 100 souches répondant aux critères de notre étude ont été considérées. L'antibiogramme a révélé que ces 100 souches étaient composées de 85% des souches résistantes dont 52 % de bactéries productrices de bêta-lactamases à spectre élargi (BLSE) ; 23 % pénicillinases ; 7 % céphalosporinases; 3 % carbapénèmases et 15 % de phénotypes sauvages.

Conclusion : Notre étude rapporte une forte prévalence d'entérobactéries résistantes aux antibiotiques chez des patients reçus en ambulatoire au Centre MURAZ. Ce travail montre la nécessité de la mise en place d'une politique de prescription rationnelle des antibiotiques dans les formations sanitaires suivant les recommandations de la surveillance de la résistance aux antimicrobiens.

Mots clés : *Entérobactéries, ambulatoire, résistance, antibiogramme, phénotypes*

R076: Caractérisation phénotypique de *E. coli* et *Klebsiella* spp. productrice de Bêta-lactamase à spectre étendu (BLSE) isolés de spécimen biologique en milieu hospitalier.

Zakaria G, Isidore O.J. B, Jean Baptiste G, Sibiri A. Z, Diagnagou N, Ibrahima K, Patrick P. A. V, Alix L. W. T, Magloire H, Lassana S, Nicolas B, Kaisa H, and Halidou T

Introduction : La résistance aux antimicrobiens constitue un problème majeur de santé publique dans les hôpitaux. L'objectif de cette étude est d'effectuer une caractérisation phénotypique d'isolats de *E. coli* et *Klebsiella* spp. productrice de BLSE.

Matériel et méthodes : De mars 2020 à février 2022, 789 isolats de *E. coli* (590) et *Klebsiella* spp (199) ont été collectés dans cinq hôpitaux du Burkina Faso. L'identification a été effectuée avec les galeries API20E. L'antibiogramme a été réalisé par la méthode de diffusion de disque sur gélose de Muller Hinton (MH). La production de BLSE a été confirmée par le test de synergie entre le céfotaxime, la ceftazidime et l'amoxicilline + acide clavulanique. La détection de AmpC-bêta-lactamase a été effectuée sur gélose MH supplémentée de cloxacilline à 4µg/L. La détection de carbapénèmases a été effectuée à l'aide de tests immuno-chromatographique CORIS O.K.N.V.I. RESIST-5.

Résultats : La recherche de carbapénèmases a été positive pour 33/48 isolats présomptifs testés, une prévalence de 4.18%. Trois types de carbapénèmases (29 NDM ; 4 OXA48 ; 1 VIM) ont été détectés. La AmpC bêta-lactamase a été détectée chez 43/138 isolats testés, une prévalence de 5,45%. Les isolats ont montré une forte résistance aux antibiotiques d'usage quotidien (cotrimoxazole 80%, ciprofloxacine 90.65%). Tous les isolats étaient multirésistants.

Conclusion : Les bactéries productrices de BLSE renferment plusieurs mécanismes de résistance. Elles sont résistantes aux antibiotiques couramment utilisés dans nos hôpitaux. Certaines sont capables de résister aux antibiotiques de dernier recours tels que les carbapénèmes rendant ainsi la prise en charge thérapeutique difficile.

Mots clé : *carbapénèmase, BLSE, AmpC, multirésistance, E. coli, Klebsiella spp.*

R077 : Les eaux usées des hôpitaux du Burkina Faso, source de propagation et de dissémination d'*Escherichia coli* et de *Klebsiella pneumoniae* résistants aux carbapénèmes.

Zakaria G, Nadège O. M, Isidore O.J. B, Ibrahima K, Massa A. B, Patrick P. A. V, Alix L. W. T, Magloire H, Lassana S, Nicolas B, Kaisa H, and Halidou T

Introduction : L'émergence et la diffusion des bactéries multirésistante (BMR) présente une grave menace de la santé publique mondiale. Cependant, les données sont rares dans les pays à ressources limitées. L'objectif de cette étude est d'évaluer l'étendue des BMR dans les eaux usées des hôpitaux.

Méthodologie : Quatre-vingt-quatre (84) échantillons d'eaux usées ont été collectés dans 5 hôpitaux du Burkina Faso. Une numération quantitative des bacilles Gram négatifs sur CHROMAgar BLSE a été réalisée. *E. coli* et *K. pneumoniae* ont été identifiés utilisant des galeries API20E. La production de BLSE a été confirmée par le test de synergie entre la céfotaxime, la ceftazidime et l'amoxicilline+acide clavulanique. Le test de AmpC-bétalactamase a été réalisé sur une gélose Muller Hinton (MH) supplémentée de cloxacilline à 4µg/L. Le test de confirmation de carbapénémase a été effectué en utilisant le test immunochromatographique CORIS, O.K.N.V.I. RESIST-5.

Résultats : Au total 98% des échantillons hébergeait au moins une souche de *E. coli* et ou *K. pneumoniae*. La concentration bactérienne variaient de 1.1x10⁵ à 5.23x10⁶ UFC/mL. 170 souches ont été isolées, constitués majoritairement de *E. coli* (64 %). Le test de BLSE a été positif chez 95% des isolats présumés BLSE. L'AmpC-bétalactamase a été détectée chez 23/64 des isolats suspects. Le test de carbapénémase était positif pour 10/21 des isolats testés. Toutes les souches étaient multirésistantes.

Conclusion : Cette étude montre que les eaux usées hospitalières constituent un grand réservoir de bactéries multirésistantes, y compris celles capables de produire des

carbapénémases, qui peuvent être disséminées dans l'environnement.

Mots clés : *Bétalactamase, AmpC, BLSE, carbapénémase, eaux usées.*

R078 : Etude comparative de la résistance d'*Escherichia coli* isolées des aliments et des prélèvements cliniques au Laboratoire National de Santé Publique, Ouagadougou, Burkina Faso

Kpoda D.S., Somda N.S., *Iboudo A.H, Karfo P., Kabre E.*

Introduction : Cette étude vise à décrire le profil de résistance d'*Escherichia coli* isolée de prélèvements cliniques et d'aliments pour ensuite comparer leurs résistances aux antibiotiques.

Méthodes : Il s'agit d'une étude transversale conduite d'avril à septembre 2021 dans le laboratoire de bactériologie du Laboratoire National de Santé Publique. Au total 16 antibiotiques de 5 familles ont été testées sur 60 *E. coli* dont 30 d'origine cliniques et 30 d'origine alimentaires en utilisant la méthode de diffusion des disques sur gélose Müller Hinton décrit par Kirby Bauer. Les *E. coli* productrices de BLSE ont été détectées en effectuant le test de double synergie entre une Céphalosporine de 3^{ème} Génération et l'amoxicilline+acide clavulanique.

Résultats: Les *E. coli* cliniques ont montré une résistance extrêmement élevée de 93,33% à l'ampicilline, 86,67% à l'acide nalidixique, 63,33% à la ciprofloxacine, 90,0% à la tétracycline et 86,67% au triméthopime-sulfaméthoxazole. Les taux de résistance des *E. coli* alimentaires étaient de 43,33% à l'ampicilline, 0,00% à l'acide nalidixique et la ciprofloxacine, 40,0% à la tétracycline et 3,33% à la triméthopime-sulfaméthoxazole. 46,66% des *E. coli* cliniques étaient productrices BLSE contre 0,00% des *E. coli* alimentaires.

Conclusion : Il ressort de cette étude que les *E. coli* cliniques était plus résistantes aux antibiotiques testés que celles d'origine alimentaires. Ces résultats sont différents de ceux d'autres études. Cette différence pourrait s'expliquer du fait que leurs aliments étaient

issus d'environnements insalubres comparé au nôtres qui ont été prélevés dans des conditions d'hygiène assez respectables.

Mots-clés : *Escherichia coli*, clinique, alimentaire, résistance, LNSP

R079: Identification of new genetic variant on NSMAF and Cyp7A1 genes associated with pulmonary tuberculosis in the Moroccan population

Pr. Khalid SADKI,

Introduction: Tuberculosis is an infectious disease that remains an enormous public health problem. Several studies have implicated genetic host factors in predisposing populations to TB disease. A genome-wide linkage study identified a major susceptibility locus on chromosomal region 8q12-q13 in Moroccan TB patients.

Several immunogenetic studies were performed by our team, where we evaluate the potential involvement of two candidate genes on the susceptibility of the TB disease, the NSMAF and Cyp7A1 genes. In this presentation, we will report an interesting case-control genetics study.

Methods: Five SNPs, rs2228505, rs36067275 and rs10505004 for NSMAF genes, and (rs1050504 and rs3808607) for CypA1 gene were selected and genotyped using TaqMan® allelic discrimination assays.

Results: Only the rs1050504 C>T genotype was observed to be significantly associated with an increased risk for developing pulmonary TB (41.8% vs 27%, OR 1.95, 95% CI 1.16-3.27; p=0.01). In contrast, the TT genotype was significantly associated with resistance to PTB (4.1% vs 15.6%, OR 0.23, 95% CI 0.08-0.63; p=0.002). In addition, for the CYP7A1 gene, we first showed that the rs3808607 AA genotype and rs1050504 CT genotype were significantly associated with an increased risk for developing pulmonary TB. While the TT genotype of rs1050504 was associated with protection against pulmonary TB.

Conclusion: Our investigation reported for the first time, the potential involvement of the

chromosomal susceptibility region 8q12-q13 to TB in the Moroccan population through NSMAF and/or CYP7A1 genes genetic variation. Further functional studies are needed to confirm these findings.

R080: Population structure and genetic diversity of Mycobacterium Tuberculosis isolates from pleural patients in Morocco

Nada B, Imane C, Hicham T, Reda C, Mzibri M, Fouad S, Khalid S, Laila E F, Mohamed R

Introduction: The development of the pleural form of tuberculosis is still poorly understood, particularly in quite high-endemic countries like Morocco. Genotypic studies may help understand the transmission routes of Mycobacterium tuberculosis strains in pleural TB patients.

Material and Methods: Among 156 new pleural TB cases, 28 were culture positive (17.9%). 7 distinct spoligotypes belonged to four spoligotype families: Latin-American & Mediterranean (LAM) (13/28) of the isolates, Haarlem (H) (10/28), and T group (T) (2/28), and Beijing (3/28). MIRU-VNTR typing subdivided the largest spoligotype cluster and defined a total of 3 clustered isolates.

Conclusions: Within the study limits, these proportions were similar to those found among pulmonary TB (PTB) cases in Morocco. Of note, the three (03) multi-drug (MDR) resistant isolates were Beijing type, exactly matching the 24-locus type of a major European-Russian Beijing MDR clone.

Keywords: *Mycobacterium Tuberculosis*, *Extrapulmonary-TB*, *resistance*, *spoligotyping*, *24-locus based MIRU-VNTR typing*.

R081: Caractérisation génotypique de Klebsiella pneumoniae productrice de bêta-lactamase à spectre élargi isolées en portage chez les professionnels d'abattoirs, les patients hospitalisés et le boeuf

Godonou AM, Gueye AB, Kagnissode A, Wane AA, Fall C, Salou M et Dieye Y

Introduction : *Klebsiella pneumoniae* productrice de bêta-lactamases à spectre élargi (BLSE) est un grave problème de santé publique à l'échelle mondiale. Le but de notre étude est de déterminer les gènes de résistance aux bêta-lactamines des souches de *Klebsiella pneumoniae* isolées en portage chez l'homme et les animaux par séquençage afin de détecter une possible transmission zoonotique.

Méthodes : Dix-huit souches de *Klebsiella pneumoniae* BLSE ont été analysées dont deux provenant de professionnels d'abattoirs, quinze de patients hospitalisés au CHU Sylvanus Olympio de Lomé et une de boeuf durant la période de Septembre 2019 à Juin 2020. Le séquençage du génome bactérien a été réalisé sur une plateforme MinIon.

Résultats : Les gènes blaTEM, blaSHV et blaCTX-M ont été identifiés à 94,44% chacun, blaOXA à 66,67%, blaOPK à 5,56% et blaNDM à 5,56%.

Parmi les gènes blaSHV, nous avons retrouvé blaSHV-11, blaSHV-101, blaSHV-106, blaSHV-145, blaSHV-158, blaSHV-187, blaSHV-215 et blaSHV-223. Tous les gènes blaCTX-M sont des CTX-M-15. Deux variants de blaTEM ont été trouvés : TEM-1 et TEM-35. Le gène blaOKP a été retrouvé chez la seule souche provenant des boeufs. Deux variants de blaOXA ont été trouvés : blaOXA-1 et blaOXA181. Toutes les dix-huit (18) souches possèdent des associations de gènes et au moins un plasmide.

Discussion : L'association de gènes présents chez le boeuf est retrouvée dans 7 autres souches humaines en remplaçant le gène blaSHV par le gène blaOKP (blaTEM-1 + blaCTX-M-15 + blaOXA-1 + blaOKP). Les gènes de résistance aux bêta-lactamines retrouvés chez l'animal sont retrouvés chez les humains.

Mots clés : *Klebsiella pneumoniae*, BLSE, séquençage

R082 : Caractérisation des Enterobacteries résistantes aux Cephalosporines de troisieme generation isolees de janvier a juin 2022 au CHU Kara au togo

Dossim S., Maba D., Kamassa K, Alowe D, Salou M, Prince D. M.

Introduction : Les céphalosporines de troisième génération (C3G) sont les antibiotiques les plus utilisés pour le traitement des infections dues aux entérobactéries. Des résistances sont notées en routine au laboratoire. Le but de cette étude est de pouvoir caractériser les mécanismes moléculaires en cause.

Méthodes : Il s'est agi d'une étude descriptive analytique réalisée de Janvier à Juin 2022 au laboratoire du CHU Kara. L'antibiogramme a été réalisé selon les normes du CA-SFM. La CMI au Ceftriaxone et au Ceftriaxone ont été réalisées sur les souches d'entérobactéries présentant une résistance aux C3G avec ou sans image de synergie par bandelettes E-test. La recherche du gène *ctx-m15* a été faite par PCR. La CMI Imipénème a été réalisée en cas de résistance aux carbapénèmes.

Résultats : Un total de 1007 échantillons a été réceptionné au cours des 06 mois au laboratoire. Les entérobactéries résistantes au C3G étaient 39 cependant, seules 35 souches (7 *E. cloacae*, 24 *E. coli*, 4 *K. spp*) ont été caractérisées. 30 portaient le gène *ctx-m15*. Une parmi elles présentaient une résistance aux carbapénèmes et avait une CMI Imipénème supérieur à 32. Deux souches avaient une CMI ceftriaxone entre 0,5 et 2 µg/ml Parmi les souches négatives, seule une avait une CMI de 2 et 6 respectivement pour la ceftriaxone et la ceftazidime.

Conclusion : La résistance aux céphalosporines de troisième génération est due au gène *ctx-m15* à Kara cependant un séquençage des souches reste nécessaire pour identifier les autres mécanismes.

Mots-clés : *ctx-m15* ; entérobactéries ; résistance ; Kara

R083 : Propriétés antimicrobiennes de l'extrait hydroéthanolique de Bauhinia rufescens L. et Euphorbia hirta L., Deux

plantes de la pharmacopée traditionnelle tchadienne

Emmanuel I, Adoum Fouda A, Kokou A, Ameyapoh Y

Introduction : Évaluer les propriétés antimicrobiennes des extraits hydroéthanoliques de *Bauhinia rufescens* L. et *Euphorbia hirta* L.

Méthodologie et résultats : Les extraits hydroéthanoliques de *Bauhinia rufescens* L. et *Euphorbia hirta* L., deux plantes de la pharmacopée traditionnelle tchadienne utilisées dans le traitement des diarrhées infantiles et des gastro-entérites chez l'adulte, ont été soumis à des tests *in vitro* afin de mettre en évidence leurs propriétés antibactériennes et antifongiques. La méthode de microdilution en milieu liquide couplée à un étalement sur milieu gélosé a été utilisée pour les tests. Les souches microbiennes utilisées étaient constituées de 13 souches bactériennes hospitalières et de 6 souches de référence dont une souche de levure de l'espèce *Candida albicans* ATCC 90028.

Les résultats obtenus confirment les propriétés antimicrobiennes de *Bauhinia rufescens* L. et *Euphorbia hirta* L. car à 50 mg/ml, ils inhibent à 100% la croissance des bacilles Gram positifs et Gram négatifs testés. Par contre, pour *Candida albicans* ATCC 90028, c'est uniquement l'extrait d'*Euphorbia hirta* qui était actif à 50 mg/ml.

Conclusion : Au vu de ces résultats, nous pouvons dire que ces plantes ont une activité antibactérienne et que leur utilisation en phytothérapie traditionnelle est justifiée.

Mots clés : *Bauhinia rufescens*, *Euphorbia hirta*, propriétés anti-microbiennes

R084 : Evaluation de la qualité microbiologique des aliments de volaille fabriqués dans deux communes de la Préfecture du Golfe-Lomé, Togo

Kagnissode S.A.M., Siliadin A. B. W., Ananivi K.D., Bali E., Agbonon A, Salou M.

Introduction : La production d'aliments pour volaille nécessite des mesures et conditions

d'hygiène suffisantes pour se prémunir contre les dangers et garantir le caractère propre à la consommation animale. Toutefois, la qualité des aliments destinés à la volaille se résume à des conditions sur les relations qui s'établissent entre le client et le fournisseur mais qui n'abordent jamais le problème de la contamination microbiologique. L'objectif de cette étude est d'évaluer la qualité microbiologique des aliments de volaille à Lomé.

Matériel et méthodes : Il s'est agi d'une étude transversale réalisée dans les provenderies de Lomé (Adidogomé et Agoè nyivé) au cours de laquelle les échantillons des différents types d'aliments de volaille ont été prélevés. Le protocole standard de l'examen bactériologique des aliments a été utilisé pour cette évaluation.

Résultats : Des 16 échantillons prélevés sur 10 sites, 34 souches bactériennes dont 27 souches sauvages et 07 Bactéries MultiRésistantes (BMR) ont été isolées. Sur les 07 isolats de BMR, il y avait 01 *S. aureus* PASE, 02 *E. coli* dont 01 AmpC et 01 BLSE, 03 *E. faecalis* dont 02 PLP5 et 01 ERV, et 01 *Klebsiella spp* PASE HN + Rafq 2 mut GyrA + 1 mut ParC.

Conclusion : la présence de BMR dans ces provendes est synonyme de risque pour les volailles, les éleveurs et la population. La mise en place d'un système de surveillance microbiologique des matières premières et des produits finis des aliments de volaille est nécessaire pour garantir la sécurité et la qualité desdits produits

Mots clés: *Provendes*, *volaille*, *bactéries multirésistantes*

R085 : Prolonged mass Azithromycin distribution and its impact on the gut microbiome and antibiotics resistance in Niger

Yacouba A, Mamadou S

Background: Mass antibiotic prophylaxis has effectively reduced infant mortality in sub-Saharan Africa. However, this mass distribution could disrupt the developing gut microbiota and accelerate bacterial resistance to antibiotics. **Aim**: Herein, we synthesize

evidence of the impact on antibiotic resistance and gut microbiota community composition after prolonged mass azithromycin distribution (MAD) in Niger.

Methods: An extensive literature search for original research articles was carried out up to 24 September 2022 to identify human case-controlled studies that evaluated gut microbiome and antibiotic resistance after MAD in Niger.

Results: Of the 41 studies identified through the initial database search, five met the inclusion criteria. Metagenomics profiling showed that MAD led to long-term alterations of alpha and gamma diversity. At the species level, MAD led to an increase of *Streptococcus salivarius* with an attenuation of *Actinomyces turicensis*, *Coprococcus catus*, *Achromobacter piechaudii*, *Porphyromonsa somerae*, *Campylobacter upsaliensis*, *Campylobacter hominis*, and *Phascolarctobacterium succinatutens* in gut microbiota. Metatranscriptomics analysis reveals a reduction of major pathways involved in bacterial growth and immunity/inflammation in MAD compared to placebo arms. Resistome profiling showed a significant increase in the determinant and expression of macrolide resistance genes in MAD compared to placebo arms. However, no significant differences between arms for other antibiotic classes in resistance genes determinant were seen.

Conclusion: This systematic review highlighted that azithromycin mass distribution reduces certain gut bacteria including pathogenic bacteria and selects for antibiotic resistance. The information presented in this review may be helpful to clinicians and policymakers to gain an understanding of the extant literature regarding mass azithromycin distribution in Niger.

Keywords: Mass distribution, Azithromycin, Mortality, MORDOR, Trachoma, Niger

R086: Molecular mechanisms of colistin resistance in Africa: A systematic review of literature

Olowo-okéré A, Yacouba A

Introduction: Updated and comprehensive data on the mechanism underlying colistin resistance is lacking in Africa. Herein, we aimed to review available literature on the molecular mechanisms of colistin resistance in Africa.

Methods: PubMed, Google Scholar, and African Journal online databases were searched on the 15th of January 2020 for original research articles that reported mechanisms of colistin resistance in any of the 54 African countries.

Results: Of the 1473 studies identified through initial database search, 36 met the inclusion criteria. Colistin resistance was mostly observed in *Escherichia coli* isolated from human clinical samples. Plasmid-mediated colistin resistance mechanism (26; 72.2%) was the most frequently reported resistance mechanism. About three-quarters (27; 75.0%) of the 36 studies were done in North Africa. In this zone, the mobilized colistin resistance (*mcr*) genes were mostly detected in *E. coli* harboring three plasmid types, IncHI2, IncI2, and IncX4, from animal samples (n=9; 42.8%). Of the six studies performed in Southern Africa, four reported *mcr-1* mostly detected from human samples (n=2; 50.0%) in *E. coli* isolates carrying IncHI2, IncI2, and IncX4 with a diverse range of STs. One hitherto unknown mutation, the mutation in the I527N gene was detected in colistin-resistant isolates in this region, which was absent in colistin susceptible isolates. In West and Central Africa, two and one study, respectively, reported *mcr-1* gene exclusively in *Escherichia coli* isolates.

Conclusions Transferable plasmid-mediated colistin resistance is rapidly emerging in Africa with *mcr-1* as the predominant genetic variant in human, animal, and environmental samples.

Keywords Colistin resistance, mechanisms, mobilized colistin resistance, Gram-negative bacteria, Africa

R087: *Acinetobacter kempfiae* sp. nov., *Acinetobacter mediterraneus* sp. nov., and *Acinetobacter troglodytarum* sp. nov., three ertapenem-resistant new species isolated from Chimpanzee feces

Yacouba A, Yimagou EK, Abdallah R, Dubourg G, Lagier J-C, Diatta G, Hernandez-Aguilar, Amanda B R, A^T Sokhna C, Mediannikov O, Rolain JM, Davoust B, Raoult D, Baron SA

Background: Carbapenem is an important therapy against all multiple drug-resistant Gram-negative bacteria, specifically *Acinetobacter* species. Herein, we describe three ertapenem-resistant new species isolated from chimpanzees.

Methods: We isolated three unidentified bacterial strains from three chimpanzee feces using MALDI-TOF MS. Biochemical, morphological, fatty acid, and genomics profiles were assessed to characterize these species.

Results: The colonies of Marseille-Q1618^T, Marseille-Q1620^T, and Marseille-Q1623^T had almost the same morphological aspect, namely translucent with a mean diameter of 1µm. Bacterial cells were Gram-negative for all strains. The sporulation test was negative. The genomes of the strains Marseille-Q1618^T, Marseille-Q1620^T, and Marseille-Q1623^T were 3,5 Mb, 4,08 Mb, and 3,46 Mb, respectively. Strains Marseille-Q1620^T, Marseille-Q1618^T, and Marseille-Q1623^T exhibited a 97.39%, 99.09%, and 98.83% sequence identity with *Acinetobacter baumannii* strain ATCC 19606, *Acinetobacter defluvii* strain WCHA30, and *Acinetobacter chinensis* strain WCHAc010005, respectively the phylogenetically closest species with standing in nomenclature. The digital DNA-DNA hybridization of strains Marseille-Q1620^T, Marseille-Q1618^T, and Marseille-Q1623^T were 21.10%, 42.60%, and 22.80% with *A. baumannii*, *A. defluvii*, and *A. chinensis*, respectively. The phylogenetic tree based on the Genome-to-Genome distance showed that the strains Marseille-Q1620^T and *A. baumannii*, Marseille-Q1618^T and *A. defluvii*, and strain Marseille-Q1623^T and *A. chinensis*, belonged to distinct species.

Conclusion: Taken together, these results clearly demonstrate that these three strains represent a new species within the genus *Acinetobacter*. We consequently propose strains Marseille-Q1620^T, Marseille-Q1618^T,

and Marseille-Q1623^T as type strains of *Acinetobacter mediterraneus* sp. nov., *Acinetobacter kempfiae* sp. nov. and *Acinetobacter troglodytidis* sp. nov., respectively. Our findings confirm that antibiotic resistance evolved in environmental bacteria in the absence of human inputs.

Keywords: *Culturomics*; *taxono-genomics*; *Acinetobacter mediterraneus*; *Acinetobacter kempfiae*.; *Acinetobacter troglodytidis*; *Chimpanzee*

R088: Examens cyto bactériologiques des urines réalisés à l'Hôpital National Amirou Boubacar Diallo : bilan du 1er Janvier au 30 Juin 2022.

Abdourahamane Y, Alhousseini D, Abass I, Adjagodo G, Eric A, Mamadou S

Introduction : L'ECBU représente le 1er examen microbiologique le plus demandé. Il permet de poser le diagnostic des infections du tractus urinaire (ITU). L'objectif de ce travail était de déterminer le profil bactériologique et la sensibilité aux antibiotiques des germes uropathogènes isolés à l'HNABD du 1er Janvier au 30 Juin 2022.

Méthodologie : Il s'agissait d'une étude prospective de 6 mois allant du 1er Janvier au 30 Juin 2022, ayant permis de colliger 1739 examens cyto bactériologiques des urines (ECBU) réalisés au Laboratoire de Biologie Médicale de l'HNABD.

Résultats : Les patients du sexe masculin étaient prédominants avec un sex ratio de 2,16 ainsi que l'âge compris entre 45 et 60ans. Les espèces bactériennes isolées étaient majoritairement des entérobactéries dont essentiellement *E. coli* à hauteur de 35,29%. Le phénomène de la résistance des bactéries aux antibiotiques s'accroît. Ainsi, seuls, les aminosides (amikacine : 78,4% ; gentamycine : 55,22% et nétilmicine : 100%), l'imipénème (96,23%) et la nitrofurantoïne (89,74 %) avaient globalement une activité satisfaisante sur les souches d'*E. coli*. Les Céphalosporines et les fluoroquinolones étaient moyennement

efficaces sur ces espèces. Enfin nous avons constaté une résistance vis-à-vis des pénicillines. 6,67% des souches d'*E. coli* seulement étaient sensibles à l'amoxicilline et 14,88% à l'association amoxicilline-acide clavulanique et 14,29% à la Ticarcilline.

Mots clés : *ECBU, Antibiotique, Infection Tractus Urinaire*

R089 : Antibiotic susceptibility profile of germs responsible for nosocomial infections in the surgical and intensive care units of the military hospital region n° 1, Cameroon

Ayangma CR, Voundi EV, Mandah DM, H.A-Kabir, S. F. Kona SF, Djoubairou BO, Medi CS, Kemajou B, Hamadou, Guy Ngaba

Introduction: Antimicrobial resistance is a real public health threat. The general objective of our study was to identify the germs associated with nosocomial infections and to study the antimicrobial susceptibility profile.

Methodology: We conducted a cross-sectional analytical study in the surgical and intensive care units of the Number 1 Military Regional Hospital. The susceptibility study was done according to the CA-SFM guidelines. To determine the factors associated with nosocomial infection, a multivariate analysis was performed by logistic regression. The strength of the association was measured using the Odds Ratio (OR) and its 95% confidence interval (95% CI).

Results: A total of 15 of 83 patients had a nosocomial infection (18.1%). ASA 3 (OR [95% CI]=15.65 [2.53-138.80]), ASA 1 (OR [95% CI]=0.11 [0.02- 0.46]), dirty surgery (OR [95% CI]=2.88 [0.31-22.20]), absence of comorbidities (OR [95% CI]=0.23 [0.07-0.72]) and diabetes (OR [95% CI]=31.16 [3.87-805.55]) were associated with nosocomial infection ($p<0.05$). *Escherichia coli* (4; 23.5%) and *Pseudomonas aeruginosa* (3; 17.6%) were the most isolated. Strains showed better sensitivity to fosfomycin, chloramphenicol and levofloxacin. *Candida* sp strains were sensitive to the antifungal agents tested.

Conclusion: A low rate of sensitivity to the tested antibiotics was observed. Regular

monitoring of the sensitivity profile of germs responsible for nosocomial infections seems to be imperative in the fight against AMR.

Key words: *antimicrobial resistance, prevalence, nosocomial infection, military hospital, Cameroon*

R090: Antibiotic resistance and virulence genes analysis of clinical isolates of *Escherichia coli* from Buea, Cameroon

Jerome Kfusi Achah, Seraphine Nkie Esemu, Fabrice Tangi Fongwa, Roland Ndip Ndip and Lucy Mande Ndip

Introduction : Pathogenic *Escherichia coli* (*E. coli*) causes a spectrum ranging from gastrointestinal disorders to extraintestinal diseases. The presence of particular virulence factors and antibiotic resistance in *E. coli* probably increases the pathogenicity and the severity of infection with the possibility of therapy failure.

Methods: This study analysed clinical isolates of *E. coli* to determine their virulence and antibiotic resistance profiles and evaluated the association between antibiotic resistance and virulence factor.

Results: A total of 244 presumptive *E. coli* isolates were recovered by culture from 352 stool samples of patients with gastrointestinal disorders collected in Buea. Isolates were further confirmed as *E. coli* using phenotypic, biochemical and molecular methods. All presumptive *E. coli* isolates were screened by PCR for the presence of 22 virulence genes: *pai, fimH, afa, Ibe, papE, papC, nfaE, bMaE, eaeA, cfn, stx1, stx2, hlyA, cdt, est, elt, KpsII, rfc, iutA, colv, chuA* and *ire*. Out of the 244 isolates, 178(73.0%) possessed at least one virulence gene. The antibiotic profile of 80 selected *E. coli* isolates (40 isolates with at least one virulence gene and 40 with no virulence genes) revealed a general resistance of 48% and susceptibility of 41%. Isolates with virulence genes showed more resistance (61.5%) than isolates with no virulence gene (33.7%). High resistance was observed with amoxicillin (81.3%), while gentamycin exhibited the highest (91.3%) activity on the isolates. Concurrent resistance for metronidazole and

amoxicillin was observed in all (100%) with virulent genes and 70% of the isolates without virulent genes. Pearson's correlation coefficient revealed a highly significant positive correlation ($r(80) = .635$, $P = .000$) between the presence of virulence genes and antibiotic resistance.

Conclusion: Although antibiotic resistance encompasses an interplay of many factors and mechanisms, this study suggests that virulence genes in *E. coli* could contribute to antibiotic resistance.

Key Words: *E. coli*, Virulence genes, and Antimicrobial resistance,

R091: Evaluation de l'activité antibactérienne des extraits de *Arthrospira platensis* sur des bactéries habituellement multi-résistantes

Signe S W, Assiene S, Fosso S, Gonsu H

Introduction : Les limites que présente l'antibiothérapie face à l'émergence des bactéries multi-résistantes (BMR) représentent un véritable problème de santé publique sur le plan international et a inspiré la recherche de nouvelles stratégies thérapeutiques. De part de nombreux travaux, *Arthrospira platensis* en plus de ses multiples propriétés, présenterait une activité antibactérienne. L'objectif de ce travail était d'évaluer l'activité antibactérienne de différents extraits d'*Arthrospira platensis* sur les souches multi-résistantes d'*Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa* et *Staphylococcus aureus*.

Méthodologie : L'évaluation de l'activité antibactérienne des extraits aqueux, éthanoliques et de l'huile essentielle consistait à mesurer les diamètres des zones d'inhibition par la méthode de diffusion en milieu solide encore appelé aromatoگرامme et les concentrations minimales inhibitrices (CMI) par la méthode de micro-dilution en milieu liquide. Ces tests ont été effectués sur des souches cliniques multi-résistantes d'*Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa* et *Staphylococcus aureus* isolées et conservées au Centre Hospitalier et Universitaire de Yaoundé.

Résultats et Discussion : Les résultats obtenus montraient que l'extrait aqueux avait une meilleure activité avec une CMI moyenne de 7,083 mg/ml, suivi de l'extrait éthanolique avec une CMI moyenne de 15,208 mg/ml. L'huile essentielle présentait les plus faibles activités avec une CMI moyenne de 18,333 mg/ml. Les antibiotiques de référence présentaient des CMI allant de 0,00024 mg/ml à 0,0078 mg/ml. Les différents extraits d'*Arthrospira platensis* présentaient une activité bactéricide à forte concentration sur les souches multi-résistantes d'*Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa* et *Staphylococcus aureus*.

Mots clés : *Activité antibactérienne, Arthrospira platensis, Bactéries multi-résistantes*

R092: Utilisation des données du laboratoire de bactériologie pour guider les prescriptions d'antibiotiques en milieu hospitalier : expérience de l'hôpital général de Yaoundé

Ngogang MP, Nkoth AF, Ekoume P, Ngaleu W, Mfouapon H, Enoka M, Ongo'o Y, Voundi E, Nana P, Fonkoua MC, Mouiche M, Toukam M, Mbopi FX

Introduction : La résistance aux antimicrobiens est un problème de santé publique majeur avec un impact considérable pour les pays à faible revenu. En milieu hospitalier, les prescriptions inappropriées d'antibiotiques peuvent entraîner une augmentation de la morbidité et des hospitalisations prolongées. Notre étude visait à évaluer comment les données recueillies au laboratoire pourraient guider et améliorer les pratiques des prescripteurs.

Méthodologie : Les données mensuelles collectées de janvier 2020 à décembre 2021 via le logiciel WHONET du laboratoire ont été compilées et analysées. Les habitudes de prescription ont été recueillies à l'aide d'un questionnaire et les résultats conjoints du laboratoire et des prescripteurs ont été présentés.

Résultats : Sur 2247 échantillons reçus, 660 (29,3%) cultures positives ont été enregistrées.

Les bactéries à Gram négatif et plus particulièrement *Escherichia coli* et *Klebsiella pneumoniae* ont été les plus fréquemment isolées (respectivement 28,8 et 20,8 %). L'analyse des résultats des antibiogrammes a relevé des taux de résistance élevés aux β lactamines, classe qui était au contraire celle la plus prescrite pour le traitement empirique de différentes infections. Une faible résistance a été observée aux carbapénèmes. Les données compilées ont été restituées aux prescripteurs dans l'optique d'adapter les prescriptions aux profils observés au laboratoire.

Discussion : L'analyse rétrospective des profils obtenus à partir des antibiogrammes peut guider les prescriptions au sein des formations hospitalières. Cependant, ceci est fortement tributaire d'une bonne tenue des dossiers, de l'harmonisation des pratiques au laboratoire et d'un dialogue constant entre les cliniciens et les biologistes.

R093 : Résistance aux antibiotiques des isolats cliniques d'entérobactéries dans un hôpital de 2^{ème} catégorie à Douala (Cameroun)

Grâce Colette Dalle Ngondi, Josiane Essola, Jean-Pierre Nda Mefo'o, Médi Sike Christiane, Bertrand Eyoum , Cécile Okalla Ebongue

Introduction: Les entérobactéries sont responsables des infections les plus fréquentes chez l'Homme. Elles sont résistantes à plusieurs familles d'antibiotiques d'où l'importance d'une surveillance régulière.

Méthodes: Nous avons mené une étude transversale à l'Hôpital Laquintinie de Douala de janvier à mai 2022. Toutes les souches d'entérobactéries provenant des isolats cliniques quel que soit l'origine du prélèvement ont été incluses à l'exception des souches considérées comme contaminants. L'identification s'est faite à l'aide du Vitek²Compact et l'antibiogramme par la méthode de dilution. L'interprétation des résultats s'est faite selon les recommandations du CA-SFM.

Résultats : Au total 211 souches ont été isolées, le sexe féminin (59%) et la tranche

d'âge de 21 à 40 ans (38,9%) étaient les plus représentés. Les souches provenaient majoritairement des urines (76,6%) suivies des pus (19,9%). Les espèces isolées étaient *E coli* (50,7 %), *Klebsiella spp* (26,5 %), *Enterobacter spp* (11,3 %) ainsi que d'autres enterobactéries ré-émergentes comme *Raoultella ornithinolytica* (2,4%). Le taux de résistance global était de 64,9%, 32,7%, 39,8% 16,5% et 5,7% pour l'association amoxicilline-acide-clavulanique, les céphalosporines de 3^e génération, la gentamicine l'amikacine et l'Imipenème respectivement. Les souches d'*E. coli* majoritaires chez les 0-15 ans étaient toutes résistantes à l'amoxicilline-acide clavulanique et dans 43% des cas aux Céphalosporines de 3^e génération. Les souches multirésistantes ont été isolées dans 17,5% des cas.

Conclusion : La résistance à l'association amoxicilline-acide clavulanique était constante. En revanche, l'imipenème et l'amikacine étaient actifs sur les entérobactéries.

Mots clé : Entérobactéries, antibio-résistance, Hôpital Laquintinie

R094: Etat des lieux de la résistance aux antibiotiques des germes isolés des prélèvements urinaires à l'hôpital de district de Logbaba dans la ville de Douala

Siege R. F, Kouemo F. D, Tiemeny G, Tseyep C, Patipewe D, Mene C.

Introduction : L'infection urinaire (IU) est selon l'Organisation Mondiale de la Santé l'une des affections les plus courantes au monde et la prédominance des colibacilles, fait d'elle une infection particulièrement concernée par le phénomène d'antibiorésistance.

Méthodes: Nous avons réalisé une étude descriptive rétrospective des prélèvements urinaires collectés de Septembre 2021 à Août 2022 dans le laboratoire de Bactériologie de l'Hôpital de District de Logbaba qui est une structure sanitaire publique de la ville de Douala au Cameroun. Ont été inclus tous les prélèvements urinaires avec réalisation des antibiogrammes. L'analyse descriptive des

données enregistrées a été réalisée à l'aide de SPSS version 20.0.

Résultats et Discussion : Des 618 échantillons collectés, le sexe féminin était majoritairement représenté 335(54.2%). Nous avons obtenu 157 cas d'infection urinaire soit une prévalence de 25,4% avec une prédominance de Klebsiella Spp 65(44,54%) suivi de Escherichia coli 28(19,1%). L'étude de la sensibilité aux antibiotiques montre une résistance élevée aux pénicillines associées ou non aux inhibiteurs et une bonne sensibilité pour les aminosides (Amikacine) et les carbapénèmes (Imipénème). Conclusion : L'infection urinaire reste un problème majeur de santé publique au Cameroun. La prévalence élevée de l'IU ainsi que celle de la résistance des germes isolés aux antimicrobiens, trouvée dans cette étude, justifie la nécessité de réviser les traitements de première intention et surtout celle de la mise en place des stratégies de surveillance de ces résistances avec des points focaux dans les structures sanitaires.

Mots clés : *Germes isolés, Antibiotiques, Infection urinaire, Antibiorésistance, Douala*

R095 : Emergence des bactéries hautement résistantes aux antibiotiques dans un hôpital public à Douala (Cameroun)

Mengue ER, Nda Mefo'o JP, Ndom Ntock F, Ngo Malabo E, Akono Ndi C, Metogo Mbengono J, Namme Luma H, Okalla Ebongue C

Introduction : La résistance aux antibiotiques est un problème de santé majeur dans le monde. On observe l'émergence des bactéries hautement résistantes notamment en soins intensifs.

Méthodologie: Il s'agit d'une étude transversale sur une période de six mois (mai-octobre 2022) à l'hôpital Général de Douala. Les souches isolées des prélèvements provenant des services et des malades externes et présentant une multirésistance aux antibiotiques ont été incluses. L'identification et l'antibiogramme ont été réalisés selon les méthodes conventionnelles sur Vitek2Compact15 (bioMérieux) et les résultats

interprétés suivant les recommandations du CA-SFM.

Résultats: Au total 131 souches ont été retenues sur 619 dossiers reçus ; dont 49,6% isolées des prélèvements des malades externes et 29% d'examen d'urine. Le service d'hospitalisation le plus touché était l'unité des grands brûlés (15,5%). Les patients étaient en majorité des adultes (31-60 ans) de sexe masculin (54,2%), les enfants de 0-15 ans représentaient 4% de l'effectif. Les entérobactéries ont été retrouvées dans 66,4% de l'ensemble (Klebsiella spp 26,2% ; E. coli 22,1%) et les non fermentaires 15%. Un taux de résistance élevé a été observé vis à vis des molécules habituellement actives (Imipénem 44%, Amikacine 40,5%, fosfomicine 32,8%). Une résistance totale a été observée pour la pipéracilline et l'oxacilline ; 14% des souches étaient résistantes à tous les antibiotiques testés dont 1/3 de patients externes.

Conclusion: La fréquence des bactéries hautement résistantes aux antibiotiques est élevée, avec apparition d'un fort taux de germes pour lesquels il n'y a aucun traitement y compris chez les malades ambulatoires.

Mots clés: bactéries hautement résistantes, Hôpital Public, Douala

R096: Prevalence and antibiotics resistance profile of Coagulase –negative Staphylococci from chickens in Yaoundé Markets, Cameroon.

Bughe R.N, Mougou E.F.V, Mbi O.V, Nji A.M, Takoundjou C.K.A, Dongmo M, Gamgne P, Efundem C.E, Mbacham W.F.

Introduction: Coagulase-Negative Staphylococci (CoNS) are often considered as commensal in human, animals, and environment, and are aetiology of opportunistic infection in human and animals, have developed antimicrobial resistance. The objective is to determine the prevalence and antibiotics resistance profile of CoNS from boilers and layers chickens from markets in Yaoundé.

Methodology: 38 healthy live chickens from three markets were euthanized in the

laboratory, liver, intestines, toes-claw, cloaca and pharyngo-trachea samples were collected. Bacteria were identified by automated method using Gram positive in vitro test kit cards of VITEK® 2 compact system. Antibiotics Susceptibility Testing was by the same system using AST-P580 test cards (BioMerieux, France).

Results/Discussion: Overall prevalence of 20.53% (39/190) of coagulase-negative Staphylococci was recorded. The distribution of CoNS prevalence in anatomical sites was as follows: cloaca (43.6%), intestines (28.2%), pharyngo-trachea (12.8%), toes-claw (12.8%), and liver (2.6%). CoNS species prevalence were 79.5% (*Staphylococcus sciuri*), 10.2% (*S. cohnii* spp.urealyticus), 7.7% (*S. equorum*) and 2.6% (*S. klossi*). Resistance to antibiotics of *S. sciuri* was: Inducible clindamycin resistance (25.8%), Fusidic acid (19.35%), Moxifloxacin (16.12%), Clindamycin (12.9%) and Oxacillin (6.45%). *S. cohnii* spp. urealyticus recorded 100% resistance to Tetracycline and Cefoxitin screen, Trimethoprim-sulfamethoxazole (75%), Oxacillin and Fusidic acid (25%). Multi-drugs resistance patterns were equally recorded in some strains of *S. sciuri* and *S. cohnii* spp. urealyticus. Conclusion: The results reveal that chickens in Yaoundé markets harbour high prevalence of CoNS (*S. cohnii* spp. urealyticus) and some CoNS expressed antibiotics resistance. Thus, CoNS may serve as reservoirs of resistance genes that can be transmitted to other pathogens.

Keywords: *Coagulase-Negative Staphylococci, Antibiotics resistance, Chicken, Yaoundé*

R097: Phenotypic and Genotypic Characterization of *Staphylococcus aureus* isolated from Bovine Mastitis cases in the North West Region of Cameroon

Nya'nying SF, Tanih NF, Ndip LM Bessong PO, Nkie SE, Smith SI, Ndip RN.

Introduction: *Staphylococcus aureus* has been incriminated in cases of bovine mastitis and remains a major pathogen affecting human health. The emergence and spread of

methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) has become a significant public health concern. The study characterized *S. aureus* isolates from cases of bovine mastitis in the North West Region of Cameroon by determining the prevalence, potential virulence markers and the *mecA* gene to track MRSA.

Method: *S. aureus* isolates were recovered from raw milk samples collected from mastitis cases using standard microbiological and biochemical techniques and further confirmed by conventional PCR. Antimicrobial susceptibility testing was carried out by the disc diffusion and macro broth dilution technique to determine the minimum inhibitory concentration (MIC).

Result. The prevalence of *S. aureus* was 67% (201/300) with some of the isolates possessing the *coa* (58.2%), *spa* (52.2%) and *nuc* (100%) genes, respectively. The *mecA* gene was amplified in 31.3% of the isolates. Marked susceptibility (100%) was obtained for gentamycin, while the least susceptibility (29.9%) was observed for trimethoprim. Over 22% of the isolates were susceptible to all the antibiotics used while 29.9% of the isolates showed multidrug resistance, with the antibiotypes $TMP^R OXA^R$ and $ERY^R TMP^R$ being the most predominant with prevalence of 7.5% and 6.0%, respectively. The overall MIC ranged from 0.5-32 mg/L.

Conclusion and Recommendation: The detection of potentially virulent *S. aureus* strains with multi-drug resistant phenotypes in raw milk from cows with mastitis, demonstrates the likelihood of its wide distribution in raw milk and therefore of public health significance. We recommend proper pasteurization of milk prior to consumption

Keywords: *Bovine mastitis; Staphylococcus aureus; Antibiotic Resistance; Cameroon*

R098: Prevalence of brucellosis in stray dogs and antimicrobial profile of *Brucella* spp. in the North, Far-North and West regions of Cameroon.

Kougang Esther G., Wade Abel, Kwetche Fotsing P.R., Laine Christopher G., Arenas-Gamboa A.M.

Introduction: Brucellosis is a major public health concern leading to critical economic losses in livestock animals. However, the epidemiology for humans and animals remains largely unknown in many countries with Cameroon being a typical example. The study aimed at investigating the role of stray dogs in the spread of brucellosis in three regions (North, Far North and West) of Cameroon.

Methodology: The cross-sectional study was conducted in National Veterinary Laboratory (LANAVET) from July 2020 to February 2021. Sera and tissues (liver, spleen, uterus, lymph nodes, testis) were collected on 208 animals consecutively during the study period. Sera were analyzed by serological tests (RBT, RSAT, 2ME-RSAT) and tissues by culture and isolation using Farrell's media followed by conventional PCR. Suspicious colonies of *Brucella* spp were confirmed by real-time PCR. The antimicrobial susceptibility test was carried out by the disk diffusion method. Each method was carried out according to their specific standard protocol.

Results/Discussion: The global seroprevalence rate was 10.12%, while molecular prevalence was 1%. Moreover, *Brucella abortus* was the specie identified in positive specimens. This strain shown resistance against Streptomycin, Erythromycin, Tetracyclin, Chloramphenicol, Rifampicin; and sensitivity against Ciprofloxacin.

Conclusion: This study allowed us to support the hypothesis that stray dogs could play a major role in the dissemination of multidrug-resistant *Brucella* strains in the environment; therefore, increase the risk of humans and other animal species contamination. The extending brucellosis prevention policy in Cameroon through diagnostic strategies, surveillance, could be a successful experience.

Keywords: *Brucella* spp., Brucellosis, Zoonosis, resistant bacteria.

R099: Antimicrobial susceptibility patterns of *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* and *Candida* spp. in patients with clinical presentation of a urinary tract infection in Yaounde, Cameroon

Laure Ngando, Leopold Mbous Nguimbus, Alice Ghislaine Ndoumba Afouba, Massongo Massongo, Thérèse Nkoa

Introduction: Urinary tract infections (UTIs), which are most often caused by *Escherichia coli* (*E. coli*), *Klebsiella pneumoniae* (*K. pneumoniae*) and *Candida* species (*Candida* spp.), have until now been a health problem throughout the world, particularly in developing countries. Moreover, with the growing increase in antibiotic resistance in recent years, the treatment of these infections is becoming increasingly difficult. The aim of this study was to present the prevalence of *E. coli*, *K. pneumoniae* and *Candida* spp. in UTIs, look for the association between the previous species responsible for these infections with age and sex, to present the patterns of antimicrobial resistance and the evolution of these resistances during the study period.

Methods: This was a retrospective study that took place from January 04, 2010 to November 27, 2019 in Yaounde, capital of the Central region in the Centre Pasteur of Cameroon. After the collection of urine samples, the laboratory analyses included macroscopic examination, culture on cystine lactose electrolyte deficient (CLED) medium by the semi-quantitative technique, incubation in an oven at 37°C between 18 and 24 hours and the carrying out of the antimicrobial sensitivity test by the diffusion method and the use of the Vitek 2-Compact device.

Results and discussion: Antimicrobial susceptibility testing showed that *E. coli* and *K. pneumoniae* were particularly resistant to antibiotics of the penicillin family with higher resistance to ticarcillin (86.1% and 98.0% respectively for *E. coli* and *K. pneumoniae*). *Candida* species were highly sensitive to most of the antifungal agents tested.

Keywords: Urinary tract infections, *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Candida* spp. antimicrobial resistance, continuous surveillance

R100: Portage vaginal et profil de sensibilité aux antibiotiques du streptocoque du

groupe B chez les femmes enceintes dépistées au Centre Pasteur du Cameroun

Ngome MR, Belinga S, Mbanzouen W, Tagne L, Abanda M, Sokeng E, Noubissi L, Ango M et Nzouankeu A

Introduction: Le streptocoques de groupe B (SGB) est impliqué dans les infections materno-fœtales, les septicémies et les méningites du nouveau-né. L'objectif de cette étude était de déterminer la prévalence des SGB chez les femmes enceintes et de ressortir leurs profils de sensibilité aux antibiotiques.

Méthodologie: Il s'agissait d'une étude rétrospective sur 10 ans effectué du 10 Janvier 2010 au 30 Juillet 2021 au laboratoire de Bactériologie du Centre Pasteur de Cameroun (CPC). Le prélèvement des femmes enceintes était réalisé par écouvillonnage vaginal entre la 30^{ème} et 38^{ème} Semaines d'Aménorrhées (SA), ensemencés sur gélose au sang incubé à 37⁰ C sous CO₂ pendant 24 à 48H. L'identification et l'antibiogramme des colonies suspectes (β -hémolytique) était effectuée sur l'automate Vitek2 Compact.

Résultats: Sur les 12 636 PCV prélèvements analysés, 436 étaient positifs, soit une prévalence de 3,4%. Les souches de SGB isolées présentaient une sensibilité de 96,9% à la pénicilline G, 99,8% à l'ampicilline et 98,4% à la céfotaxime. Par ailleurs, nous avons noté une résistance à l'érythromycine, la clindamycine respectivement de 24,6% et 18,7% et une résistance de haut niveau à la gentamicine (8,7%).

Discussion: cette étude a montré contrairement aux données décrites par Mve Koh et coll une prévalence basse. Les taux de sensibilité aux bêta-lactamines et de résistance aux macrolides corroborent avec les données de Loulergue et coll. les souches restent sensibles aux molécules recommandées pour l'antibiothérapie per-partum à l'exception de l'érythromycine qui présente un taux de résistance de 24.6% d'où l'intérêt de réaliser un antibiogramme avant tout traitement.

Mots clés : *Femme enceinte, SGB, Profil de résistance.*

R101 : Profil de résistance des souches de *Neisseria gonorrhoeae* isolées au Centre Pasteur du Cameroun de 2017 à 2022

Ngome MR, Belinga S, Mbanzouen W, Tagne L, Simo P, Abanda M, Sokeng E, Noubissi L, Ango M, Nzouankeu A

Introduction: *Neisseria gonorrhoeae* (NG) est responsable chez l'Homme de la gonorrhée, deuxième infection sexuellement transmissible bactérienne au monde qui a un impact sur le risque de stérilité. L'objectif de cette étude est de déterminer le profil de résistance de NG.

Méthodes: Il s'agissait d'une étude transversale, retro prospective et analytique effectuée sur 6 ans au laboratoire de Bactériologie du Centre Pasteur du Cameroun (CPC). Les prélèvements génitaux ont été obtenus à l'aide d'écouvillons stériles. Les échantillons ont été ensemencés sur gélose sélective et incubé sous CO₂ pendant 24 à 48 heures. L'identification des colonies suspectes a été confirmée par les caractéristiques spécifiques sur API NH ou Vitek MS. Les recommandations du CA-SFM en vigueur ont été utilisées pour déterminer le profil de résistance.

Résultats : Parmi les 375 positifs, 231 correspond à des patients de sexe féminin. La microbiologie a montré que des isolats étaient résistants à la pénicilline G, la ciprofloxacine et à la tétracycline respectivement à 70,78%, 81,73% et 60,50%. Toutes les souches étaient sensibles à la ceftriaxone, la céfixime, la spectinomycine, chloramphénicol et à l'azithromycine, respectivement à 98,91%, 98,33%, 96,92%, 98,03 % et 97,45%.

Discussion: Cette étude a montré que contrairement aux données décrites par Crucitti et coll, les femmes étaient les plus infectées par le NG. Les taux de résistances élevés à la penicilline, la tétracycline et à la ciprofloxacine corroborent avec ceux décrits par la même équipe. La ceftriaxone, la céfixime et l'azithromycine demeurent actives. Toutefois la surveillance de la résistance de NG serait indispensable.

Mots clés : *Neisseria gonorrhoeae, résistance aux antimicrobiens, Cameroun*

R102 : Genetic diversity of Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolates circulating in the Fako Division of the Southwest region of Cameroon.

Nene Kaah Keneh, Tendongfor Nicholas, Esemu Seraphine Nkie, Lucy Mande Ndip

Introduction: Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) is an established multi-drug resistant nosocomial pathogen. It appeared in the community and is now appearing in livestock. The resistance to methicillin and other β -lactam antibiotics is coded by the *mecA* gene, situated on a mobile genetic element, the SCCmec. This study aimed to determine the prevalence, antibiotic susceptibility patterns, and genetic diversity of MRSA strains circulating in the Fako division, Cameroon.

Method: A total of 1702 samples were collected from patients, students and meat handlers and their associated fomites. Samples were analysed for the presence of *S. aureus* by microbiological and molecular techniques. Molecular characterisation was performed through *mecA*, *pvl* genes screening, and SCCmec typing. The MRSA strains were exposed to commonly used antibiotics using the Kirby-Bauer disk diffusion method.

Results and Discussion: A total of 244 presumptive *S. aureus* were identified; 70.9% (173/244) had *nuc* gene (confirmed *S. aureus*). 34.1% (59/173) revealed the presence of *mecA* and 18.6.4% (11/59) *pvl* gene. Antibiotic profiling showed linezolid was the most active drug (94.9%), followed by meropenem (91.5%) and penicillin was the least (0.0%), followed by oxacillin (27.1%), and tetracycline (47.5%). Multi-drug resistance was exhibited by 40 isolates comprising 34 phenotypic profiles, 16 HA, 14 LA and four CA. SCCmec typing showed that type IV (55.0%) was most prevalent, with a higher prevalence in hospitals.

Conclusion: The study revealed most MRSA circulating in Fako are multi-drug resistant and multi-sectorial. Implementing the one health approach to prevent and fight MRSA is necessary to overcome this public health challenge.

Keywords: SCCmec (*staphylococcal cassette chromosome mec*), HA (*Hospital-associated*), CA (*Community-associated*), LA (*Livestock-associated*), MDR (*Multi-drug resistant*).

R103: Comparison of environmental and clinical isolates of *E. coli* pathotypes from selected sites in the southwest region of Cameroon

Achah Jerome Kfusi, Seraphine Nkie Esemu, Ndip Roland Ndip, Lucy Mande Ndip.

Introduction: Pathogenic *Escherichia coli* causes a disease spectrum ranging from gastroenteritis, urinary tract infections, and neonatal meningitis. In rarer cases, virulent strains are also responsible for haemolytic-uremic syndrome, peritonitis, mastitis, septicemia, and Gram-negative pneumonia. *E. coli* cause diseases in humans that result from the consumption of food and water contaminated with faeces of infected animals and/or humans. This work set out to compare virulence and antibiotic patterns of *E. coli* isolates from environmental and clinical sources in the South West Region of Cameroon in a bit to highlight the threat posed to human health

Method: A total of 104 isolates, comprising 60 from clinical and 44 from environmental sources, were revived from storage in 50% glycerol at -20 0C. The isolates were screened by PCR to determine pathogenic strains and additional virulence genes (*stx 1*, *stx 2*, and *eaeA*) were determined. Hemolytic activity on blood agar and antibiotic susceptibility patterns were established.

Results: Out of the 104 isolates screened, thirty six (34.6 %) were detected as pathogenic and characterised as ETEC, EPEC, and EHEC. Analysis for the presence of more virulence genes (*Stx 1*, *Stx 2*, and *eaeA*), revealed that 63.9 % (23/36) of the isolates had at least one of these genes. Fifty percent haemolytic activity was observed for the 36 pathogenic Isolates. The antibiotic susceptibility testing revealed that ampicillin and cotrimoxazole resistance (66.7%), were the highest widespread resistance recorded among the Isolates in this

study. The drugs with least activity (0.0 %) were tetracycline for clinical and cotrimoxazole for environmental isolates. Multidrug resistance was equally recorded in both clinical and environmental sources.

Conclusion

In conclusion, pathogenic *E. coli* from the environment and humans possess similar characteristics in this region. We therefore recommend massive sensitisation on the existence and threat of *E. coli* in this region.

Key words: *E. coli*, virulence, antibiotics, environmental and clinical

R104: Dynamique de résistance des bactéries prioritaires pour la surveillance de la résistance aux antimicrobiens en 2021 au Cameroun

Tseuko Dorine, Boade Laetitia, Tonmeu Sandrine, Awouma Alphonse, Mouchie Mouhamed Mocktar, Samuel Besong, Marie-Claire Okomo.

Introduction : La résistance aux antimicrobiens (RAM) constitue une menace croissante pour la santé et compromet le développement de la population. Le Cameroun a mis en place en 2021 un système pilote de surveillance de la RAM en santé humaine et animale afin d'évaluer la dynamique de résistances des bactéries prioritaires

Methodologie : Les données sur les profils de résistance des bactéries prioritaires ont été collectées de Janvier à Décembre dans 8 sites sentinelles pilotes de la surveillance de la RAM au Cameroun (6 en santé humaine et 2 en santé animale) en 2021.

Resultats : En santé humaine, 18261 échantillons ont été analysés pour 1521 agents pathogènes prioritaires isolés. Les isolats d'urines, de sang et de pus d'*Escherichia coli* ont montré une résistance de plus de 65% aux pénicillines et de 50% aux céphalosporines de 3^{ème} génération. En santé animale, 1286 échantillons provenant de diverses espèces ont été analysés, pour 228 agents pathogènes prioritaires isolés. On note une faible résistance aux carbapénèmes, aux céphalosporines de 3^{ème} et aux Fluoroquinolones pour l'ensemble des isolats en santé animale.

Conclusion : L'observation de l'accroissement de la résistance de certains germes prioritaires aux antibiotiques en santé humaine et en santé animale, montre l'importance de la collecte de ces données pour améliorer les guides thérapeutiques et la sensibilisation des prescripteurs.

Mots clés : *Dynamique, Germes prioritaires, Surveillance, RAM.*

R105 : Risk Factors Associated with Pseudomonas aeruginosa Infections and Resistance Phenotypes in Three Referral Hospitals in Yaoundé

Napa Tchuedji Y L G, Gonsu K H, Takougang I,

Introduction: Healthcare-associated infections are a major concern for the safety of healthcare personnel, patients and visitors. Among the germs implicated figure *Pseudomonas aeruginosa* a pathogen responsible for approximately 9% of infections in Europe, 10.9% in Africa, occupying the fourth position of pathogens the most common in European hospitals and the third position in Africa. The objective of this work was to determine the factors associated with *Pseudomonas aeruginosa* infections in three reference hospitals of Yaounde.

Methods: A cross-sectional descriptive study was carried out from September 30 to November 15, 2021 in three reference hospitals of Yaounde. The data collected focused on experiences related to exposure to biological fluids and the level of compliance with standard precautions (SP). Samples were taken from care environment. Microbiological cultures were performed and resistance phenotypes were determined by the disk diffusion method.

Results and discussion: Of the 112 personnel who participated in this study, 68.75% declared having been the victim of exposure to biological fluids during the last 12 months. Around 70% of staff declared that they respected the SP.

The reasons given for non-compliance with SP were the urgency of the care (46.75%), the non-availability of personal protective equipment (46%), forgetfulness (45.2%) and lack of

knowledge (23%). Most of the strains isolated (76.7%) from healthcare environment showed carbapenemases and Extended Spectrum Betalactamases. The lack of respect for the SP and the germs isolated on the supports of the care environment indicate a high potential risk of health facilities for the dissemination of resistant strains.

Keywords: *Risk Factors, Infections, Resistance Phenotypes, Standard Precautions*

R106: Virulence and antimicrobial susceptibility profiling of *Staphylococcus aureus* from meat and raw milk samples from Douala, Cameroon and investigation of the knowledge, attitude and practices of food handlers on food safety

Akoachere Jane-Francis TK, Achuo Cyprian E and Dilonga Henry M.

Introduction: *Staphylococcus aureus* (SA), a commensal of the skin of humans and animals, is a common cause of food poisoning outbreak worldwide. In Cameroon, very few studies have investigated SA in food. This study characterized SA from raw and ready-to-eat foods in Douala-Cameroon, investigated its virulence potential and antibiotic susceptibility; and food handlers' knowledge, attitude and practices (KAP) on food safety.

Methodology: 200 samples (beef, milk, chicken, pork) were cultured and isolates confirmed by PCR. Enterotoxin production potential and methicillin resistant *S. aureus* (MRSA) were investigated by PCR and antibiotic susceptibility by the disc diffusion method. A questionnaire was administered to randomly selected food handlers (FHs) to determine their KAP on food safety. KAP categorized as good or poor. The distribution of SA and enterotoxin genes was compared by χ^2 -test and significance set at $p < 0.05$.

Results/Discussion: FHs had poor knowledge on food preservation and poor practices regarding the use of personal protective equipment (PPE). 138 isolates were obtained, 24.6% were MRSA and 47.8% positive for enterotoxin gene. All isolates (100%) were susceptible to amikacin and gentamycin but

resistant to ceftriaxone. All MRSA were multidrug resistant (MDR) and positive for enterotoxin gene. *Sea* (45.5%) was the predominant enterotoxin gene while *see* was not detected. Poor knowledge and practices may account for the high levels of contamination observed.

Conclusion: Foods investigated harbored MDR and potentially toxigenic SA, particularly MRSA, and could constitute a food safety risk, suggesting the need to step up the KAP of FH to prevent contamination.

Key words: *Staphylococcus aureus, antibiotic resistance, enterotoxin, food handlers, food safety, knowledge, attitude and practices*

R107: Study on the gender prevalence and sensitivity of urogenital mycoplasmas to antibiotics in yaounde, cameroon

Ahouga Voufo R, Maidadi Foudi M, Engowei Mbah C, Esemu Forgu L, Fouodji Hiota P, Molu JP, Djoulde I, Bouba A, Mansour M, Akwah L, Oumar A, Ngonde Essome MC.

Introduction: Urogenital mycoplasma are bacteria that cause genitourinary tract infections. The inadequate antibiotic treatment of mycoplasma infections has led to the emergence and spread of resistant strains. Moreover, non-adherence to treatment, self-medication and untargeted therapy are contributing factors to resistance. We therefore aimed to determine the prevalence of urogenital mycoplasmas infections and their susceptibility to antibiotics.

Methodology: To initiate this work, questionnaires were administered to 126 persons suspected with urogenital mycoplasma at the Group of Biomedical Analysis Technicians laboratory Yaoundé. Urethral and endocervical specimens were collected from each person. The detection and sensitivities of urogenital mycoplasma to macrolides, doxycyclin and fluoroquinolones were performed with the Mycofast Evolution 3 Kit (Elitech Microbio)

Results: 74 (58.73%) of patients were positive for urogenital mycoplasma. Amongst these, 4/74 (5.40%) were infected with mycoplasma

hominis, 14/74 (18.9%) had *Ureaplasma urealyticum* and 56/74 (75.70%) were coinfecting with the two germs. Females had more genital mycoplasma infection 66/74 (89.2%) compared to males 8/74 (10.8%). This difference was however not significant ($p=0.64$). Singles had a statistically higher prevalence of 71.62% than in other groups (married, divorced, widowed) ($p>0.0001$).

Ureaplasma urealyticum had a sensitivity of 100% to Pristinamycin and Josamycin. The resistance rate *Ureaplasma urealyticum* was 85.7% with Ciprofloxacin. All *Mycoplasma hominis* were 100% resistant to Azithromycin and Roxithromycin. Cases of coinfection depicted a decline in sensitivity to 53.6%, 78.6% and 75.0% respectively to Doxycycline, Pristinamycin and Josamycin.

Conclusion: Pristinamycin and Josamycin remained effective for the treatment of urogenital mycoplasmas infections

Keywords: *Urogenital mycoplasmas, Mycoplasma hominis, Ureaplasma urealyticum, infections, antibiotic resistance*

R108: Evaluation de la connaissance sur la problématique de la résistance aux antimicrobiens des étudiants en fin de formation en santé dans trois universités de Dakar

Ka R, Niang AA, Diakhaby B, Samb S, Diagne R, Diop A, Dieye B, Sow AI

Introduction : Le problème de la RAM constitue un défi pour les professionnels de santé, d'où l'importance d'une formation adéquate pour une bonne maîtrise du phénomène. L'objectif de l'étude était d'évaluer les connaissances des étudiants en médecine, pharmacie et odontologie (futurs prescripteurs) sur la problématique de la résistance aux antimicrobiens.

Méthodologie : Une enquête a été menée auprès d'étudiants inscrits en Master 2 et Doctorat en pharmacie, médecine et chirurgie dentaire au niveau de 3 universités à Dakar. Un questionnaire portant sur la connaissance sur la résistance bactérienne et le bon usage des antibiotiques a été confectionné et administré

sous forme d'interview directe aux étudiants. Les données recueillies ont été saisies et analysées sur Epi Info.

Résultats : Au total, 215 étudiants ont été interrogés (pharmacie $n=99$, médecine $n=86$ et odontologie $n=30$). La connaissance de la signification des acronymes était de 45,5% pour RAM, 66,5% pour BMR, 23,25% pour SARM et 13% pour eBLSE. Seuls 9% connaissaient les agents pathogènes touchés par la RAM et 21% ont déclaré avoir fait un stage au laboratoire au cours de leur cursus universitaire. Les principaux mécanismes impliqués dans la résistance des bactéries aux ATB ont été cités par 35% des étudiants et les facteurs favorisant l'émergence reportés étaient l'automédication (53,48%), la vente libre des médicaments (12,5%) et la forte utilisation des antibiotiques dans le milieu animal (6%).

Conclusion : Le niveau de connaissances des étudiants dans le domaine de la résistance aux antibiotiques est assez faible. Ces futurs prescripteurs et dispensateurs d'antimicrobiens ont un rôle à jouer dans la lutte contre la RAM et la maîtrise de la diffusion bactérienne multirésistante, d'où l'importance de renforcer la formation initiale.

Mots-clés : *résistance aux antimicrobiens, connaissances, étudiants, Sénégal*

R109 : The influence of Tuberculosis Treatment on Antimicrobial Resistance in ESKAPE Bacteria

Suventha Moodley, Charissa Naidoo, Happy Tshivhula, Tanner Porter, Jolene Bowers, David Engelthaler and Grant Theron.

Background: Despite the extent of TB worldwide and severity of treatment, it is surprising that little information exists at the intersection of TB and AMR (i.e., resistance in microbes other than *M. tuberculosis* complex). The ESKAPE group (*Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Enterobacter* spp.) are considered key taxa in AMR acquisition¹. The ESKAPE bacteria includes *K. pneumoniae*, which in South African AMR surveillance

report was the most common isolate from blood stream infections.

Methods: We used the Next-Gen Antimicrobial Resistance Detection (N-GARD) assay, a novel, multiplex, sequencing technique to profile AMR associated strains and genes present in stool of drug-susceptible and drug-resistant TB cases longitudinally.

Results: In both cohorts, no significant changes were seen in the proportion of ESKAPE or AMR associated strains during treatment, but trends were noted. The drug-susceptible cohort showed trends of longitudinal increases in AMR-related strains; *Enterobacter cloacae*, *Klebsiella pneumoniae*, *Klebsiella varicola*. Significant longitudinal decreases in AMR-related *gyrA* (*Escherichia coli*), fluctuations in *tetD*, *strB* and trends of increased *FosA*, *qnrD*, *qnrA*, *Sul3* and *Sam2* were seen in the drug susceptible cohort. The drug-resistant cohort showed significant increase in *npmA* and trends of longitudinal increases of *ermA* and *sulI*.

Conclusion: Overall, the drug-resistant cohort had more significant changes in AMR-associated genes compared to drug susceptible cohort. These changes in the resistome during TB treatment require future investigation and future studies will involve more targeted analysis of identified trends.

Keywords: Gut resistome, TB, microbiome, ESKAPE, AMR

R110: Extended Spectrum beta- lactamase producing *Escherichia coli* in lettuce irrigated with various water sources in Ghana

Gerard Quarcoo, Lady A. Boamah Adomako, Arpine Abrahamyan, Samuel Armoo, Augustina A Sylverken, Matthew Glover Addo, Sevak Alaverdyan, Nasreen S. Jessani, Anthony D. Harries, Hawa A. Ahmed, Regina A. Banu, Selorm Borbor, Mark O. Akrong, Nana A. Amonoo, Emmanuel M. O. Bekoe, Mike Y. Osei-Atweneboana and Rony Zachariah

Introduction: Vegetable consumption has increased worldwide due to its health benefits. Nonetheless, concerns are raised on the safeness of the irrigating sources used for their cultivation. Thus, safety of the environment in which the vegetables are grown, marketed and

consumed is paramount as most are eaten raw. Irrigating water sources used mostly include untreated wastewater flowing into open drains and streams, and often are contaminated with human and animal waste due to poor sanitation infrastructure. In vegetable irrigated farms using such sources in Ghana, we assessed Extended Spectrum beta- lactamase *Escherichia coli* (ESBL-EC) counts antibiotic resistance patterns and resistant genes on irrigated lettuce.

Methods: A cross-sectional study conducted between January-May 2022, involving five major vegetable farms in Ghana.

Results: *Escherichia coli* was found in all 25 composite lettuce samples analysed. Counts expressed in CFU/g ranged from 186 to 3,000, with the highest counts found in lettuce irrigated from open drains (1,670) and tap water using hose pipes (3,000). Among all isolates, resistance ranged between 49% to 70% for the Watch group of antibiotics, 59% for the Reserved group and 82% were multidrug resistant. Of 125 isolates, 60 (48%) were ESBL-EC of which 5 (8%) had the *bla_{TEM}* resistant gene.

Conclusion: Lettuce was contaminated with ESBL-EC with high levels of antibiotic resistance capable of causing difficult to treat urinary tract infections and acute gastroenteritis. We call on the Ghana Ministry of Food and Agriculture, Food, Drugs Authority, and other relevant stakeholders to support farmers to implement measures for improving vegetable safety.

Keywords: Antimicrobial resistance; Resistant genes; *Escherichia coli*; Lettuce; Extended Spectrum Beta-lactamase (ESBL) ; Ghana;

R111: A cross-sectional study investigating antibiotic resistant bacteria in drinking water sources from the Greater Accra Region, Ghana.

Hawa A. Ahmed1, Maria Zolfo, Anita Williams, Jacklyne Ashubwe-Jalemba, Hannock Tweya, Wisdom Adeapena6, Appiah-Korang Labi, Lady A. B. Adomako, Gloria Naa-Dzama Addico, Regina A. Banu, Mark O. Akrong, Gerald Quacoo, Selorm Borbor1, and Mike Y. Osei-Atweneboana

Introduction: Water is essential to life. However, in most low and middle-income countries drinking water sources are often contaminated with microorganisms. If these microorganisms are antibiotic resistant, drinking contaminated water may not only cause diseases but could be a potential vehicle for the transmission of antimicrobial resistance and pose a serious health risk. This study assessed the presence of bacteria and the antibiotic resistance profiles of *Escherichia coli* and *Pseudomonas aeruginosa* in drinking water sources.

Methodology: From December 2021 to March 2022, a total of 524 water samples including sachet, bottle, tap water, borehole and well water were analysed for coliforms, heterotrophic bacteria, *E. coli* and *P. aeruginosa* using the membrane filtration method and the Kirby Bauer disc diffusion method for antibiotic sensitivity testing.

Results: Most of the sachet and bottled water samples were within limits of Ghana standards for safe drinking water for the parameters tested. Over 50% of tap and borehole water were also free of *E. coli* and *P. aeruginosa*. Overall, of 115 *E. coli* isolates from tap, borehole and well water samples, most were resistant to cefuroxime (88.7%), trimethoprim-sulfamethoxazole (62.6%) and amoxicillin-clavulanate (52.2%). *P. aeruginosa* isolates were most resistant to aztreonam (48%). Multidrug resistance was predominant in *E. coli* isolates (58%).

Conclusion: Evidence from this study shows that drinking water could be a transmission route for antibiotic resistant bacteria (ARBs). These findings call for routine antimicrobial resistance surveillance in drinking water sources and the development of additional water treatment methods that effectively eliminate ARBs.

R112: Extended Spectrum Beta-Lactamase *Escherichia coli* in river water collected from two cities in Ghana, 2018-2020

Regina Ama Banu, Jorge Matheu Alvarez, Anthony J. Reid, Wendemagegn Enbiale, Appiah-Korang Labi, Ebenezer D. O. Ansa, Edith Andrews Annan, Mark Osa

Akrong, Selorm Borbor, Lady A. B. Adomako, Hawa Ahmed, Mohammed Bello Mustapha, Hayk Davtyan, Phillip Owiti, George Kwesi Hedidor Gerard Quarcoo, David Opare, Boi Kikimoto, Mike Y. Osei-Atweneboana and Heike Schmitt

Introduction: WHO's global action plan to tackle antimicrobial resistance (AMR) emphasizes the "One Health" approach, which involves not only studying humans, food chain and the environment as entities but also the interconnections between them. In Ghana, most AMR surveillance studies have focused on human and animal settings with few on the environment.

Objectives & Methodology: Using the WHO One Health Tricycle Protocol, we investigated the contamination of *E. coli* (Ec) and ESBL-Ec (Extended-spectrum beta-lactamases producing *E. coli*) in two rivers in Ghana (Odaw in Accra and Okurudu in Kasoa) that receive effluents from human and animal wastewater hotspots over a 12-month period. Concentrations of Ec, ESBL-Ec and percent ESBL-Ec/Ec were determined per 100 ml sample.

Results/Discussion: Of 96 samples, 94 (98%) were positive for ESBL-Ec. Concentrations per 100ml (Cs100) of ESBL-Ec and %ESBL-Ec from both rivers were 4.2×10^4 (IQR, $3.1 \times 10^3 - 2.3 \times 10^5$) and 2.79 (IQR, 0.96 - 6.03) respectively. Cs100 of ESBL-Ec were significantly lower in upstream waters: 1.8×10^4 (IQR, $9.0 \times 10^3 - 3.9 \times 10^4$) as compared to downstream waters: 1.9×10^6 (IQR, $3.7 \times 10^5 - 5.4 \times 10^6$). Both human and animal wastewater effluents contributed to increased contamination downstream. Cs100 of ESBL-Ec in Accra was 2.5 log units higher than in Kasoa indicating more discharge of untreated human and animal wastewater in Accra compared to Kasoa due to population differences.

Conclusion: This study revealed high levels of ESBL-Ec in rivers flowing through two cities in Ghana. Such data will not only be useful in addressing the AMR problems in Ghana but could serve as a call to keep our drains clean.

Keywords: *ESBL E. coli; Environment; Antimicrobial Resistance; Rivers; Ghana; Tricycle Protocol*

R113: Antibiotic Resistance Profile and Resistance Determination of Bacteria Isolated from Water in Southern Benin

Koudokpon H, Dougnon , Lougbegnon C, Deguenon E, Mousse W, Agbankpe J, Avodagbe G, Saidou S, Bankole H. and Baba-Moussa L.

Introduction: The environment plays an important role in the dissemination of multidrug resistant bacteria, especially through the aquatic ecosystem, including hospital effluents, rivers, but also spring water and drinking water. This study aims to determine selected antimicrobial resistance genes in some aquatic matrices in southern Benin.

Methods: To achieve this, collected water samples were filtered through a membrane 0.22 µm thick. After filtration, the membrane was deposited on Mueller Hinton agar. Then the colonies resulting from this subculture were subjected to a microbiological examination by the conventional method. The antibiotic sensitivity test was carried out by the Kirby Bauer method. Resistance genes were looked for by PCR.

Results: Of the 222 water samples collected, 265 bacterial strains were isolated, the majority of which were strains of Coagulase Negative Staphylococcus (CSN) with 37.74%, followed by strains of *Klebsiella pneumoniae* (21.89%), *Escherichia coli* (10.57%). All isolated gram-negative bacilli strains are multidrug resistant with resistance of all strains to amoxicillin, ampicillin and amoxicillin + clavulanic acid. Of the 15 resistance genes searched in the genome of Gram-negative bacilli strains, 8 were detected, namely the TEM, SHV, CTX-M15, VIM, NDM, SUL1, SUL2 and AADA genes. The *mecA* gene was detected in all CNS strains. The *vanA* and *VanB* genes were only detected in strains isolated from drinking water in sachets collected from producers and street sellers.

Conclusion: These results show the dissemination of resistance genes in Benin and once again confirms the urgency of a global fight against antimicrobial resistance.

Keywords: *Drinking water; hospital waste water; multi-drug resistance bacteria; southern Benin.*

R114: Evaluation des profils de sensibilité des entérobactéries associés aux diarrhées infantiles aux antibiotiques : Cas de la ville de Koula-Moutou au Gabon

MMR, OLSL, MF, SA, YJF

Introduction : l'émergence et l'expansion de la résistance voire de la multirésistance des Enterobacteriaceae responsables des diverses infections en pathologies humaines ne cesse d'augmenter dans le monde. L'objectif de ces travaux est d'établir les profils de sensibilité aux antimicrobiens des souches bactériennes isolés fèces diarrhéiques.

Méthodes : l'étude prospective a été menée sur une période de 3 ans au sein du Centre Hospitalier Régionale Paul Moukambi et les quartiers environnants de Koula-Moutou. La recherche des pathogènes éventuels a été réalisée à partir des fèces, selon les méthodes de cultures classiques. Les profils de sensibilité à 13 molécules d'antibiotiques a été évaluée ont été établis selon la méthode de Kirby-Bauer.

Résultats : les 98 isolats d'entérobactéries criblés ont présentés des forts taux de résistance aux aminosides (94,9%), aux β-lactamines notamment pour les classes des aminopénicillines et les céphalosporines de 3ème et 4ème générations, aux macrolides et aux quinolones (98,2%).

Par contre, des taux de résistance moyens sont enregistrés vis-à-vis des carbapénèmes (43,0%) et du chloramphénicol (32,7%).

Discussion : Les profils de résistance enregistrés dans cette étude corroborent ceux des

nombreux travaux concernant les entérobactéries qui sont impliquées dans de nombreuses

infections humaines. En outre, Les différents profils de résistance enregistrés dans cette étude aux diverses familles d'antibiotiques corroborent l'expansion du phénomène de résistance des

entérobactéries qui se ferait essentiellement par la production des enzymes de type β -lactamases. Les résultats de cette étude témoignent d'une inquiétante forte résistance aux

antibiotiques qui tendent vers une totale résistance chez les entérobactéries.

Mots clés : *panrésistance, multirésistance, diarrhée, entérobactéries*

R115 : Evaluation de la sensibilité des souches d'*E. coli* isolées des fèces diarrhéiques infantiles à la fosfomycine : cas de la ville de Koula-Moutou.

Yala JF, Mabika M R, Zong M O, Mounioko F et Souza A.

Contexte et objectif : les *Escherichia coli* (*E. coli*) sont des souches commensales mais peuvent être pathogènes à l'instar des *E. coli* diarrhéiques (DEC), agent causal des diarrhées. De plus, la multirésistance croissante des souches *E. coli* demeure un problème mondial. La Fosfomycine, antibiotique bactéricide tant sur les bactéries Gram- que sur les bactéries Gram+, tel que la colistine, elle a été réintégrée comme stratégie thérapeutique pour faire face aux bactéries multirésistantes. Le présent travail a été mené dans le but de déterminer les profils de sensibilité des souches des DEC et non DEC à la fosfomycine.

Matériel et méthodes : un total de 53 souches de *E. coli* (41 DEC et 12 non DEC) isolées des diarrhées infantiles ont été criblées. L'évaluation de la sensibilité à la fosfomycine a été faite par la méthode de Kirby et Bauer. Les résultats obtenus ont été interprétés selon les normes du CASFM 2021.

Résultats : Globalement un taux de résistance à la fosfomycine de 96,2% (51/53) est enregistré. Cependant, les profils de résistance phénotypiques enregistrés sont divergents. En effet, la prévalence de résistance à la fosfomycine est de 100% pour les souches non DEC et de 95,12% pour les DEC. En somme, les résultats de cette étude révèlent une forte résistance phénotypique des souches d'*E. coli* à

la fosfomycine, molécule alternative à l'antibiothérapie.

Mots clés : *DEC, fosfomycine, résistance phénotypique, diarrhée.*

R116: Impact of seasonal malaria chemoprevention on the acquisition and maintenance of immunity against malaria among children in northern Benin

Moussiliou Azizath, Ahouansou Charles, Elijah Omarou, Adoukonou Thuerry Luty Adrian, Ndam Tiukue Nicaise

Background: Malaria is still a leading cause of morbidity and mortality despite all the efforts made to control the disease. Malaria is the cause of deaths in Africa and mainly in children. A new preventive strategy was recently developed to strengthen the fight against pediatric malaria in areas of seasonal transmission. Since the implementation of this intermittent preventive treatment currently called Seasonal Malaria Chemoprevention (SMC), by the Ministry of Health in Benin, very little data is available on the evaluation of its impact on the level of transmission and the health of the population.

Objective: This study aims to evaluate the effects of SMC with Sulfadoxine-Pyrimethamine (SP) and Amodiaquine (AQ) on the evolution of anti-malarial immunity in children and their susceptibility to malarial infection.

Methods: We conducted a cross-sectional study on children aged 6 to 59 months living in two villages in northern Benin, subjected or not to SMC. Sociodemographic and clinical data as well as repeated blood samples were collected from 440 children (before, during and after treatment). Samples were analyzed for malaria infections and using a Luminex assay to investigate the repertoire of antibody responses to PfEMP1. The functional properties of plasma will be studied on their ability to mediate the inhibition of cytoadhesion of infected red blood cells, as well as to facilitate their opsonization/phagocytosis. The transcription profile of *var* gene will be analyzed by qPCR and possibly by RNA seq.

Expected outcome: The study will determine the impact of SMC on; i) the prevalence of infections throughout the follow-up, ii) the development of children's anti PfEMP1 immunity and iii) on the parasite binding phenotype during the follow-up.

Key words: *malaria, SMC, PfEMP1, immunity, children*

R117: Influence de la Chimio-prévention du Paludisme Saisonnier sur la prévalence de l'infection à *P. falciparum* et les paramètres cliniques associés à la gravité chez les enfants âgés de 3 à 59 mois vivant dans la zone du district sanitaire de Saponé, Burkina Faso.

Seni Nikiema, Issiaka Soulama, Salif Sombié, Nathalie Ouaré, Sermé Sindié Samuel, Salam Sawadogo, Noélie Henry, Raïssa Ily, Florencia Guïgma, Alfred B. Tiono, Sodiomon B. Sirima, Jacques Simpore

Introduction : La CPS adopté au Burkina Faso depuis 2013, utilisant la Sulfadoxine-Pyriméthamine et Amodiaquine (SP+AQ) sont administrées aux enfants âgés de 3 à 59 mois de juillet à octobre, période de haute transmission, pour le traitement et la prévention. C'est une intervention à fort potentiel et pourrait contribuer avec d'autres interventions dans la lutte contre le paludisme.

Objectif : La présente étude a été initiée pour évaluer l'impact de la CPS sur la prévalence de l'infection palustre à *Plasmodium falciparum* et sur les paramètres cliniques et parasitologique, associés à la gravité de cette infection au Burkina Faso.

Méthodologie : Cette étude a concerné 222 enfants âgés de 3 à 59 mois recevant chaque mois les quatre doses de SP+AQ dans le cadre de la CPS. Des échantillons de sang ont été prélevés par piqûre au doigt pour la détermination du taux d'hémoglobine à l'aide de l'appareil portatif HemoCue®201+, la confection de gouttes épaisses et de frottis sanguins pour le diagnostic microscopique et de spots sanguin pour la détection des espèces plasmodiales, *Plasmodium falciparum*, par la PCR nichée.

Résultats : Les résultats de l'étude ont montré que la prévalence de l'infection palustre par la PCR était en moyenne de 17,43% durant les quatre mois de mise en œuvre de la CPS et un gain du taux d'hémoglobine au cours de la CPS. Les enfants de moins de 24 mois étaient moins exposés à cette infection palustre.

Conclusion : L'étude a montré une légère augmentation des cas d'infection parasitaire à *Plasmodium falciparum* et un gain de taux d'hémoglobine au cours de la CPS. Cependant, par rapport aux données des études précédentes, une diminution de la prévalence du paludisme chez les enfants cibles a été observée au cours de la CPS, indiquant sa contribution efficace dans la stratégie de lutte contre le paludisme chez les enfants de moins de cinq au Burkina Faso.

Mots clés : *CPS, SP AQ, Saponé, Plasmodium falciparum, prévalence*

R118: Évaluation de la dynamique des souches de *P. falciparum* résistantes à la Sulfadoxine-Pyriméthamine+Amodiaquine au cours des cycles de la chimio-prévention du paludisme saisonnier dans le district sanitaire de Saponé au Burkina Faso.

Salam Sawadogo, Issiaka Soulama, Seni Nikiema, Sombié Salif, Nathalie Ouaré, Sermé Sindié Samuel, Noélie Henry, Ily Raïssa, Florencia Guïgma, Alfred B. Tiono, Sodiomon B. Sirima, Jacques Simpore

Introduction : La chimio-prévention du paludisme saisonnier du paludisme (CPS) est une stratégie de lutte contre le paludisme chez les enfants de moins 5 ans et son efficacité a montré une réduction significative de l'incidence du paludisme. Cependant, il reste indispensable d'intégrer la surveillance moléculaire en vue de mesurer l'influence de la CPS sur la résistance liée aux parasites. La présente étude avait pour but d'évaluer la dynamique des mutations des associées à la résistance de *P. falciparum* à la SP+AQ dans le contexte de la CPS chez les enfants vivant en milieu rural à Saponé.

Méthodologie : Au total 222 enfants de 3-59 mois recevant la combinaison Amodiaquine+Sulfadoxine- Pyriméthamine pendant la CPS

dans le district sanitaire de Saponé ont été enrôlés. Des prélèvements sanguins sur papier filtres ont été réalisés pour les analyses moléculaires. L'ADN parasitaire a été extrait à l'aide des kits Qiagen et les mutations dans les gènes *pfprt*, *pfmdr1*, *pfdhfr* et *pfdhps* ont été analysées par la technique PCR-RFLP.

Résultats : L'analyse moléculaire a montré une absence de mutation (*Pfprt*76T) au passage 1 et 2 mais par contre une prévalence de 25% et 20% respectivement au passage 3 et 4, une augmentation de la prévalence de mutation (*Pfmdr1*86Y) du passage 1(8%) au passage 2 (17%) suivie d'une décroissance au passage 3 (10%) et 4 (4%) après le passage 2. Les prévalences de mutations *Pfdhfr* et *Pfdhps*, étaient également très faibles au cours de la CPS. Cependant la mutation *Pfdhfr*59 était très élevée soit 92,31% 83,33% 93,88% 94,44% respectivement pour les passages 1 au passage 4.

Conclusion : L'étude a montré de faible taux de prévalence de mutation des gènes associés à la résistance au cours de la CPS. Ces résultats indiquent donc que ces traitements restent appropriés dans les traitements et la prévention du paludisme chez les enfants de moins de cinq ans.

Mots clés : CPS, marqueurs de résistance, AQ, SP, Saponé

R119: human genetics factors and plasmodium falciparum genetics diversity from children aged 2 to 10 years living in the Banfora health district in Burkina Faso.

Salif Sombié, Samuel Sindié Sermé, Aïssatou Diawara, Mame Massar Dieng, Amidou Diarra, Emilie S. Badoum, Sam Abouacac Coulibaly, Noëlie Henry/Béré, Wael Said Abdrabou, Aissata Barry, Désiré Kargougou , Alfred B. Tiono, Sodiomon Bienvenu Sirima, Youssef Idaghdour and Issiaka Soulama.

Introduction: The aim of this study was to assess the distribution of allelic families of *msp1*, *msp2* and *eba175* genes of *Plasmodium falciparum* according to human genetic factors (hemoglobin and G6PD).

Methods: This study was carried up two villages of Banfora health district. A total of

150 children aged 2 to 10 years were enrolled and followed up between May 2015 and February 2016. Venous blood was collected for laboratory analyses. DNA was extracted by Qiagen DNA mini kit. Hemoglobin and G6PD typing was performed by Polymerase Chain Reaction-Restriction Fragment Length Polymorphism (PCR-RFLP) and genotyping of *msp1*, *msp2* and *eba175* was performed by nested PCR.

Results: The analysis of *P. falciparum* genetic diversity according to hemoglobin and G6PD types showed that the K1 allelic family was predominant in the normal hemoglobin genotype ($p = 0.01$) and in the normal G6PD type ($p = 0.02$). In the group of G6PD deficient carriers, the prevalence of FCR3 and CAMP was not statistically different ($p = 0.2$) for *eba175* gene, while the prevalence of mixed infection (FCR3 + CAMP) was statistically higher in abnormal hemoglobin carriers ($p = 0.03$). In addition, the prevalence of the 450 bp variant of FC27 was higher in the normal hemoglobin genotype ($p = 2.10^{-4}$). While, the prevalence of the 350 bp variant of FC27 was higher in the normal G6PD group ($p = 0.034$)

Conclusion: The results from our study showed that the type of hemoglobin and G6PD influences the evolution of malaria and the genetic diversity of *P. falciparum*.

Key words: Hemoglobin, G6PD, *falciparum*

R120: Effet de l'accouplement assortatif sur la variation de la fréquence du gène *kdr-west* chez *Anopheles coluzzii* et *Anopheles gambiae* en milieu semi-naturel au Burkina Faso

Aïcha O. Z. D. Zoure, Abdoulaye Niang, Catherine E. Neya, Simon P. Sawadogo, Roch K. Dabire, Abdoulaye Diabate

Introduction: *Anopheles gambiae* et *Anopheles coluzzii*, deux espèces jumelles appartenant au complexe *Anopheles gambiae* sont des vecteurs majeurs du paludisme en Afrique Sub-saharienne. Des études génétiques ont montré qu'elles sont caractérisées par différents degrés d'isolement reproductif avec des différences génétiques importantes au niveau des îles de spéciation mais aussi des possibilités d'introgression de gènes suggérant un modèle de spéciation en cours. Cependant,

peu d'études expérimentales ont été réalisées pour élucider les mécanismes de reproduction qui déterminent la dynamique du flux de gènes entre les deux espèces. L'objectif de cette étude était de comprendre par le biais d'une expérimentation semi-naturelle, l'effet de l'accouplement assortatif sur la structure génétique des populations de *An. gambiae* et *An. coluzzii*.

Méthodologie: *An. gambiae* et *An. coluzzii* et leurs hybrides réciproques ont été élevés à partir des souches de laboratoire Kisumu (homozygote sensible) et VKPR (homozygote résistant) maintenues à l'insectarium de l'IRSS. Mâles et femelles de différentes cohortes ont été relâchés dans les cages de la Malaria sphère. Les préférences sexuelles des espèces parentales et des hybrides ont été examinées. Les femelles des espèces parentales et la descendance des femelles capturées en couple ont été identifiées par les SNPs 28S-IGS-540 et leur statut de résistance aux insecticides par le SNP L1014F respectivement sur les régions péri-centromériques du chromosomes X et 2L. L'analyse de la structure génétique des différentes populations en relation avec la fréquence du gène *kdr-west* a été réalisée en utilisant R.4.1.2 package SNPassoc.

Résultats: Nos résultats indiquent que *An. coluzzii* était plus performant avec 66 couples formés dans les essaims que *An. gambiae* et les hybrides. Or les hybrides étaient plus compétitifs avec 35 mâles ayant copulé avec les femelles que *An. gambiae* et *An. coluzzii*.

Conclusion: L'analyse de la structure génétique des populations a montré que la différence de performance et de compétitivité observée entre les espèces parentales et les hybrides avaient un impact sur la distribution des fréquences génotypiques des SNPs 28S-IGS-540 et L1014F.

Mots clés : *An. gambiae s.l.*, Flux de gènes, Performance sexuelle, Compétitivité sexuelle

R121: Revue de l'évaluation de la mise en œuvre de la chimioprévention du paludisme saisonnier, de son effet sur l'incidence du paludisme dans un contexte de développement de génotypes résistants à *P.*

***falciparum* avec une réduction potentielle de l'efficacité dans les pays d'Afrique occidentale et centrale.**

Issiaka Soulama, Séni Nikiema, Salif Sombié, André-Marie Tchouatieu, Sindié Samuel Serme, Noélie Henry, Nathalie Ouaré, Raïssa Ily, Oumarou Ouédraogo, Dramane Zongo, Florencia Wendkuuni Djigma, Alfred B. Tiono, Sodiomon B. Sirima, Jacques Simporé.

Introduction : La chimioprévention du paludisme saisonnier (CPS), qui associe l'amodiaquine (AQ) à la sulfadoxine-pyriméthamine (SP), est une stratégie efficace et prometteuse, recommandée par l'OMS, pour contrôler la morbidité et la mortalité dues au paludisme dans les zones de transmission saisonnière intense. Malgré cette stratégie, le nombre de cas de paludisme dans le groupe cible, les enfants de moins de cinq ans, a augmenté alors que la mise en œuvre de la CPS va être étendue dans plusieurs pays africains. Cette augmentation de la prévalence des cas de paludisme suggère la nécessité d'évaluer la CPS et de comprendre certains des facteurs qui peuvent entraver son succès dans les zones d'intervention. La présente revue discute de l'impact de la SMC sur la morbidité de la population cible, la résistance des parasites aux médicaments antipaludiques, l'immunité moléculaire et celle affectant l'incidence du paludisme chez les enfants de moins de cinq ans.

Méthodologie : Nous avons considéré comme pertinents tous les articles publiés en ligne dans Pubmed en utilisant les termes de recherche "SMC" ou "Seasonal malaria chemoprevention". En tant que terme précurseur de la stratégie SMC, nous avons également inclus le terme "traitement préventif intermittent chez l'enfant" ou "IPTc" dans notre recherche. Nous avons conclu la recherche documentaire le 5 avril 2022.

Résultats : Au total 249 articles ont recensé dont 205 répondants aux critères d'inclusion et 44 exclus de la revue. La plupart des études ont été réalisées majoritairement au Mali, Sénégal et Burkina Faso.

La CPS reste une stratégie efficace et prometteuse pour contrôler la morbidité palustre dans les zones de transmission

haute saisonnière du paludisme. Cependant, l'efficacité de la CPS est compromise par plusieurs facteurs tels que la propagation de la résistance à la combinaison sulfadoxine-pyriméthamine, la variation de la couverture par la non adhésion de certaines populations, mais aussi la qualité des antipaludiques utilisés qui reste à confirmer.

Conclusions : Bien que la stratégie SMC soit standardisée dans la plupart des pays au Sud du Sahara, il reste pertinent de continuer à adapter la stratégie au contexte local du pays pour assurer son efficacité.

Mots clés: SMC, Paludisme, Immunité, Résistance, Transmission saisonnière, SP, AQ

R122: Assessment of Susceptibility of *Plasmodium falciparum* to Artesunate Amodiaquine in children with uncomplicated malaria at Asante Akyem Agogo, Ghana

Osei-Mensa, Hanson H, Marfo K S, Almoustapha N S, Martey, Placca E AND Mäiga-A O

Introduction: Resistance to antimalarial drugs has been a major challenge to malaria control. Resistance to Artemisinin detected in South East Asia (SEA) in 2007 poses a significant threat to the efficacy of Artemisinin Combination Therapy (ACT) in Africa. There is a need to increase surveillance of the efficacy of first-line malaria treatment drugs in Africa. The study sought to find determine of reinfection and recrudescence rates among recurrent malaria and identify new genetic markers associated with delayed clearance or recurrent malaria after Artesunate Amodiaquine (ASAQ) therapy.

Methodology: Between July 2018 and June 2019, children between 2-11 years visiting two health centres who presented with fever or a history of fever and tested positive for malaria using Rapid Diagnostic Test (RDT) were recruited. Enrolled participants were prescribed ASAQ. The 2009 World Health Organization protocol for monitoring anti-malarial drug efficacy was followed.

Results/Discussion: A total of 198 participants were enrolled. The adequate clinical and parasitological response (ACPR) on day 28 was 100% (95% IC 100-100) using per protocol analysis and 80.9% (95% IC 75.3-87.0) using intention to treat analysis. 12.63% (25/198) were excluded from the efficacy analysis because they had no parasite detected by microscopy despite being positive by RDT. Sanger sequencing showed no *pfkelch 13* mutations in our sample set at Day 0. Analysis of WGS data is ongoing.

Conclusion: ASAQ remains effective for treating uncomplicated *Plasmodium falciparum* malaria in the study community. Further studies should ascertain the surprisingly high number of false positives with histidine-rich protein 2 RDT found.

Keywords: Malaria, *Plasmodium falciparum*, Therapeutic efficacy, Artesunate Amodiaquine, Ghana

R123: Efficacité de la quinine sur *plasmodium falciparum* a Bougoula Hameau (Mali)

Doumbia D, F B., Togo A, Sidibe B, Kodio A, Toure S, Sanogo K, Diakite H, Doumbo K. O, Djimde A.A

Introduction : Le traitement du paludisme pose des défis réels, vu l'émergence de la résistance du Plasmodium aux antipaludiques. Le Programme National de Lutte contre le Paludisme (PNLP) recommande les combinaisons thérapeutiques à base d'Artémisinine (CTA) comme médicaments de première intention du traitement de l'accès palustre simple, l'artésunate, l'artemether et la quinine pour le traitement des cas de paludisme grave/compliqué. L'objectif de ce travail était d'évaluer l'efficacité clinique et parasitologique de la quinine.

Méthodes : De janvier 2012 à décembre 2014 nous avons mené une étude nichée d'un essai clinique évaluant l'efficacité des CTAs chez les patients de 6 mois et plus à Bougoula-Hameau (Mali), les patients ont été enrôlés sur la base de l'évaluation de critères d'inclusion et d'exclusion prédéfinis et suivis pendant 28 jours. Les cas d'échec thérapeutique au

médicament d'étude avant J28 de même que tout autre épisode de paludisme pour lequel un des critères d'inclusion n'était pas satisfait, ces patients étaient traités par la quinine pendant 7 jours à raison de 24 mg/kg/jour et suivis pendant 28 jours.

Résultats : Au total 324 patients ont été inclus, la parasitémie médiane à l'inclusion était 67549Pf/ul [Min 16 – max ; 358100]. L'anémie était à un taux de 24.3 % (n=79) à l'inclusion. Sur le plan parasito-clinique, la réponse clinique parasitologique adéquate était 69,1% avec un taux d'échec thérapeutique précoce de 1,5% avant correction moléculaire. La RCPA après correction moléculaire était de 94,4%.

Conclusion : La quinine est toujours efficace sur les infections à *P. falciparum*.

Mots clés : *Paludisme, quinine, CTA, efficacité.*

R124: Field platform for lead candidate antimalarial drug profiling toward better anticipation of field diversity response.

Laurent Dembele, Devendra gupta, Yaw Aniweh, Dinkorma T. Ouologuem, Nouhoum Diallo, Fanta Sogore, Ousmaila Diakite, Cheick P. O. Sangare, Aboubecrin S. Haidara, Aliou Traore, Amadou B. Niangaly, Brice Campo, Melanie Rouiller, Dominique Mazier, Gordon A Awandare, Thierry Diagana, Abdoulaye A. Djimde

Background: There is an urgent call to eradicate malaria. Efforts toward this call would, however, be futile if treatments of neglected non-falciparum Plasmodium (P) species (*P. vivax*, *P. ovale*, *P. malariae*) are ineffective. Interventions such as treatments and vaccines fail when applied in a field setting. Mainly, efficacy to treatments and vaccines differs between fresh field isolates and lab strains. Strategies are failing maybe because culture strain (e.g 3D7) are not an appropriate model to use for field drug efficacy and dose prediction or to anticipate field parasite respons. Non-falciparum parasites (*P. vivax*, *P. ovale*, *P. malariae*) target elimination rely on field isolates access only. Testing compounds against these species is an important opportunity that would enable the identification of compounds acting against diverse

Plasmodium species which would be great candidates for malaria elimination.

Methods: We developed various assay for diverse plasmodium species drug susceptibility assessment covering the various stages of the parasite life cycle. This included *P. ovale*, *P. malariae* *ex vivo* asexual blood stage assay, the relapsing liver assay for *P. vivax* and the asexual and transmission blocking assay for *P. falciparum*.

Expected results: Thus, these assays can lead to identification of compound acting across Plasmodium species and the complex stages of its life cycle.

R125: Dynamics of resistance of *Anopheles gambiae sensu lato* to insecticide classes used in public health in Mali

Moussa Keita, Nafomon Sogoba, Salif Thiam, Ousmane Yossi, Ibrahim Sissoko, Mahamadou Diakite And Seydou Doumbia

Introduction: Insecticide-resistance among malaria vectors population remains a threat to malaria control programs in endemic regions. Monitoring the temporal variation of vector susceptibility to insecticides and determining the mechanisms underlying this resistance are crucial for malaria control. The aim of this study was to assess the yearly variation of vector resistance status and the resistance mechanisms in Mali.

Methods: The World Health Organization Bioassays tests were performed on 3-5 days old F₀ females of *An. gambiae s.l* to determine their susceptibility to deltamethrin (0.05%), bendiocarb (0.1%), and pirimiphos-methyl (0.25%). The TaqMan molecular technique was used to genotype the *Kdr* and *ace 1* mutation in dead and alive specimens.

Results: The 24 hours mortality rates ranged from 13 to 41% in 2016 and 15.5 to 35.2% in 2018 for deltamethrin. For the bendiocarb, the mortality rates were between 56 to 79% in 2016 and between 41.1 to 100% in 2018. A variation in

susceptibility to pirimiphos-methyl 0.25% was observed going from susceptibility in 2016 to resistance in 2018. Genotyping of different resistance markers detected three *Kdr* mutations (*L1014F*, *L1014S*, *N1575Y*) involved in resistance to pyrethroids and the *ace1* (G119S) involved carbamates and organophosphates resistance. The *Kdr* W (*L1014F*) mutation was the most prevalent with allelic frequencies ranging from 34% to 59%. For the *ace1* mutation allelic frequency varied between 30 and 68.75%.

Conclusions: Based on evidence of *An. gambiae s.l.* resistance to both Bendiocarb, pirimiphos-methyl in addition to pyrethroids in Mali, reinforcing the national resistance management strategies for malaria vector control is required.

Key words: *malaria vector, bendiocarb, pirimiphos-methyl, insecticide resistance Kdr, ace 1*

R126: Evolution de l'épidémiologie du paludisme à Faladié, une zone rurale du cercle de Kati au Mali, de 2016 à 2021.

Dembele L, Diarra B, Dao F, N'angaly A, Djimde A,

Introduction : Le paludisme est un problème majeur de santé publique et un fardeau économique important au Mali, depuis l'implémentation et la mise à l'échelle des nouvelles stratégies de lutte contre le paludisme, il existe très peu ou pas de données actualisées sur la dynamique de l'épidémiologie de cette maladie à Faladié, un village rural du Mali

Méthodes : Nous avons mené une étude rétrospective longitudinale avec des passages transversaux mensuels, combinés à un suivi passif entre octobre et décembre, de 2016 à 2021. Notre travail avait pour but de mettre à jour les données épidémiologiques de la transmission du paludisme de l'aire de santé de Faladié, dans un contexte de mise à échelle des stratégies de lutte contre le paludisme. La population d'étude a concerné les individus de tout âge et sexe confondu.

Résultats : Sur un total 8642 dépistés, nous avons enregistré : 4481(65,02%) cas de paludisme et 391(22,44%) porteurs de parasites. La tranche

d'âge de 5 à 9 ans était la plus touchée par le paludisme. Trois espèces de *Plasmodium* ont été retrouvées : *P. falciparum*, *P. malariae* et *P. ovale*. Le *P. falciparum* était l'espèce prédominante avec une fréquence de 96,81% suivi de *P. malariae* et de *P. ovale* avec respectivement de 2,69% et 0,5%, et la prévalence des gamétoocytes était de 3,8%.

Conclusions : La prévalence du paludisme reste élevée à Faladié après l'implémentation des nouvelles stratégies de lutte contre le paludisme au Mali. *P. falciparum* est l'espèce prédominante avec plus de 96% de la formule parasitaire, suivit de *P. malariae* et de *P. ovale*.

R127 : Réponse humorale aux antigènes gamétocytaires Pf48/45, Pf230 et Pf47 à Dangassa et Sirakorola, deux zones éco-climatiques différentes au Mali

Dembélé A, Guindo M A, Konaté D, Konaté B, Diakité AS, Traore K, Keita B, Kassé F, Diakité M

Introduction : La recherche d'un potentiel candidat vaccin contre les formes asexuées du *Plasmodium* a eu peu de succès du fait de sa diversité antigénique. Les candidats vaccins bloquant la transmission serait une alternative afin de développer un vaccin efficace combinant les deux formes. La présente étude vise à étudier la réponse humorale aux antigènes gamétocytaires *Pf48/45*, *Pf230* et *Pf47* à Dangassa et Sirakorola, deux zones d'endémicité différente.

Méthodologie : Il s'agissait d'une étude longitudinale allant de juin à novembre 2019 avec deux passages transversaux en début et fin de saison. Elle a porté sur 576 enfants dont 289 à Dangassa et 287 à Sirakorola. Les données ont été collectées à l'aide de Redcap et analysées avec le logiciel stata14.

Résultats : La prévalence de l'infection palustre était de (12,1% vs 1,4%) en juin et de (26,8% vs 14,6%) en novembre respectivement à Dangassa et Sirakorola. Une augmentation de la séroprévalence du *Pfs48/45* (p=0,041) et du *Pfs230* (p=0,0001) a été observée en fin de saison à Dangassa, une diminution de la séroprévalence du *Pfs230* (p=0,005) a été observée à Sirakorola. Le taux moyen

d'anticorps anti-*Pfs230* était plus élevé en fin de saison à Dangassa ($p=0,001$).

Discussion : La diminution de la prévalence des anticorps anti-*Pfs230* en fin de saison à Sirakorola serait due au fait que c'est une zone à faible transmission où la durée de la transmission courte limite l'exposition des individus aux parasites pour pouvoir produire des anticorps.

Mots-clés : *Paludisme, Antigènes gamétocytaires, Réponse humorale, Enfants, Mali.*

R128 : Introduction :

Nadege Lylian Doumou AMvomo, Cybelle Kabit Sama Kemayou, Bouopda Rodrigue, Christelle Flora Nkwinkwa Minkeza, Patricia Laure Mbopda, Loida Cindy Yonga Tchoumi, Ornella Lesly Tchouangeum Kenmoe, Gilles Tchouassi Simeni I, Eric Tollo Chokote, Ruth Ngongang, Esther Voundi Voundi

Dans le cadre de la surveillance microbiologique de l'environnement hospitalier, la présente étude vise à identifier les différentes espèces bactériennes sur les surfaces et dispositifs hospitaliers et à déterminer leur profil de sensibilité aux antibiotiques.

Méthodologie

Une étude transversale descriptive a été réalisée en mai 2022, dans différents services du Centre Médical le Jourdain. Un écouvillonnage des surfaces et des dispositifs médicaux a été réalisé et la sensibilité aux antibiotiques a été déterminée par la méthode de diffusion sur disque de Kirby-Bauer, conformément au Comité des antibiotiques de la Société française de microbiologie.

Résultats/Discussion : Sur 156 échantillons, 86 ont eu une culture positive soit 55,1% de surfaces et dispositifs médicaux contaminés. *Klebsiella pneumoniae* (17%), *Enterobacter cloacae* (17%), *Staphylococcus aureus* (16%) et *Escherichiacoli* (11%) ont été principale ment isolés. Les surfaces les plus souillées étaient les chariots (12%), les robinets (12%) et les poignées de porte (11%). Pour les dispositifs médicaux, les plus souillés étaient les injectomats (3%), les thermomètres (3%) et les brassards de tension artérielle (3%). *Serratia faciens*, *Enterobacter cloacae*,

Klebsiella pneumoniae et *Escherichia coli* ont produit une bêta-lactamase à spectre étendu (23,3%). Parmi les isolats de *Staphylococcus aureus*, 81,65% (13/16) étaient des souches résistantes à la méthicilline.

Conclusion : L'écologie microbienne des surfaces et des dispositifs médicaux est dense et se compose de bactéries multirésistantes. Le nettoyage et la désinfection doivent être régulièrement évalués par des programmes de surveillance dans les services hospitaliers.

Mots clés: *Écologie bactérienne, sensibilité aux antibiotiques, dispositifs, surfaces, centre médical.*

R129 : Gut microbiota influences *Plasmodium falciparum* malaria susceptibility

Kodio A, Coulibaly D, Doumbo. S, Konaté. S, Koné. K. A, Dama. S, Niangaly. A, Tall. L. M, Konaté. A. M, L'ollivier. C, Levasseur. A, Bittar. F, Djimé. A, Doumbo. K.O, Raoult. D, Thera. A. M and S. Ranque. S

Introduction: The gut microbiota has been associated with susceptibility/resistance to malaria and its impact on the risk of a malaria attack is unclear. The goal was to evaluate the influence of gut microbiota on malaria attacks and *Plasmodium* parasitemia in children.

Method: Three hundred healthy children were included in a 16-months cohort study in Bandiagara. Their gut bacteria and fungi community structures were characterized via 16S and ITS metabarcoding from stool samples collected at inclusion. Clinicians monitored the occurrence of malaria attacks. Asymptomatic carriage of *Plasmodium* was assessed by qPCR.

Results: Over the 16-month period, 107 (36%) children experienced at least one occurrence of malaria attacks, and 82 (27%) at least one asymptomatic *Plasmodium* parasitemia episode. A higher gut bacteria richness was independently associated with susceptibility to asymptomatic parasitemia episodes and malaria attacks. Linear discriminant analysis of operational taxonomic units at the species level provided, 17 bacteria, including *Clostridiaceae*, and seven fungi, including *Dioszegia fristigensis*, were associated with susceptibility, whereas eight bacteria, including, *Bifidobacterium* spp., and 3 fungi, *Malassezia* sp., were associated with resistance to malaria. Moreover, 15 bacteria, including

Coproccus eutactus, and 13 fungi, including *Wallemia mellicola*, were associated with susceptibility, whereas 19 bacteria, including *Bifidobacterium* spp., and three fungi, including *Cryptococcus neoformans*, were associated with resistance to asymptomatic *Plasmodium* parasitemia episodes.

Discussion: Further studies were needed to confirm these findings that point the way toward strategies aiming to reduce the risk of malaria by modulating gut microbiota components in exposed populations.

Keywords: Gut microbiota, *Plasmodium falciparum*, metagenomics, Children, Mali.

R130: Evaluation de l'efficacité *in vivo* de la Pyronaridine –Artésunate (PA) dans le traitement du paludisme non compliqué à *Plasmodium spp* à Faladjè, cercle de Kati, Mali

Cisse F, Dara A, Ouoleguem D, Sissoko S, Daou F, Goita S, Sangare C.P.O, Haidara A.S, Diarra B, Barre Y.N, Tekete M, Djimde A

Introduction : La PA est une nouvelle CTA contre les infections non compliquées à *P. falciparum* et *P. vivax*. De 2011 à 2016, plusieurs études furent menées dans différents pays afin d'évaluer son efficacité et son innocuité. Dans le cadre de la surveillance de la résistance aux dérivés de l'Artémisinine, une étude fut conduite au Mali sur un site où l'infection à *P. falciparum* est prédominante afin d'évaluer l'efficacité de cette CTA.

Méthode : d'octobre 2019 à février 2021, une étude prospective d'évaluation de l'efficacité de la PA fut menée chez les sujets de 6 mois et plus à Faladjè au Mali. Les patients atteints de paludisme non compliqué étaient traités avec la PA pendant 3 jours et suivis pendant 28 jours. La parasitémie était évaluée toutes les 12 heures jusqu'à l'obtention de trois gouttes consécutives négatives. La correction moléculaire fut réalisée en utilisant le *msp2* et le *Ca1* sur les échantillons collectés avant et après traitement pour distinguer les réinfections des recrudescences. Le PCT fut calculé en utilisant le logiciel parasite clearance estimator de WWARN.

Résultats : 452 furent enrôlés. La RCPA brute était de 97%. Après correction, l'efficacité de la PA était de 99,8%. Le temps médian de la clairance parasitaire était de 5 h 38min IQR (3,78 – 6,90), la demi-vie de la clairance parasitaire était de 2 heures 45 minutes IQR (2,14 2,83). Le temps médian de la clairance de la fièvre était de 24 heures.

Conclusion : La PA reste efficace dans le traitement du paludisme non compliqué à Faladjè, Mali.

Mots clés : *Pyronaridine, Artésunate, Efficacité, Mali*

R131 : Etude du profil génétique de *Schistosoma haematobium* dans une population humaine soumise au traitement de masse au praziquantel

Agniwo K.P, Akplogan A.B, Sidibe B, Diakite A, Niare S.D, Guindo H, Ibikounle M, Boissier, J, Dabo A.

Introduction - La schistosomiase est une maladie parasitaire d'importance médicale et vétérinaire qui sévit dans les zones tropicales et subtropicales. En dépit de l'efficacité du praziquantel contre la schistosomiase, la persistance de la maladie dans des zones soumises au traitement de masse ne serait-elle pas liée à l'existence de parasites hybrides ? L'objectif de ce travail est d'étudier le profil génétique des parasites récoltés chez les enfants d'âge scolaire vivant dans les zones d'endémie.

Méthodologie - L'étude de nature prospective et transversale s'est déroulée en février 2021 dans la région de Kayes (Mali), une région d'élevage par excellence et endémique pour *Schistosoma haematobium*. Les parasites analysés provenaient des élèves de six villages répartis entre trois districts. Trente miracidia ont été prélevés individuellement chez chacun des vingt enfants fortement positifs sélectionnés dans chaque village, puis fixés sur carte FTA pour l'identification des espèces hybrides par PCR. Deux gènes ont été ciblés, un marqueur mitochondrial (COX 1) et deux marqueurs nucléaires (ITS /18S) révélés sur des gels d'électrophorèse.

Résultats - L'analyse moléculaire des miracidia de deux sites (Diakalèl et Fangouné Bambaran) a montré l'existence de parasites

hybrides (*Schistosoma haematobium* x *S. bovis*) chez les enfants du village de Diakalèl. En perspective, il s'agira de poursuivre l'analyse des échantillons des autres sites et de rechercher l'association entre l'existence des souches hybrides et la morbidité échographique des enfants.

Mots clés : *Schistosoma haematobium*, profil génétique, hybridation, Mali.

R132: *Plasmodium falciparum* in vivo clearance after artesunate treatment in Mali

Kone A, Dara A, Diallo N, Ouologuem D, Haidara A, Sangaré B, Sangare C. O, Sagara I, Thera M. A, Doumbo O. K, Djimde A. A

Introduction: Mechanisms used by malaria parasites to survive drug exposure are unclear. Prolonged parasite clearance time (PCT) is described as the resistance definition for *Plasmodium* to ACTs. In Africa, few cases of treatment failures with ACTs are observed and their prolonged PCT is not attributable to the K13 resistance marker. A pilot study in Mali showed, despite a high artesunate efficacy, a significant difference between patients' parasite clearance times. We need to better understand parasite and host factors involved in parasite post-treatment clearance times.

Methodology: A study was conducted in two Malian villages of Faladie and Bougoul-Hameau on 200 volunteers with uncomplicated malaria treated with artesunate for 7 days. Plasma samples were collected and used to measure patients' immunity levels associated with the parasite clearance time post artesunate treatment.

Results: Results for the immunity study were obtained for 65 patients from Faladje and 80 from Bougoula-Hameau after plasma analysis with the ArrayCAM® 400-S Microarray, we could observe an association between the response level against a certain number of parasite antigens and the clearance time.

Conclusion: We can conclude that host immunity plays a role in parasite clearance that should be considered when assessing drug efficacy in a high transmission area.

R133: Dynamics of molecular resistance markers of *Plasmodium falciparum* to chloroquine pfcrt k76t, pfmdr1 n86y from 2001 to 2015 in Kollé, Mali.

Diakite B, Kone AK, Dama S, Bamadio A, Niangaly A, Doumbia D, Kodio A, Djimde M, Djimde A.

Background: Chloroquine has been withdrawn because of the high resistance rate of *Plasmodium falciparum*. currently the recommended treatment for uncomplicated malaria is artemisinin-based combination therapy (ACT). Recent studies have shown that *P. falciparum* are becoming resistant to the ACT. There are few antimalarials in development. *Pfcr*t and *Pfmdr*1 allow reassessment of resistance to chloroquine. The aim of this study was to assess the dynamics of molecular markers of chloroquine resistance in Kollé, Mali.

Method: We analyzed samples collected from previous studies carried out in Kollé over a period from 2001 to 2015. PCR-RFLP method was used to assess the mutation in *Pfcr*t K76T and *Pfmdr*1 N86Y genes.

Results: We analyzed 652 samples. The overall prevalence of *Pfcr*t K76T and *Pfmdr*1 N86Y mutant alleles were 72.7% and 19.8%. This prevalence remained constant over the 12 years ($p > 0.05$). The *in vivo* resistance estimated by the GRI was 35.1%.

Discussion: This high prevalence of *Pfcr*t76T was consistent with previous studies conducted in Mali and Senegal. The overall prevalence of the mutant *Pfmdr*1 did not change throughout the study period and the comparison between the prevalence have shown any statistical difference. These results are identical to those observed in previous studies conducted in Africa.

Conclusion The prevalence of *Pfcr*t 76T was high and constant over the years in Kollé from 2001 to 2015 however, the prevalence of *Pfmdr*1 86Y gene was relatively low during the same period.

Keywords: *Plasmodium falciparum*, molecular markers, *Pfcr*t, *Pfmdr*, Kollé, Mali.

R134: Epidémiologie de la cryptococcose chez les personnes vivant avec le virus d'immunodéficience humaine (VIH) au Mali.

Dama S, Niangaly A, Konate A, Garango A, Kone AK, Djimde A, Doumbo S.

Introduction : La cryptococcose est une mycose systémique cosmopolite. Maladie opportuniste chez les patients immunodéprimés par le VIH, elle est une des principales causes infectieuses de mortalité en Afrique subsaharienne. Au Mali, la prévalence de la cryptococcose reste sous-estimée ; cette étude prospective a été initiée dont le but est d'étudier l'épidémiologie de la cryptococcose chez les PvVIH/SIDA.

Méthodologie : Les prélèvements ont été faits sur des patients PvVIH hospitalisés dans le service de maladies infectieuses du CHU-Point-G. Les tests de diagnostic rapide antigéniques ont été réalisés sur les prélèvements veineux reçus. Les tests à l'encre de Chine ont été réalisés sur les LCR. Les cultures ont été ensemencées à 37°C pour une durée comprise entre 4 et 6 semaines. Les cultures positives ont été analysées par le MALDI-TOF.

Résultat et discussion : La prévalence par les TDR était de 12% (8/67). La prévalence par le test à l'encre de Chine était de 18% (12/67). Le temps moyen d'incubation de la culture était de 3,5 semaines. La culture était positive dans 5% des prélèvements. L'espèce *Cryptococcus neoformans* a été la seule identifiée dans les cultures. La prévalence était plus élevée avec le test à l'encre de Chine comparativement au TDR. Les études antérieures réalisées en Afrique ont montré une prévalence similaire de 20% de la cryptococcose avec la technique à l'encre de Chine.

Conclusion : La prévalence de la cryptococcose était élevée dans la population d'étude.

Mots clés : Epidémiologie, Cryptococcose, VIH, Mali

R135 : Effet de la Pyronaridine-Artésunate sur le portage des gamétocytes et la

transmission de Plasmodium falciparum au Mali

Ouologuem D.T., Diallo D., Dara A., Kone A.K., Ballo F.I, Sangare C.P.O., Dao F., Goita S., Haidara A.S., Traore A., Niangaly A.B., Dama S., Sogore F., Dara J.N, Barre Y.N., Daou A., Cisse F., Diakite O., Fofana B., Tandina

Introduction. La Pyronaridine-Artésunate (PA) a été mise sur le marché malien en 2017, après son efficacité et son innocuité prouvées dans le traitement du paludisme simple à *P. falciparum*. Cependant, son effet in vivo sur la transmission n'est pas reportée. En effet, les antipaludiques peuvent influencer positivement ou négativement la densité des stades transmissibles, les gamétocytes, ainsi que la continuité du cycle chez le moustique. L'objectif de notre étude était de déterminer l'effet de la PA sur le portage des gamétocytes et la transmission de *Plasmodium falciparum* au Mali.

Méthodologie. Nous avons mené une étude transversale d'octobre à décembre 2019 et de septembre 2020 à janvier 2021 à Faladjé. Les sujets asymptomatiques de 6 ans et plus atteints de paludisme simple à *P. falciparum* étaient enrôlés et traités avec la PA et suivis pendant 28 jours. La densité gamétocytaire était déterminée aux jours de suivi par la microscopie. Le test d'infectivité des moustiques était effectué à J0 avant le traitement et J7. La prévalence oocystique était déterminée 8 jours après le repas sanguin infectieux.

Résultats. Sur les 87 participants, 64 ont été traités avec la PA. Il n'y avait pas de différence significative sur le portage et la clairance des gamétocytes entre les patients traités et le groupe contrôle. Dans le groupe traité, la prévalence oocystique entre J0 et J7 reste comparable (21% vs. 21,2%, p=0,9).

Conclusion. La PA est sans effet gamétocytocide. Contrairement à l'artémether-lumefantrine, l'artésunate-amodiaquine et l'artésunate-sulfadoxine-pyriméthamine, la PA n'a aucun impact sur l'infectivité.

Mots Clés: *Paludisme, Pyronaridine-artésunate, gamétocytes, infectivité, prévalence oocystique*

R136 : Artemisinin-based combination therapy for uncomplicated Plasmodium falciparum malaria in Mali: a systematic review and meta-analysis

Maiga F.O, Dara A, Wele M, Kayentao K, Diakite M, Li J, Sagara I, Djimde A, Mather F.J, Doumbia S.O, Shaffer J.G.

Background: Artemisinin-based combination therapy (ACT) was deployed in 2005 as an alternative to chloroquine and is considered the most efficacious available treatment for uncomplicated falciparum malaria. Widespread artemisinin resistance is yet to be reported in Africa. The purpose of this study is to provide a current systematic review and meta-analysis on ACT in Mali, where malaria is endemic.

Methods: A systematic review of literature maintained in bibliographic databases accessible through the PubMed, ScienceDirect and Web of Science search engines was performed to identify research studies on ACT in Mali. Selected studies included trials with reported polymerase chain reaction (PCR)-corrected outcomes at 28 days. Data were stratified by treatment arm (artemether-lumefantrine (AL), the first-line treatment for falciparum malaria in Mali and non-AL arms) and analysed using random-effects, meta-analysis approaches.

Results: A total of 11 studies met the inclusion criteria, and a risk of bias assessment carried out by two independent reviewers determined low risk of bias among all assessed criteria. The ACPRc for the first-line AL in Mali was 99.0% (95% CI (98.3%, 99.8%)), while the ACPRc among non-AL treatment arms was 98.9% (95% CI (98.3%, 99.5%)). There was no statistically significant ($p = .752$) difference in ACPRcs, between non-AL and AL treatment arms, suggesting potential treatment alternatives beyond AL.

Conclusions: ACT remains highly efficacious in treating uncomplicated falciparum malaria

in Mali. Continuous country-specific meta-analyses on ACT are needed for monitoring and evaluating drug efficacy, particularly in the wake of the emergence of resistance in East Africa.

Keywords: *Artemether–lumefantrine; Artemisinin-based combination therapy; Malaria; Mali; Systematic review.*

R137: Etude des marqueurs moléculaires de résistance de Plasmodium falciparum à la sulfadoxine-pyriméthamine et à l'amodiaquine à Dangassa, une année après l'implémentation de la chimioprévention du paludisme saisonnier au Mali

Kasse F

Introduction : La Chimioprévention du Paludisme Saisonnier (CPS) est recommandée dans les pays du Sahel pour prévenir le paludisme chez les enfants âgés de 3-59 mois, mais l'émergence de souches de *P. falciparum* résistantes aux molécules de la CPS reste une préoccupation majeure. Il apparaît nécessaire de surveiller l'évolution de la résistance du *Plasmodium* à la sulfadoxine-pyriméthamine (SP) et à l'amodiaquine (AQ) selon les recommandations de l'OMS.

Méthodes: Au total, 214 patients reçus en consultation de routine pour paludisme au centre de santé de Dangassa ont été inclus et génotypés.

Resultats: La mutation du gène *Pfdhfr* au codon 108 était la plus représentée (77,36%), suivie de la mutation *Pfdhfr* au codon 59 (74,30%) puis *pfdhfr* au codon 51 (45,97%) La proportion de marqueur moléculaire de résistance à la pyriméthamine était de 14% Dangassa, ce qui suggère une diminution de la prévalence de cet haplotype dans le sud du pays du Mali par rapport aux prévalences de 31,5% et 42,9% rapportées respectivement en 2002 et 2003 à Kollo; celle de l'amodiaquine était de 7%, une fréquence plus élevée de 66,6% pour l'amodiaquine au Sénégal a été rapporté par des auteurs.

Conclusion : La prévalence des marqueurs moléculaires de résistance à la combinaison

sulfadoxine-pyriméthamine (la quintuple mutation) était très faible soit 0,5%.

Mots clés : Marqueurs moléculaires, Résistance, *P. falciparum*, Sulfadoxine, Pyriméthamine, Amodiaquine

R138 : Evaluation of malaria care in children aged 3 to 59 months in the rural commune of Kalaban Koro, Mali.

Konaté B, Diawara SI, Traoré M, Dicko I, Diallo M, Doumbia CO, Sanogo I, Doumbia S, Diakité M.

Introduction: To reduce malaria burden, Mali adopted several control strategies including free healthcare and seasonal malaria chemoprevention (SMC) for children aged 3 to 59 months. However, malaria remains a major public health concern among them and more specifically. This study aimed at evaluating malaria management in children aged 3 to 59 months in Kalaban Coro.

Methods: It was a cross-sectional study conducted from July to October 2021 at the Kalaban Coro health reference center (CSRef) in Mali. Our population consisted of children aged 3 to 59 months who consulted at the pediatric department of the CSRef. We enrolled 298 consenting participants using simple random sampling. Data were collected using a questionnaire then analyzed with SPSS version 22. Pearson Chi² test or Fisher's exact test when appropriate were used to compare proportions. The significance level was set at 5%.

Results: Men (55.4%) and children aged 3 to 11 months (82.6%) were the most frequent in the study. A proportion of 74.8% of children use an insecticide-treated net and more than half (51.5%) received SMC drugs during the 2021 campaign. Thick smear and rapid diagnosis test (RTD) were performed respectively in 99.7% and 39.6% of cases. Severe malaria represented 63.4% of malaria cases. Injectable artesunate was the most prescribed antimalarial in uncomplicated (80.7%) and severe malaria (93.7%) cases. The average cost of malaria treatment was about \$44.

Conclusion: The national guidelines for the treatment of malaria among children aged 3 to 59 months were poorly applied by healthcare providers. Health care providers must be trained.

Keywords: *Malaria, SMC, Kalaban Coro, treatment, the CSRef.*

R139: A novel ex vivo drug assay for assessing the transmission-blocking activity of compounds on field-isolated *Plasmodium falciparum* gametocytes

Ouologuem D.T, Dembele, Dara A, Kone A.K, Diallo N, Sangare C.P.O, Ballo F.I, Dao F, Goita S, Haidara A.S, Traore A, Niangaly A.B, Dama S, Sissoko S, Sogore F, Dara J.N, Barre Y.N, Daou A, Cisse F, Diakite O, Doumbia D, Koumare S, Fofana B, Tandina F, Sylla D, Sacko A, Coulibaly M, Tekete M.M, Ouattara A. and Djimde A.A

Introduction. The discovery and development of transmission-blocking therapies challenge malaria elimination and necessitates standard and reproducible bioassays to measure the blocking properties of antimalarial drugs and candidate compounds. Most of the current bioassays evaluating the transmission-blocking activity of compounds rely on laboratory-adapted *Plasmodium* strains. Transmission-blocking data from clinical gametocyte isolates could help select novel transmission-blocking candidates for further development.

Methods. Using freshly collected *Plasmodium falciparum* gametocytes from asymptomatic individuals, we first optimized an ex vivo culture conditions to improve gametocyte viability and infectiousness by testing several culture parameters. We next pre-exposed ex vivo field-isolated gametocytes to chloroquine, dihydroartemisinin, primaquine, KDU691, GNF179, and oryzalin for 48 hours prior to direct membrane feeding and measure their blocking activity on oocyst development.

Results. Using 57 blood samples collected from Malian volunteers aged 6 to 15 years we demonstrate that the infectivity of freshly collected field-gametocytes can be preserved and improved ex vivo in a culture media supplemented with 10% horse serum at 4% hematocrit for 48 hours. Moreover, our optimized drug assay displays the weak transmission-blocking activity of chloroquine and dihydroartemisinin while primaquine and oryzalin exhibited a transmission-blocking

activity of ~50% at 1 μ M. KDU691 and GNF179 both interrupted Plasmodium transmission at 1 μ M and 5nM, respectively.

Conclusion. This new approach, if implemented, has a potential to accelerate the screening of compounds with transmission blocking activity.

Keywords: *Field-isolated gametocytes, ex vivo, culture, drug assay, transmission-blocking activity, direct membrane feeding assay*

R140: Réactivité croisée des antigènes Pf27, Pf43, Pf45 de *P. falciparum* avec leurs orthologues Pv27, Pv43, Pv45 de *P. vivax* aux sera des volontaires vivant à Kéniéroba, Mali

Kante S, Balam S, Konate D, Guindo MA, Traore A, Dembele A, Diakite S, Kasse F, Traore K, Denou L, Doumbia S, Corradin G, Diakite M

Introduction : Le polymorphisme antigénique de *P. falciparum* représente un défi majeur pour le développement d'un vaccin efficace contre le paludisme. Les outils bio-informatiques restent une approche réaliste pour identifier de nouveaux antigènes pouvant être utilisés comme candidats vaccins potentiels. Cette étude visait à évaluer la réactivité croisée des antigènes Pf27, Pf43 et Pf45 de *P. falciparum* avec leurs orthologues Pv27, Pv43 et Pv45 de *P. vivax* aux sera des volontaires vivant à Kéniéroba, une zone d'endémie à *P. falciparum* au Mali.

Méthodes : Les peptides antigéniques couvrant les séquences protéiques Pf et Pv orthologues ci-dessus ont été testés pour les niveaux d'anticorps IgG par ELISA sur des échantillons de sérum d'enfants (n= 41) et d'adultes (n= 48).

Résultats : La séroprévalence pour Pv27 était de 42,7% contre 29,2% pour Pf27 ; 12,4% pour Pf43 contre 6,7% pour Pv43, et 13,5% pour Pv45 contre 11,2% pour Pf45. La séropositivité à Pf27 (56,1%, p=0,0001), Pv27 (87,8%, p=0,0001), Pv45 (29,3%, p=0,0001) était significativement plus élevée chez les enfants. Une corrélation significative a été trouvée entre les anticorps contre les antigènes de *P.*

falciparum et leurs orthologues de *P. vivax* dans les sérums des enfants et des adultes (p<0,05).

Discussion : Les sérums des enfants et des donneurs adultes ont bien réagi au couple Pf27/Pv27. La séroprévalence élevée suggère l'existence d'une réactivité croisée entre les antigènes de *P. falciparum* et leurs orthologues *P. vivax* qui pourrait être expliquée par la similitude de leurs séquences peptidiques ou d'un contact préalable des populations avec le *P. vivax*.

Mots clés : *Réactivité croisée, P.falciparum, P.vivax, Adultes, Enfants, Mali*

R141: Chimio prévention du paludisme saisonnier et infection asymptomatique à Plasmodium falciparum chez les enfants de moins de 10 ans à Koulikoro.

Sanogo D; Toure MB; Tounkara M; Keita M; Kane F ; Keita S et Doumbia S.

Introduction : La chimio prévention du paludisme saisonnier (CPS) repose sur l'administration mensuelle de la Sulfadoxine-pyriméthamine à des enfants à risque de paludisme sans connaître leur statut infectieux. Le but de cette étude était de déterminer chez les enfants le risque de présenter un paludisme clinique en fonction de leur statut infectieux après la CPS.

Méthodologie : L'étude s'est déroulée dans le district sanitaire de Koulikoro chez les enfants de moins de 10 ans. Une cohorte de 750 enfants en 2019 et 1582 enfants en 2020 a été sélectionnée aléatoirement. Avant chaque passage CPS, une goutte épaisse était réalisée pour déterminer la prévalence de l'infection asymptomatique à *P. falciparum*. Tous ces enfants étaient suivis après chaque campagne CPS. Une régression de Cox a été utilisée pour évaluer les risques de survenue du paludisme selon le statut infectieux palustre asymptomatique.

Résultats : La prévalence de l'infection asymptomatique était de 16,36% et 11,01% en début de campagne contre 13,88% et 7,1% en fin de campagne respectivement en 2019 (p=0.02) et 2020 (p=0.0008). L'incidence du paludisme clinique était plus élevée chez les

porteurs asymptomatiques ayant reçu la CPS par rapport aux non-infectés avec un hasard ratio moyen de 3,09[1,82-5,25] en 2019 et 2,325[1,737-7,334] en 2020.

Discussion : Cette étude a montré qu'il existe une association entre la survenue du paludisme clinique et le statut palustre infectieux asymptomatique de l'enfant avant la CPS à Koulikoro. Un nettoyage du réservoir parasitaire pourrait renforcer l'impact de la CPS chez les enfants de moins de 10 ans.

Mots clés : *Paludisme asymptomatique, CPS.*

R142: Complexity of *Plasmodium falciparum* infection associated with differences in parasite clearance time in two villages of Mali

Sissoko S, Kone A, Dara A, Oboh M A, Fofana B, Sangare C O, Dembele D, Haidara A S, Diallo N, Toure S, Haidara K, Sanogo K, Doumbo O K, Ngwa A A, Djimde A A.

Introduction: Artemisinin-based combination therapies are used as first-line treatments for uncomplicated malaria in endemic areas. However, cases of resistance to artemisinin have already been described in South-East Asia resulting in prolonged parasite clearance time after treatment. In Mali, though mutations in the K13 gene observed, a significant difference in parasite clearance time following treatment with artesunate was observed between Bougoula-Hameau and Faladje in Mali. Hypothetically, differences in complexity of *Plasmodium falciparum* infections may account for this difference. The aims of this work therefore were to assess the complexity of infection and genetic diversity of *P. falciparum* parasites collected during artesunate monotherapy in Bougoula-Hameau and Faladje.

Thirty (30) patients per village were randomly selected from 221 patients enrolled in a prospective artesunate monotherapy study conducted in Faladje and Bougoula-Hameau in 2016. All blood samples with parasitemia during treatment were retained for this work. DNA was extracted with the Qiagen kit and *Pfmsp* and *Pfama1* were amplified by nested

PCR and then sequenced using the Illumina platform. Data was analyzed with R.

One day after initiation of treatment the complexity of the infection was higher in Faladje (6; CI:4-8) than in Bougoula-Hameau (4; CI:4-6) with a p-value =0.02. Parasites were more similar between the two villages at the start of treatment than 24 hours after initiation of treatment. Genetic diversity of *Pfama1* and *Pfmsp* between the two villages was high.

This study demonstrated that the difference in parasite clearance observed between the two villages could be due to the genetic diversity of parasites.

Keywords: *Artesunate, Complexity of Infection, Genetic Diversity*

R143: Chimio-prévention du paludisme saisonnier avec la Dihydroarthémisine-pipéraquline (DHAPQ) chez des enfants de âgés moins de 10 ans à Koulikoro, Mali : Etude pilote

Keita S, Toure M, Sanogo I, Sanogo D, Keita M, Kané F, Coulibaly H, Traoré B, Niaré S, Sogoba N, Diakité M, Shaffe J.G, Doumbia S

Introduction: Depuis 2016, la chimio-prévention du paludisme saisonnier avec SP+AQ est effective sur toute l'étendue du territoire malien pendant la saison de haut risque. Malgré son efficacité prouvée dans la prévention sur la morbi-mortalité liée au paludisme, la CPS avec la SPAQ présente des insuffisances diverses. Cette étude va tester l'hypothèse selon laquelle la DHAPQ est aussi efficace que la SPAQ lorsqu'elle est utilisée pour la CPS chez les enfants de moins de 10 ans.

Méthodes : Il s'agit d'un essai clinique randomisé dans 9 villages repartis en trois grappes dont un contrôle. Ici, nous allons comparer les résultats des deux bras d'étude où la CPS était délivrée aux enfants de moins de 10ans (SPAQ vs. DHAPQ) en 2019 et en 2020.

Résultats : Le taux de couverture moyen était similaire entre les deux groupes. La prévalence de l'infection asymptomatique à *Plasmodium falciparum* a montré une réduction significative dans le bras DHAPQ. Le risque de survenu du premier épisode palustre chez les enfants

montrait une diminution significative pour le groupe DHAPQ soit : 74% de moins en octobre (HR=0.26 ; 95% IC [0.20, 0.33]) et 62% de moins en novembre (HR=0.38 ; 95% IC [0.32, 0.45]).

Conclusion : Nos résultats montrent que la DHAPQ est autant efficace que la SPAQ pour la CPS chez les enfants de moins de 10ans avec des avantages à la compliance au traitement qui augmente à cause du faible taux d'effets indésirables rapportés comparativement à la SPAQ mais aussi le gout du médicament qui facilite la prise par les enfants.

Mots clés : *Essai clinique randomisé, Paludisme, Chimio-prévention du paludisme saisonnier, Dihydroartémisin-piperaquine, Sulfadoxine-Pyriméthamine plus Amodiaquine, enfants de moins de 10 ans*

R144 : The Impact of Feeding Method on Anopheles Mosquito Midgut Microbiota and Plasmodium falciparum Infection Rates

Tandina F, Talman A, Dara A, Ferguson C, Ouologuem D, Dembele L, Sissoko S, Koumare S, Toure M, Dao F, Diallo N, Tembely B, Sylla D, Coulibaly M B, Lawniczak M, Djimde A

Background: The mosquito gut microbiome is considerably altered during blood feeding, which has recently been a hot topic. Current experiments typically use mosquitoes fed on an artificial membrane system to investigate the importance of host-microbiome and to measure the success of parasite transmission. Such an approach may not adequately represent a natural feeding on human skin. This project aimed to establish whether or not mosquito feeding mode alters either mosquito gut microbiota and/or parasite infectivity of mosquitoes.

Methods: We carried out this study in Faladie, a rural village in Kati, 80 kilometers from Bamako in Mali. We used assays to compare parasite infections from skin-fed mosquitoes that fully recapitulate the natural infection process to membrane-fed mosquitoes. In total, we included 20 volunteers who were carriers of *Plasmodium falciparum* gametocytes to feed 3000 laboratory *Anopheles coluzzii*

mosquitoes on the skin and on a membrane using blood from the same donor. **Results:** Both the direct skin feeding and mosquito survival rates were higher than those from the direct membrane feeding assay. Parasite infection rates were similar for both feeding methods. The first submission was of 87 samples. For 85 of 87 samples that had sufficient number of reads, we've run the pipeline in order to reconstruct haplotype sequences with DADA2 and perform taxonomic classification with QIIME2 and DADA2, both using silva-138 database dereplicated at 99% similarity. In the preliminary sequencing results, we found a great diversity for bacterial community for the two donors. The remaining sequencing and analysis in progress.

Key words: *Anopheles coluzzii, skin-fed, Membrane-fed, microbiota, Plasmodium falciparum*

R145: disposition de la lumefantrine chez les participants atteints de paludisme et son implication dans la récurrence de plasmodium falciparum au mali.

Tekete M.M., Toure S., Dama S., Dara N., Traore O.B., Fofana B., Sidibe B., Sagara I., Doumbo O.K., Djimde A.A.

Introduction : L'Arthemether Lumefantrine est un traitement de première intention du paludisme simple au Mali. Le rôle de la lumefantrine dans cette combinaison est d'éliminer les parasites restant après l'action de l'Arthemether et de protéger contre une nouvelle infection. L'objectif de ce travail est de mesurer l'impact de la concentration de la lumefantrine au jour 7 de suivi sur la récurrence des parasites de *Pf*.

Méthodes : Au cours de l'essai clinique WANECAM1 ; nous avons collecté au jour 7 du suivi, du plasma des participants âgés de 6 mois et plus, traités avec l'AL à Sotuba, Bougoula-Hammeau et Kollé entre 2011 et 2015. La chromatographie liquide haute performance a été utilisée pour l'analyse des échantillons.

Résultats : Au total nous avons analysé 1076 échantillons. La concentration médiane était de

66% plus élevé ($p < 0.0001$) chez les participants qui n'avaient pas de parasites récurrents au jour 28 de suivi comparé aux participants avec des parasites récurrents 509,1 ng/ml ($n=919$) contre 372,5 ng/ml ($n=157$). La concentration augmentait avec l'âge et les différences étaient statistiquement significatives. Les enfants de moins de 5 ans avaient la plus faible concentration : 305,9 ng/ml (207,3 – 491,5 ; $n = 140$). Les concentrations au jour 7 inférieures à un seuil de 380 ng/ml ne protégeaient pas contre les récurrences.

Conclusion : Nous avons trouvé une faible concentration de luméfantrine chez les participants qui ont des parasites récurrents. Les enfants de moins de 5 ans avaient la plus faible concentration de luméfantrine au jour 7 et on a besoin d'un ajustement de leur dose d'AL.

Mots clés : *Lumefantrine, concentration, jour 7, âge, sexe.*

R146 : Etude de la prévalence de *Plasmodium malariae* et de sa susceptibilité ex-vivo aux molécules à activité antiplasmodiale à Faladjé, Mali.

Sogore F, Aniweh Y, Diallo N, Traore A, Diakite S, Diakite M, Campo B, Awandare GA, Djimde A et Dembele L

Introduction : La culture in vitro et ex-vivo de *P. falciparum* a facilité la recherche active sur le parasite du paludisme en vue de la recherche de connaissances fondamentales et de la découverte de traitements médicamenteux efficaces. Un tel programme de découverte de médicaments n'est actuellement pas facilement envisageable pour *P. malariae* simplement en raison de l'absence de système de culture in vitro et ex-vivo de ses stades sanguins asexués.

Méthodes : Nous avons mené une étude prospective longitudinale à Faladjé de septembre 2018 à octobre 2019 visant à évaluer l'efficacité ex-vivo du panel d'antipaludiques contre *P. malariae*. Les composés testés comprenaient la chloroquine, la luméfantrine, l'artéméther et la quinine.

Résultats : Les infections à *P. malariae* étaient plus fréquentes dans la population asymptomatique (14,53%) que celles des

populations symptomatiques (2,39 %). *P. malariae* a réussi à se développer en culture ex-vivo en absence du complément 10% de glucose. A partir de cette méthode de culture ex-vivo de *P. malariae* établie, nous avons évalué son potentiel pour le criblage d'antipaludiques. L'Artéméther, Luméfantrine, Chloroquine et Quinine ont pu inhiber la plupart des isolats *P. malariae* dans un délai de 72 h d'exposition. Lorsque la susceptibilité de *P. malariae* a été évaluée aux médicaments candidats comparée à celle de *P. falciparum*, nous avons observé une susceptibilité similaire entre les deux espèces aux traitements KDU691 et GNF179 respectivement ($p = 0,7255$) et ($p = 0,2726$).

Conclusions : *P. malariae* s'est développé avec succès dans les conditions de culture de *P. falciparum*, en absence d'un supplément de 10% glucose permettant ainsi de cribler les médicaments antipaludiques contre les isolats cliniques de *P. malariae*.

Mots clés : *P. malariae, culture ex-vivo, médicaments candidats et de référence*

R147 : Surveillance de l'efficacité et de la tolérance des combinaisons thérapeutiques à base d'artémisinine dans la prise en charge de l'accès palustre à *Plasmodium falciparum* au Sénégal et étude des marqueurs moléculaires pfk13 et pfcoronin

Diallo MA, Diongue K, Badiane AS, Ndiaye YD, Ndiaye M, Sy M, Seck MC, Ndiaye D.

Introduction: Au Sénégal, le PNLN et ses partenaires en collaboration avec l'UCAD à travers le Centre International de recherche et de formation en Génomique Appliquée et Surveillance Sanitaire (CIGASS) mènent régulièrement des études d'efficacité thérapeutique (TES) et des marqueurs moléculaires de résistance aux antipaludiques sont surveillés parallèlement.

Méthodes: Il s'agit d'une étude ouverte, randomisée, à trois bras pour évaluer l'efficacité et la tolérance de l'artéméther-luméfantrine (AL), de l'artésunate-amodiaquine (ASAQ) et de la dihydroartémisininepiperaquine

(DP), selon un protocole modifié de l'OMS en 2009. L'étude a été menée dans différents faciès épidémiologiques du paludisme. Les patients suspects de paludisme ont été dépistés, recrutés, traités et suivis pendant 28 jours pour les bras AL et ASAQ ou 42 jours pour le bras DP. Les réponses cliniques et parasitologiques ont été évaluées après un traitement antipaludique. Le génotypage (msp1, msp2 et barcode 24 SNP) a été effectué pour différencier les recrudescences des réinfections; Les marqueurs moléculaires de résistance aux antipaludiques ont été évalués : mutations pfk13 et pfcoronin.

Résultats: En 2018, les réponses cliniques et parasitologiques adéquates (RCPA) non corrigées/corrigées par PCR étaient de 100,0% dans les bras AL et ASAQ. À Kédougou, les valeurs RCPA corrigées par PCR étaient respectivement de 98,8 %, 100 % et 97,6 % dans les bras AL, ASAQ et DP. Les années qui ont suivi, nous avons noté des RCPA de 100% pour tous les bras. Aucune mutation pfk13 ni pfcoronin associée à la résistance à l'artémisinine n'a été trouvée. Globalement, les schémas thérapeutiques étaient bien tolérés. Quelques événements indésirables mineurs ont été enregistrés, qui n'ont pas nécessité un changement de traitement. Cela incluait uniquement des vomissements chez quatre patients sous le bras ASAQ.

Conclusion: L'ensemble des études menées ces dernières années ont montré que les combinaisons thérapeutiques à base de dérivés d'artémisinine (AL, ASAQ et DP) restent efficaces dans le traitement de l'accès palustre simple à *Plasmodium falciparum* au Sénégal. Aucune mutation liée à la résistance à l'artémisinine n'a été observée sur les gènes pfk13 et pfcoronin.

R148 : Risque de résistance lié à l'utilisation des antibiotiques dans les fermes avicole et les vendeurs détaillants au Burkina Faso

Soro K D; Sawadogo A; Nikiema M E M; Sama B N F; Kagambega A; Barro N

Introduction: Au Burkina Faso, l'aviculture est une activité en croissance. C'est importante source de revenu mais aussi une source de protéines animale disponible. En revanche, des pratiques d'élevage inappropriées pourraient présenter des risques de développement des résistances bactériennes. L'objectif de cette étude est de faire une analyse des utilisations d'antibiotiques vétérinaires dans les élevages périurbains au Burkina Faso.

Méthodes: Une interview de 121 éleveurs a été réalisée et des observations ont été faites.

Résultats: L'usage d'antibiotique a représenté 87,6% avec de l'automédication utilisant principalement l'amoxicilline et la tétracycline et ses dérivés provenant des ventes de rue (51,2 %), pharmacies vétérinaires (56,2 %) et les officines (3,3 %). L'usage était préventif, curatifs et anti-stress. 47% n'avaient pas respecté le délai d'attente.

Discussion: Les élevages avec la population (Gwan et al., 2020) est source de transmission de pathogènes à l'homme (Kagambèga et al., 2021). La biosécurité dans les zones urbaines sont difficiles (Hedman et al., 2020). Le mixage facilite le partage de germe (Gall-ladeveze, 2022). L'automédication augmente la résistance aux antimicrobiens et l'usage de médicaments interdits (Samandoulougou et al., 2016). Les résidus d'antibiotiques indiquent un non-respect des délais d'attentes (Bagre et al., 2015) conduisant à des sélections de bactéries résistantes (KADJA et al., 2020). Les tétracyclines entraînant des risques de prolifération de bactéries multirésistantes (OIE, 2021). Une surveillance et une sensibilisation pour un usage contrôlé des antibiotiques est nécessaire.

Mots clés : *Volaille, Antibiotiques, Bonnes pratiques, Burkina Faso*

R149 : Performances des laboratoires de surveillance de la résistance aux antimicrobiens sur la qualité de l'antibiogramme au Burkina Faso

Zongo E, Kabore O, Yenyentou A, Muhigwa M, Abdoulaye N A, Madingar D.P, Nagalo A, Sawadogo C, Ouedraogo A.S

Introduction : La qualité des données de surveillance de la résistance aux antimicrobiens (RAM) générées par les laboratoires est intrinsèquement liée à la maîtrise du processus de réalisation de l'antibiogramme. Le but de cette étude était de contribuer à l'amélioration de la qualité de la réalisation des tests de sensibilité aux antimicrobiens.

Méthodes : Nous avons procédé par une évaluation sur site de la gestion de la qualité de l'antibiogramme durant la période du 19 Septembre au 28 Septembre 2022 à l'aide d'une Checklist élaborée et validée par un comité technique d'expert. Des équipes de binôme dont un expert technique de l'antibiogramme et un spécialiste en qualité au laboratoire de Biologie médicale ont été formées sur la checklist pour conduire l'évaluation. Les données ont été analysées sur Excel et des niveaux de score étaient définis pour apprécier les performances des laboratoires.

Résultats et Discussions : Le taux de participation à l'évaluation était de 97,74% (18/19). Les laboratoires privés étaient peu représentés avec un effectif de 03 contre 15 du public. Le meilleur score de performance était de 58% et le score faible de 26%. Des actions d'amélioration étaient urgentes pour 55,6% des participants. La seule section avec des meilleurs scores était la section « Etape analytique de réalisation de l'antibiogramme ».

Les performances des laboratoires sentinelles RAM étaient moins satisfaisantes et un plan d'action corrective a été proposé afin d'accompagner ces laboratoires pour l'amélioration de la qualité de l'antibiogramme.

Mots clés : *Performance, laboratoires sentinelles, antibiogramme, Burkina Faso*

R150: Distribution of the Kdr L104F, kdr L104S, ace-1R G119S and rdl Ala296Gly & Ala296Ser mutations and resistance status in natural populations of *Anopheles gambiae* s.l. from different ecological zones in Burkina Faso

Abdou Azaque Zoure, Athanase Badolo and Frédéric Francis

Background: The aim of this study is to investigate the distribution of L104F) L104S kdr mutations, ace-1R mutation (G119S) and GABA (rdl Ala296Gly and Ala296Ser) resistance status in *An. gambiae* s.l. from cotton growing sites and cotton-free sites in three agro-climatic zones of Burkina Faso.

Methods: The insecticide resistance-associated mutations are characterized using polymerase chain reaction (PCR) analysis.

Results and discussion: The proportion of mosquitoes with resistant allele (homozygous and heterozygous) was 76.66% for the West Africa kdr mutation (L104F), 7.78% for the East kdr Africa mutation (L104S), 20% for the ace-1R mutation (G119S) and 18.88% for the Rdl mutation (Ala296Gly and Ala296Ser). The comparison of the distribution of the four mutations shows no statistical difference except for the ace-1R mutation (G119S), with a high resistance rate in the cotton-growing site ($p < 0.05$). Considering kdr West Africa mutation (L104F), the observed genotypic frequencies were not significantly different from Hardy-Weinberg expectations, from any site except the population from Houndé (Sudanian) ($P = 0.02$). Contrary, for kdr East Africa mutation (L104S) and Rdl mutation (Ala296Gly and Ala296Ser), Hardy-Weinberg equilibrium was rejected at all sites at the 95% confidence level ($P = 0.0001$). Any observed genotypic frequency was not significantly in the ace-1R mutation (G119S) populations. A peak in the resistance rate is found in the Soudano-Sahelian climatic area for all mutations except ace-1R mutation (G119S), which is more important in the Sudanian region.

Keywords: *An. gambiae* s.l., genes mutation, insecticide resistance, Burkina Faso

R151: Détection biologique des résidus d'antibiotiques dans le lait et produits laitiers de vache consommés à Ouagadougou, Burkina Faso.

Bagre T.S, Barro N

Introduction : L'élevage traditionnel au Burkina n'associe pas généralement les bonnes pratiques vétérinaires. Il se traduit par une utilisation anarchique des antibiotiques et le

non-respect des délais d'attente. L'objectif est de mettre en évidence les résidus d'antibiotiques dans le lait et les produits laitiers consommés dans la ville de Ouagadougou, Burkina Faso.

Méthodes : Au total, 201 échantillons de produits laitiers ont été collectés d'avril à novembre 2013 dans des marchés populaires et supermarchés de neuf (9) villes du Burkina Faso puis analysés par la méthode biologique utilisant *Bacillus subtilis* ATCC 6633 et *Geobacillus stearothermophilus* ATCC 10149.

Résultats : Les aminosides et/ou quinolones et/ou macrolides et les bêta-lactamines et/ou sulfamides et/ou tétracyclines ont été détectés respectivement dans 17,24% et 51,72% des laits crus. Les aminosides et/ou quinolones et/ou macrolides ont été détectés dans 25% des laits caillés, 2,38% des laits pasteurisés et 16,66% des yaourts. Enfin, les bêta-lactamines et/ou sulfamides et/ou tétracyclines ont été détectées dans 70% des laits caillés, 66,66% des laits pasteurisés et 38,88% des yaourts.

Conclusion : Les laits et les produits laitiers consommés contiennent des résidus d'antibiotiques de différentes familles à des doses variées. Ainsi, des mesures pour la qualité des produits laitiers doivent être prises afin de préserver la santé des consommateurs.

Mots clés : Lait, Produits laitiers, Résidus d'antibiotiques, *Bacillus subtilis*, *Geobacillus stearothermophilus*.

R152 : Caractérisation moléculaire du gène Rhésus D (RhD) chez les donneurs de sang présentant le phénotype DEL au centre national de transfusion sanguine (CNTS) de Bamako ; Mali

Diallo R, Diallo D, Coulibaly T A, Samake Z, Cisse M, Traore D, Coulibaly S O, Keita D, Dembele D, Kouame E S, Ba A, Kone A, Maiga B.

Introduction : Le rhésus est le système le plus complexe des groupes sanguins. Le phénotype Rh Del est exprimé très faiblement à la surface des hématies et ne peut être détecté que par adsorption/élution. L'allèle RhD 1227 est le plus rencontré chez les Rh Del avec un gène RhD grossièrement intact.

Méthodologie : Après une confirmation du Rh Del par adsorption/élution, l'ADN des participants a été isolé avec le kit Qiagen et amplifié par PCR classique avec le kit One Tag 2X mastermix en utilisant 10 μ M d'amorces spécifiques au gène RhD et l'allèle RhD1227A. Les amplicons ont été visualisés sur gel d'agarose 1%.

Résultats : Un total de 365 donneurs RhD sérologiquement négatifs ont été inclus dans cette étude. Le sexe masculin était majoritaire avec 90,4%. La tranche d'âge [26-39] représentait 52,9 % et l'âge moyen était 32,54 \pm 33,53ans. Le phénotype Ccee représentait 72,72%. Le groupe sanguin O était le plus représenté avec 38,6%. Le phénotype Rh Del était positif chez 7,1% (26/365). Les dix exons du gène RhD ont été amplifiés chez 69,23% des Rh Del positifs et l'allèle RhD 1227A était présent chez ces échantillons.

Conclusion : Notre étude a montré la présence du gène Rh D intact chez tous les échantillons avec la présence de la mutation responsable du Rh Del. Cependant nous avons observés d'autres amplifications, il serait donc intéressant d'identifier ces gènes par des techniques beaucoup plus avancées comme le séquençage.

Mots clés : Allèle RhD, Phénotype DEL, Donneurs de sang.

R153: Évaluation de la consommation des antibiotiques en hospitalisation dans le service des maladies infectieuses et tropicales du CHU Point-G

Cissoko Y, Beye SA, Dega AK, Guindo I, Soumaré M, Sogoba D, Magassouba O, Fofana A, Konaté I, Dao S, Bougoudogo F.

Introduction : La surconsommation d'antibiotiques exerce une pression de sélection sur les bactéries favorisant la résistance aux antibiotiques. Nous avons évalué la consommation des antibiotiques en hospitalisation au service des maladies infectieuses du CHU Point G.

Méthodes : Il s'agissait d'une étude prospective, réalisée au 2^{ème} semestre de 2020,

incluant tous les patients hospitalisés dans le dit service ayant consommés au moins un antibiotique. La classification ATC et le calcul de la dose définie journalière (DDJ) ont été utilisés. Le type d'antibiothérapie et la sensibilité antibiotiques des bactéries isolées ont été documentés.

Résultats : Une antibiothérapie a été administrée chez 130 patients sur 184 hospitalisés (70,6%). Le sex-ratio égale 1 et l'âge moyen 40,7±13,1 ans. L'antibiothérapie probabiliste avait pour principale indication le sepsis secondaire à une infection pulmonaire (34,6%), tandis que l'antibiothérapie ciblée la gastroentérite à *E. coli* (25,5%) et la tuberculose pulmonaire (25,5%). Les bactéries les plus fréquents isolées étaient *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* et *Mycobacterium tuberculosis*. Les familles d'antibiotiques les plus consommés étaient les sulfamides + triméthoprimine soit 944,7 DDJ suivies des β-lactamines soit 140,5 DDJ et les 5-nitroimidazolés soit 131,5 DDJ. La consommation globale des antibiotiques était de 1417,76 DDJ. *E. coli* isolé avait une sensibilité à 100% à ertapénème, amikacine et tobramycine. Aucun cas de tuberculose résistante à la rifampicine n'a été noté. L'évolution était favorable dans 74% en cas d'antibiothérapie ciblée contre 57% en cas d'antibiothérapie probabiliste.

Discussion : La consommation d'antibiotique est élevée au SMIT, l'antibiothérapie ciblée y est plus efficace et des germes résistants y circulent.

Mots clés : *Antibiotiques, ATC, DDJ, bactéries, résistance.*

R154: Surveillance de la consommation des antibiotiques au niveau des établissements d'importation et de vente en gros de produits pharmaceutiques au Mali

Traoré O, Maiga AC, Arama PD, Coulibaly Y, Diouf AIA

Introduction : L'augmentation de la RAM a été démontrée au Mali depuis quelques années, plusieurs cas de résistances et multi-résistances

ont été observés parmi les souches hospitalières que communautaires.

L'OMS à travers le projet KOICA, a apporté une assistance à la DPM du Mali pour mettre en place la surveillance de la consommation des antibiotiques.

Ainsi, une enquête nationale fut réalisée en 2020 sur les données de distribution des antibiotiques chez 09 établissements d'importation et de vente en gros de produits pharmaceutiques. Ces données ont été diffusées dans GLASS, dans le but d'obtenir des tendances de consommation et développer des stratégies d'optimisation de l'usage des antibiotiques.

Méthodes : Nous avons réalisé une étude rétrospective sur les distributions des grossistes répartiteurs. La collecte a concerné les données des années 2017, 2018, 2019 et a été effectuée avec WHO_AMC_Template ATC-DDJ de l'OMS.

Résultats : Nous avons obtenu 173 générique DCI et 496 générique de marque /spécialités (forme et dosage confondu).

Les antibiotiques représentaient 22,1% des médicaments inscrits dans la nomenclature.

La consommation d'antibiotiques par voies d'administration : orale (92.6%, 97.0%, 95.7%), parentérale (7.4%; 3.0%; 4.3%) exprimée en DDJ pour 1000 habitants par jour respectivement en 2017, 2018 et 2019, la famille des bêta-lactamines était la plus consommée avec (44,5% ; 52,6% ; 39,9%).

La consommation des antibiotiques par catégories AWaRe : Access (56.5%, 67.1%, 53.9%), Watch (43.4%, 32.1%, 45,6%), Reserve (moins de 1%) exprimée en DDJ pour 1000 habitants par jour pour les trois années.

Discussion: Les résultats de notre étude ont révélé que les Bêta-lactamines (pénicillines+ céphalosporines) représentaient la famille d'antibiotique la plus consommée, une autre enquête réalisée au Burkina Faso en 2017 avait montré cette même tendance de consommation en faveur des Bêta-lactamines. Ces différents résultats prouvent l'importance de développer un système de surveillance et une politique de bon usage des antibiotiques notamment la classification AWaRe.

Mots clés : *Résistance, Antibiotique, Grossistes, Distribution, Consommation, Mali.*

R155: Méta-analyse du profil et sensibilité aux antibiotiques des bactéries responsables de méningites isolées dans le liquide céphalo-spinal (LCS) au Mali de 2000 à 2020.

Alle Akakpo Essenam, Cissoko Y, Guindo I, Ouédraogo D, Konate I, Soumare M, Sogoba D, Magassouba O, Fofana A, Bougoudogo F, Dao S.

Introduction : au Mali, pays de la ceinture méningitique, le diagnostic microbiologique des méningites bactériennes reste rare. Etablir le profil des bactéries responsables des méningites et leur sensibilité aux antibiotiques contribuerait à formuler des recommandations nationales.

Méthodologie : il s'agit d'une méta-analyse des études accessibles portant sur les bactéries isolées dans les LCS au Mali de 2000-2020 et leur sensibilité aux antibiotiques. Les bases de données consultées étaient les bibliothèques universitaires (Bamako, Dakar, Abidjan), PubMed, Medline et Google-scholar. L'outil d'évaluation des études observationnelles et transversales du NIH a permis de sélectionner les études de qualité et le logiciel StatDirect pour l'analyse statistique (diagrammes en forêt et en entonnoir).

Résultats : Seize études ont été retenues. La positivité des examens bactériologiques du LCS variait entre 12 et 100%, soit une positivité combinée de 32% (95% IC:21-46%). *Streptococcus pneumoniae*, *Neisseria meningitidis* et *Haemophilus influenzae* B (Hib) étaient les bactéries fréquemment isolées avec respectivement 24,2%, 21% et 14,3%. Chez l'adulte les germes prédominants étaient *Neisseria meningitidis* (31,8%) et *Streptococcus pneumoniae* (8,2%). Chez les enfants, la fréquence des bactéries variait entre 2002-2008 et 2009-2018 : une baisse de 12,1% à 3,3% pour le Hib, une augmentation de 7% à 40,7% pour *Neisseria meningitidis* et de 12,1% à 30,5% pour *Streptococcus pneumoniae*. Ces 3 germes conservaient leur sensibilité aux bêta-lactamines ainsi qu'aux chloramphénicol et la ciprofloxacine.

Conclusion : *Neisseria meningitidis* et *Streptococcus pneumoniae* étaient les germes les plus fréquemment rencontrés dans les méningites bactériennes au Mali de 2000-2020 avec une sensibilité aux bêta-lactamines conservée.

Mots clés : *méningite, liquide céphalo-spinal, bactérie, sensibilité.*

R156: Qualité du lavage des mains en réanimation du Point G

Beye SA, Diallo B, Tembine L, Dicko H, Sidibé A, Kassogué A, Coulibaly K, Keita M, Coulibaly Y.

Introduction: L'objectif de cette enquête était d'évaluer la qualité du lavage des mains au savon en milieu de réanimation

Malades et méthodes : Nous avons effectué un prélèvement des mains effectué avant et après lavage des mains du personnel soignant au moment des soins en réanimation polyvalente.

Résultats: Au moment de l'enquête 15 agents étaient prélevés. Nous avons constaté la présence de germes pathogènes sur les mains de 8 agents sur 15 (53,3%). Avant le lavage les germes retrouvés étaient un gram positif (8 cas), un bacille gram négatif (4 cas) dont 3 non fermentants, un enterocoque (3 cas), un champignon (2 cas). Après lavage ces germes étaient un gram positif (9), un bacille gram négatif (5) dont deux cas entérobactéries non présentes avant le lavage des mains, un enterocoque (2). Parmi les agents ; deux avaient sur les mains *Acinetobacter baumannii* avec le même profil de résistance. Les germes pathogènes étaient sauvages en majorité et avaient le même profil sur plusieurs mains.

Conclusion : Le lavage des mains constitue une arme considérable contre les infections associées aux soins. Une attention particulière doit être accordée à cette technique pour un contrôle des infections en milieu de soins

Mots clés : *lavage des mains, qualité, germes, infections associées aux soins*

R157: Evaluation de l'efficacité du traitement à base d'Azithromycine de la Covid-19 au Mali

Diarra. M, Guindo. I, Cisse. I, Abdou. M, Diamoutene. M

Introduction: La Covid-19 est une maladie infectieuse, provoquée par le SARS-CoV-2, apparue en 2019 en Chine puis dans le monde entier. Au fil des années, la multiplication des stratégies de défense a résulté en un nombre croissant de microbes dont le virus du SARS-Cov-2 résistants aux traitements.

Méthodes: En Décembre 2021, des patients testés positifs dans différents districts sanitaires par la RT-PCR au laboratoire de l'INSP ont été mis sous traitement à base d'azithromycine. Ces patients ont été soumis à des tests de contrôle réguliers et périodiques après cinq jours de traitement initial jusqu'à avoir un résultat négatif.

Résultats: L'étude a concerné 1191 patients avec un âge moyen de 41,6 ans. Dès le premier contrôle, 32,66% ont été testés négatifs. Au deuxième contrôle, 38,62% ont été négatifs ; au troisième contrôle 15,36% ; au quatrième 4,70% ; au cinquième 1,60% ; au sixième 1,09% ; au septième 0,33% ; au huitième, douzième, treizième et dix-neuvième 0,84%. A cause de la non-conformité des prélèvements, 0,25% ont été mis à refaire.

Discussion: Seulement un tiers des patients sous traitement a été négatif au premier contrôle. Cela suppose que la majorité des patients résiste au traitement initial. Les deux tiers ont été négatifs au deuxième contrôle. Ce résultat est proche de ceux obtenus par NS. Touati et al. puis par Bengaly et al. selon lesquels 73,9% et 89% des patients ont eu un test RT-PCR négatif après huit à dix jours de traitement.

Mots clés : Covid-19, traitement, azithromycine, Mali

R158: Neutrophil levels and artemisinin-based combination therapy efficacy in West-Africa

Moussa Djimde, Japhet Kabalu Tshiongo, Kassoum Kayentao, Issaka Sagara, Alassane Dicko, Petra F. Mens, Henk D. F. H. Schallig, Abdoulaye Djimde

Introduction: Neutrophils constitute the first line of innate defence against pathogens. However, their role in the clearance of the malaria parasite as well as in the efficacy of artemisinin-based combination therapy (ACT) remain poorly understood.

Methods: This was a secondary analysis of an in vivo prospective randomised control trial conducted from 2010 to 2014 in Mali, Burkina Faso and Guinea (WANECAM study). We used data of 4845 patients to compare the post treatment neutrophil levels between different treatment arms at subsequent malaria episodes. Neutrophil rates were compared with malaria carriage after treatment with artemether - lumefantrine (AL), artesunate - amodiaquine (ASAQ), dihydroartemisinin - piperazine (DP) or pyronaridine artesunate (PA). Depending on neutrophils level, patients were classified as having neutropenia, normal neutrophils level or neutrophilia.

Results: At day 7, only 4 patients in the neutropenia group and treated with AL had a malaria positive blood smear. At Day 28, rate of recurrent parasitemia in the AL arm was significantly higher in patients with eutropenia (50.9%) compared to patients with normal rates of neutrophils (43.1%) and in patients with neutrophilia (6%) ($p < 0.001$). The risk of malaria parasite reappearance at post-treatment Day 28 was higher in under 5 years old children ($OR = 5.64, p = 0.04$) compared to adults. Regardless of the ACT used in this study, our data shows an increased prevalence of gametocytaemia in patients with eutropenia.

Conclusion: Study subject with neutropenia cleared malaria parasites more slowly and had higher rates of recurrent parasitemia after artemisinin-based combination therapy.

Keywords: Malaria, Neutrophils, artemisinin-based combination therapy, West Africa

R159: Menace d'un développement accéléré de la résistance aux antipaludiques suite aux monothérapies à base d'artémisinine : Les résultats d'une étude transversale sur des

pratiques professionnelles dans huit établissements de santé publique au Mali

Guidigan K, Sissoko M S, Traore K, Gazin P

Introduction : Le développement des CTA a diminué drastiquement des cas de paludisme depuis 2000. L'OMS a recommandé l'utilisation des monothérapies en intraveineuse uniquement pour le paludisme grave. Aujourd'hui, des rapports scientifiques montrent que les parasites développent plus de résistance aux monothérapies. Le non-respect des recommandations thérapeutiques pouvant accélérer ce risque sanitaire, nous réalisons cette étude dans l'objectif de dresser un état des lieux des pratiques cliniques de prise en charge du paludisme au Mali.

Méthode : Une étude transversale mixte a été réalisée dans 8 centres de santé. Les données qualitatives sont recueillies par l'observation des pratiques et par entretiens ; celles quantitatives par un questionnaire.

Résultats : Au total 78 cliniciens ont été enquêtés. 480 cas de paludisme ont été suspectés. La totalité des cas fut testé biologiquement. La fréquence du paludisme confirmé était de 29% (139 cas positifs). Parmi les cas suspectés, 51% (249) ont reçu une prescription d'antipaludique. Le traitement antipaludique a été utilisé dans 22% des cas malgré les tests biologiques négatifs. Sur les cas de paludisme simple, 73% ont été traités par des injections d'artésunate et artemether et 27% par des CTA. Parmi les cliniciens interrogés, 62% n'ont pas une bonne connaissance sur la résistance aux monothérapies, 72% n'ont pas reçu de formation sur les nouvelles directives nationales de prise en charge.

Discussion: Des déviations élevées furent notées dans la prise en charge du paludisme par une prescription abusive des CTA et des monothérapies dans le traitement du paludisme simple et non confirmé. Des causes sous-jacentes furent relevées.

R160: Effect of five rounds of seasonal malaria chemoprevention in children aged between 5 and 14 years in Dangassa, Mali

A Cisse, D Konate, S I Diawara, N Sogoba, J G. Shaffer, B Keita, I Dicko, I Sanogo, M A Guindo, A Traore, S Kante, A Dembele, F Kasse, L Denou, S AS Diakite, K Traore, S M Thiam, V Sanogo, A Diarra, M Toure, J Mihigo, C Jane, S Doumbia, M Diakite

Introduction: Despite a significant reduction in malaria burden in children under five years of age, the large-scale implementation of seasonal malaria chemoprevention (SMC) remains a considerable challenge in areas with long periods of seasonal malaria transmission, such as Dangassa Mali. Low coverage, shifting malaria risk in children at least five years of age, and rebound effects in malaria incidence after SMC stoppage are primarily reported in areas with long-term malaria transmission.

Methods: An open randomized study was conducted to assess the effect of an additional round of the current SMC regimen in older children in Dangassa, Mali, where malaria transmission is highly seasonal. Poisson regression models were used to estimate the reduction in malaria incidence in the intervention group compared to a control group.

Results: Overall, a downward trend in participation rates was observed from August (94.3%) to November (87.2%) respectively. One month following the fourth SMC round, the risk of malaria incidence was similar in both comparison groups (IRR=0.66, 95%CI [0.35-1.22]). In December, a decrease of 51% in malaria incidence was observed in the intervention group compared to the control group after adjusting for age and long-lasting insecticidal net use (IRR=0.49, 95%CI [0.26-0.94]). A reduction of approximately 17% in malaria incidence was observed after the fifth round in the intervention group as compared with the control group. Implementing a fifth round of SMC in Dangassa has shown a significant reduction in malaria incidence.

Conclusion: These results suggest a critical need to extend SMC to children aged at least five years and include five cycles of treatment in areas with extended transmission seasons, such as Dangassa.

Keywords: *Malaria, Incidence, Seasonal malaria chemoprevention, Mali*

R161 : Lutte contre la RAM en Côte d'Ivoire: les comités médicament comme unités opérationnelles de mise en oeuvre des activités de gestion des antimicrobiens en milieu de soins en Côte d'Ivoire

Ahimon H, Diane M, Ndiaye A, Guessennnd N., Mtaps, Gtt-Ram

Contexte: MTaPS Côte d'Ivoire apporte un appui au Groupe Technique de Travail de la lutte contre la résistance aux antimicrobiens. Malgré l'existence d'un arrêté national relatif aux comités médicament, leur fonctionnalité et la mise en oeuvre d'activités de gestion des antimicrobiens demeure un défi. MTaPS a soutenu le renforcement de leur capacités en gestion des antimicrobiens dans le cadre de cette lutte.

Objectif: Décrire l'intérêt du renforcement des capacités des comités médicament dans l'amélioration de la gestion des antimicrobiens dans les établissements de soins.

Méthodologie: Le renforcement des capacités a porté sur quatre interventions (i) la mise en place d'un comité multisectoriel au niveau central pour la coordination des activités, (ii) le développement d'un outil pour évaluer la fonctionnalité et les capacités des comités médicament en gestion des antimicrobiens, (iii) l'élaboration de modules de formation et (iv) des supervisions pour suivre l'implémentation des activités. Les outils ont subi un prétest avant déploiement.

Resultats:

L'appui de MTaPS a porté sur 20 établissements de santé dont 4 centres hospitaliers universitaires, 12 centres hospitaliers régionaux et 4 cliniques privées. L'évaluation initiale a montré que 85% des comités médicament (17/20) avaient de faibles capacités en gestion des antimicrobiens. Tous les sites (100%) ont été formés. Après la première supervision, environ 65% (11/17) des sites de faibles capacités sont passés à un niveau intermédiaire.

Conclusion: Le renforcement des capacités a permis aux comités médicament de mieux jouer leur rôle dans la promotion de l'usage rationnel

des antimicrobiens en milieu de soins en Côte d'Ivoire.

Mots clés: RAM, Gestion des antimicrobiens, Comités médicament, renforcement de capacités, Côte d'Ivoire.

R162 : Processus de catégorisation AWaRe des antibiotiques de la liste nationale des médicaments essentiels: Cas de la Côte d'Ivoire

Ahimon H, Diane M, Mama Djima, M Kouadio I, Badje A, Konan F, N'gbesso N'gbesso J, Guessennnd N, Gtt-Ram Ci, Mtaps

Contexte : La catégorisation AWaRe (Access, Watch, Reserve) des antibiotiques de la liste nationale des médicaments essentiels (LNME) est une stratégie développée par l'OMS en 2017 pour soutenir les efforts des pays dans la gestion rationnelle des antibiotiques. La LNME est régulièrement révisée en Côte d'Ivoire. L'USAID MTaPS, dans le cadre de la lutte contre la RAM a soutenu le comité technique multisectoriel en charge de la gestion des antimicrobiens pour l'implémentation de la catégorisation des antimicrobiens.

Objectif : Décrire le processus de catégorisation utilisé en Côte d'Ivoire.

Méthodologie : En décembre 2020, un groupe d'experts pluridisciplinaire a été mis en place pour conduire le processus. Deux sources de données pour capter les profils de résistance des antibiotiques ont été utilisées : la base de données de surveillance du Centre National de Référence pour les antibiotiques (période 2020-2021) et une revue systématique à partir de la littérature grise et publiée sur la période 2010-2021. Ces données ont été analysées et exploitées avec l'outil de préparation de la classification AWaRe et le guide technique fournis par l'USAID MTaPS.

Résultat :

La revue systématique a permis d'obtenir 368 documents. Un total de 6544 résultats d'antibiogramme a été analysés. Les résultats ont montré les mêmes pathogènes que ceux sous surveillance GLASS, avec une prédominance de *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, et *Klebsiella*

pneumonia. Dans l'ensemble les résistances aux principaux antibiotiques sont relativement élevées.

Conclusion :

Le processus de catégorisation est important pour la rationalisation de l'usage des antibiotiques dans les pays à ressources limitées.

Mots clés : RAM, Catégorisation AWaRe, Antibiotique, Profil de résistance, Côte d'Ivoire

R163 : Implication des mécanismes métaboliques dans la résistance de *Ae. aegypti* aux insecticides à Songon-Agban, au sud de la Côte d'Ivoire.

Yapo Marie-Ange Edwige Kadjo, Akré M. Adja, Négnorogo Guindo-Coulibaly, Dounin Danielle Zoh, Dipomin François Traoré, Konan Fabrice Assouho, Malanfoua Agnimou Cecile Sadia-Kacou, Mintokapiou Didier Stéphane Kpan, Ahoua Yapi and Fabrice Chandre

Introduction : L'utilisation intensive des insecticides en agriculture affecte la sensibilité des vecteurs aux insecticides et représente une menace pour la lutte antivectorielle. Nous avons évalué le statut de sensibilité aux insecticides et le rôle des enzymes de détoxification dans la résistance de *Ae. aegypti* provenant d'une zone de culture maraîchère en Côte d'Ivoire.

Méthodologie : Les œufs de *Aedes* ont été collectés par des pondoir-pièges OMS de mars à août 2019 à Songon-Agban. Des femelles *Ae. aegypti* âgées de 3 à 5 jours ont été testées aux pyréthrinoïdes (deltaméthrine 0,05%, lambda-cyhalothrine 0,05%), au Dichloro-Diphényl-Trichlorohexane (DDT) 4% et au chlorpyrifos-méthyl 0,4 % via le test de sensibilité en tube OMS. Le butoxyde de pipéronyle 4% a été utilisé comme synergiste sur les populations résistantes aux pyrethrinoïdes et au DDT. Des tests biochimiques ont été effectués pour détecter une augmentation du niveau d'activité des oxydases à fonction mixte, estérases non-spécifiques et glutathion S-Transférases.

Résultats et discussion : *Ae. aegypti* a été résistant à tous les insecticides testés avec un taux de mortalité de 68 % pour la deltaméthrine, 57 % pour la lambda-cyhalothrine, 41 % pour le DDT et 82 % pour le chlorpyrifos-méthyl. La

restauration partielle de la sensibilité aux pyréthrinoïdes et au DDT (tous les $p < 0,05$) était associée à une surexpression de l'activité des α -estérases (32,08 nanomol α -naphthol/min/mg de protéine) chez *Ae. aegypti*. Ces résultats représentent une première donnée sur la résistance métabolique de *Ae. aegypti* en Côte d'Ivoire. Il est donc urgent de considérer les pratiques agricoles dans la gestion de la résistance de ce vecteur aux insecticides.

Mots clés : *Ae. aegypti*, résistance, mécanismes métaboliques, agrosystèmes, Côte d'Ivoire

R164 : Mise en place de la gouvernance de lutte contre la résistance aux antimicrobiens (RAM) dans un pays à faible revenu ; cas de la Côte d'Ivoire

Guessennnd_N K, M'bengue_V, Tiekoura K B, Diane K.M., Kipre G B

Introduction : La résistance aux antimicrobiens est l'une des principales causes de décès dans le monde, avec 1,27 millions de décès en 2019. Dans l'approche « une seule santé », sous l'impulsion de la tripartite plus, il a été recommandé la mise en place d'une gouvernance de lutte contre la résistance aux antimicrobiens.

L'objectif : Décrire la mise en place de la gouvernance de mise en œuvre du plan d'action national de la lutte contre la RAM, afin de standardiser les interventions des différents acteurs.

Méthodologie : Une évaluation externe conjointe a été réalisée en 2016. Elle a été suivie d'une analyse situationnelle et un plan d'action national multisectoriel de lutte contre la Résistance aux antimicrobiens a été développé par les acteurs de la santé humaine, animale, environnementale, agriculture et alimentaire. Plusieurs réunions tenues par ces acteurs ont permis de créer différents niveaux de gouvernance et rédiger tous les documents et guides, en épousant le plan d'action mondial. Cette gouvernance a permis de déployer les 6 piliers épousant les objectifs stratégiques identifiés dans le PAN-RAM.

Résultats Différents niveaux de gouvernance de la lutte contre la RAM (GTT-RAM, GMC,

Secrétariat-RAM, Point Focal-RAM et les comités techniques multisectoriels) ont été mis en place conformément aux dispositions réglementaires de la Plateforme Nationale « Une seule Santé ». Les termes de référence définis pour chaque entité. Un organe central de coordination national multisectoriel (GMC) est mis en place. Plusieurs documents et guides élaborés régissent un réseau de 40 laboratoires en santé humaine, animale et environnementale dont certains rapportent sur les résistances aux antimicrobiens prioritaires aux CNR-ATB.

Conclusion : la mise d'une gouvernance de lutte contre la RAM et la création d'un réseau de laboratoires pour la surveillance de la RAM est possible dans un pays en voie de développement comme la Côte d'Ivoire.

Mots-clés : Résistance Antimicrobiens, coordination, Gouvernance, Côte d'Ivoire.

R165 : Activité antiplasmodiale et étude de la toxicité des écorces de *Harungana madagascariensis* (Hypericaceae)

Koffi A. J., Tano KD., Adjogoua E. V.³, Silué K. D, Yavo W.

Introduction

Face à la chimiorésistance de *Plasmodium falciparum*, la recherche de nouveaux antipaludiques est indispensable. *Harungana madagascariensis* est une plante qui appartient à la famille des *Hypericaceae*. Elle est utilisée traditionnellement seule ou en association avec d'autres plantes pour traiter plusieurs maladies. L'objectif de ce travail était d'étudier les activités antiplasmodiales et la toxicité des écorces de *H. madagascariensis*.

Méthodes

L'extrait aqueux obtenu par macération, a été soumis à l'activité antiplasmodiale *in vitro* contre des souches NF54 sensibles à la chloroquine et K1 multirésistantes de *P. falciparum* et *ex vivo* contre des isolats cliniques, à l'aide du microtest de l'OMS. La mesure de l'activité antiplasmodiale a été déterminée après incorporation du SYBR green et lecture des plaques au spectrofluorimètre. La cytotoxicité de l'extrait a été testée contre des lignées de cellules Vero de singe vert et les

cellules humaines RD. La toxicité *in vivo* à l'aide de souris femelles a été réalisée selon le protocole de l'OCDE (2001), ligne directrice 423.

Résultats

L'extrait aqueux des écorces de *H. madagascariensis* a montré une bonne activité antiplasmodiale avec des valeurs des CI₅₀ de 6,16 et 8,12 µg/mL respectivement sur des souches sensibles (NF54) et multirésistantes (K1) de *P. falciparum*. La valeur moyenne des CI₅₀ était de 5,15±3,76 µg/ml pour les isolats cliniques. L'extrait n'a pas présenté de cytotoxicité sur les cellules Vero de singe vert et RD. De plus, l'extrait était non toxique *in vivo*, avec une DL₅₀ supérieure à 2 000 mg/kg.

Conclusion

Ce travail met en évidence le bon pouvoir antiplasmodial des écorces de *H. madagascariensis*. Ces résultats biologiques ont confirmé l'utilisation de *H. madagascariensis* en médecine traditionnelle contre le paludisme qui pourrait être une bonne alternative contre les souches chimiorésistantes de *P. falciparum*.

Mots clés : Paludisme, Chimiorésistance, Cytotoxicité, *Harungana madagascariensis*, Côte d'Ivoire.

R166 : Activités antiplasmodiale et antioxydante d'extraits de *Terminalia glauca*, Une Plante De La Pharmacopée Ivoirienne.

Loua M, Tano K.D, Koffi A.J, Rasmane N.A.K, Yavo W

Introduction : Dans la dynamique de recherche de solution alternative pour le traitement antipaludique dans un contexte de résistance de *Plasmodium falciparum* à la quasi-totalité des antipaludéens conventionnels, nous avons identifié en 2015 deux extraits de plantes à fortes potentialités antiplasmodiales. Dans l'optique de valorisation de ces extraits, nous avons dans ce travail confirmé leurs activités antiplasmodiales *ex vivo* et évalué leurs effets antioxydants.

Méthode : Les fractions méthanoliques des feuilles et des écorces de racines de *Terminalia glauca* ont été utilisées pour les

expérimentations. Les tests d'activité antiplasmodiale ont été menés selon la variante fluorimétrique du Microtest de Rieckmann avec révélation au SYBR-Green. L'activité antioxydante a été évaluée par la mesure du pouvoir chélateur du Fer et la méthode de piégeage de l'ABTS.

Résultats : Les fractions méthanoliques se sont révélées actives sur *Plasmodium falciparum* avec des valeurs moyennes de CI_{50} estimées à 14,14 $\mu\text{g/ml}$ et 9,37 $\mu\text{g/ml}$ respectivement pour les extraits de feuilles et écorces de racines. Ces extraits ont en outre montré un pouvoir chélateur du Fer à 38,71% et 45% respectivement. De même, leurs activités antiradicalaires ont été évaluées à 15,58 et 16,46 ($\mu\text{M Eq Trolox/g}$).

Conclusion : Les fractions méthanoliques des feuilles et des écorces de racines de *Terminalia glaucescens* ont montré de très bonnes activités antiplasmodiales *ex vivo* doublées de propriétés antioxydantes avérées.

Mots clés : *Activité antiplasmodiale, Activité antioxydante, Terminalia glaucescens, Plasmodium falciparum.*

R167 : Role de prevention et contrôle de l'infection (pci) dans la ripose contre covid-19 de mars a decembre 2020

Bassoum O, Faye A Seck I

Introduction : La maladie à coronavirus 2019 (COVID-19) a été détectée pour la première fois à Wuhan (Chine) en décembre 2019. Elle était déclarée urgence de santé publique de portée internationale puis considérée comme une pandémie qui pouvait encore être maîtrisée. L'objectif était d'améliorer les pratiques en matière de prévention et contrôle des infections dans les établissements sanitaires en vue d'assurer la protection du personnel de santé, des patients et de la communauté. **Méthodologie :** Durant 2020, dans le cadre de la lutte contre cette maladie, la Task Force PCI a mené des activités de coordination, d'évaluation initiale du niveau PCI des différents établissements sanitaires du pays, renforcements des capacités des acteurs

impliqués dans la lutte et suivi-accompagnement des établissements sanitaires.

Résultats et Discussion: Un total de 106 établissements sanitaires publiques ont été évaluées et que 6408 personnels de santé ont bénéficié de briefing continu en PCI, de mars 2020 au 31 décembre 2020 ; 2528 affiches portant sur les précautions standard en matière de PCI ont été distribuées. Les établissements sanitaires ont bénéficié de 443 dispositifs de lavage des mains, 396 touques de 40 kg de chlore (HTH), 17 024 flacons de gels hydro-alcooliques et de 18 454 bouteilles de savons liquides. Des zones de triage à l'entrée de 13 établissements sanitaires ont été équipées. La performance des activités PCI a eu pour effet de permettre au système de santé ivoirien d'enregistrer moins de contamination d'agents de santé et moins de contamination des patients et usagers des établissements sanitaires.

Mots clés : *Prévention, COVID-19, Etablissement sanitaire, Infection*

R168 : Évaluation des indicateurs de prescription des médicaments chez les enfants âgés de 0 à 5 ans dans le centre de santé du district sanitaire de Ranérou, Nord du Sénégal.

Bassoum O, Faye A, Seck I

Introduction : L'usage rationnel des médicaments est la pierre angulaire de la couverture sanitaire universelle. L'objectif de cette étude était d'évaluer les indicateurs de prescription des médicaments à usage pédiatrique à Ranérou, (nord du Sénégal).

Méthodes : L'étude était rétrospective. La population d'étude était constituée des prescriptions pour les enfants âgés de moins de cinq ans et traités en ambulatoire entre octobre 2018 et novembre 2019. La source de données était le registre de consultations pour enfants.

Résultats : Au total, 785 ordonnances étaient enregistrées. L'âge moyen était de $21 \pm 15,3$ mois et 57% des enfants était de sexe masculin. Les pathologies liées à l'appareil respiratoire étaient plus fréquentes (48,1%). Le nombre moyen de médicaments par ordonnance était de

2,6±0,9. La proportion des médicaments prescrits en dénomination commune internationale et celle des médicaments figurant sur la liste nationale des médicaments essentiels se situaient respectivement à 39,2% et 78,2%. Les proportions des ordonnances avec au moins un antibiotique et un produit injectable étaient respectivement estimées à 59,9% et 1,1%. Les beta-lactamines étaient plus prescrites (83,1%), suivies des sulfamides (9,7%) et des aminosides (2,9%). Les enfants avec une malnutrition aigüe sévère avaient 18 fois plus de risque de recevoir un traitement antibiotique que ceux ayant un bon état nutritionnel.

Discussion : Cette étude a révélé une prescription irrationnelle des antibiotiques et une faible adhésion à la LNME ; augmentant le risque de résistance aux antimicrobiens. Il urge d'élaborer et mettre en œuvre des programmes de bon usage des antimicrobiens dans les établissements de santé périphériques.

Mots-clés : *Indicateurs de Prescription, Usage et Résistance aux Antimicrobiens, Programme de Bon Usage des Antimicrobiens, Établissements de Soins de Santé Primaires, Sénégal*

R169 : Antimicrobial Usage and Resistance in Healthy Pigs in the Greater Accra Region of Ghana

Rita Ohene Larbi, Wisdom Adeapena, Matilda Ayim-Akonor, Ebenezer D.O. Ansa, Hannock Tweya, Robert Fraser Terry, Appiah-Korang Labi and Anthony D. Harries

Introduction: Despite antimicrobials being an integral part of animal production globally, less attention has been paid to the trends of antimicrobial resistance in animals especially pigs in Ghana. In this study, we identified the AMR patterns to commonly used antimicrobials in healthy pigs from 20 farms in the Greater Accra region of Ghana.

Methodology: AMR was determined in Enterobacteriaceae isolated from rectal swabs obtained from 200 healthy pigs between January-March, 2022 using standard microbiological techniques. Phenotypic colistin resistance was determined and the mcr-

1 gene detected by polymerase chain reaction. Isolates were obtained from 195, 38 and 3 samples for Escherichia coli, Enterobacter spp. and K. pneumoniae, respectively.

Results: Over 60% of E. coli showed resistance to tetracycline, with 27% to amoxicillin/clavulanic acid and 34% to ampicillin. Multidrug resistance was present in 23% of E. coli and 5% of Enterobacter spp. Phenotypic colistin resistance was found in 8% of E. coli and Enterobacter spp., with half showing the mcr-1 gene. We recommend that active surveillance on AMR in animals must begin based on our study findings. Also we call for increased awareness and advocacy on rational antimicrobial use for pig and other animals farmers and strengthening of regulatory policies governing antimicrobial usage in Ghana.

R170: Antimicrobial Usage in Commercial and Domestic Poultry Farming in Two Communities in the Ashanti Region of Ghana

Ellis Kobina Paintsil, Linda Aurelia Ofori, Charity Wiafe Akenten, Dennis Fosu, Seth Ofori, Maike Lamshöft, Jürgen May, Kwasi Obiri Danso, Ralf Krumkamp and Denise Dekker

Introduction : Poultry farming is a common practice in Ghana. Antibiotics are used, particularly in commercial poultry farming, as growth promoters and to prevent and cure infections. However, there is little information on antimicrobial usage in domestic poultry farming in Ghana. This study aimed to describe antimicrobial usage in commercial and domestic poultry farming.

Methodology: A cross-sectional survey was conducted within the Ashanti region of Ghana including 33 commercial farms and 130 households with domestic poultry farming.

Results: The median poultry population on commercial farms was 1500 (IQR: 300–3000) compared with 18 (IQR: 10–25) on domestic farms. The majority (97%, $n = 32$) of commercial farms used antimicrobials,

compared with 43% ($n = 56$) of the domestic farms. Commercial farmers were 6.1 (CI: 3.2–11.8) times more likely to read and follow instructions on antimicrobials in comparison with domestic poultry keepers. About 11% of domestic and 34% of commercial farmers had received education on antimicrobial usage. None of the commercial farmers used herbal remedies; however, 40% ($n/N = 52/130$) of domestic farmers administered herbs.

Conclusions: The misuse of antimicrobials in domestic poultry production calls for stricter regulations and training to limit the emergence and spread of antimicrobial-resistant bacteria among poultry.

Mots clés: antimicrobial resistance; antibiotics; poultry; commercial farms; domestic; free-range; herbs; veterinary officer

R171: Cotrimoxazole resistant profile of isolated bacteria strains from urinary samples of children born to HIV positive mothers.

Kampa Nkenfou B, Kengne M. I, Bongue B, Nguéfeu NC

Introduction: WHO has recommended a systematical administration of cotrimoxazole to children born to HIV-positive mothers to prevent opportunistic infections. This may be associated with the risk of antibiotic resistance. We aimed to determine the prevalence of cotrimoxazole resistance and the resistance profile of strains isolated from urine samples of children born to HIV-positive mothers compared to HIV non-exposed, cotrimoxazole naïve children.

Methods: Children presenting with urinary tract infection were enrolled and grouped as cotrimoxazole treated or naïve. Bacteria isolates from their urine were identified using standard microbiology techniques. Antibiotic susceptibility testing was performed using the disc diffusion technique. Data were analyzed using SPSS version 20.

Results: A total of 137 children were enrolled. Of these, 98 were not HIV-exposed and cotrimoxazole naïve (group 1) and the

remaining 39 HIV-infected were on cotrimoxazole (group 2). The prevalence of urinary tract infection (UTI) was 31.5%; 29.5% in group 1 compared to 70.5% in group 2. Cotrimoxazole resistance was recorded in 77% of bacterial strains isolated from group 1 and 84% in group 2 with no statistical difference. In both group, the most common bacteria isolated were *Escherichia coli* and *Klebsiella Pneumonia*. These strains were resistant to more than 70% of the antibiotics tested, nevertheless they showed a good sensitivity to ciprofloxacin, imipenem and ceftriazone.

Conclusion: This study shows that despite the use of cotrimoxazole as prophylactic, UTI still occurred in HIV infected children, and responsible bacteria showed multi-resistance to other antibiotics. This implies a requirement of antibiogram in case of UTI before prescription.

Mots clés: HIV infants, Cotrimoxazole, urinary infection, bacteria resistance.

R172 : Profil microbiologique, de sensibilité et de résistance aux médicaments des germes isolés des liquides de ponction à Yaoundé, Cameroun

Laure NGANDO, Leopold MBOUS NGUIMBUS, Albert Legrand SAME EKOBO

Introduction: Les infections du liquide céphalorachidien (CSF), du liquide pleural, du liquide articulaire, du liquide d'ascite et d'autres liquide biologique stérile constituent un problème de santé partout dans le monde. Le but de cette recherche était de connaître la prévalence des germes isolés des liquides de ponction, voir si l'âge et le sexe constituent un facteur de risque de l'infection et déterminer les profils de sensibilités et de résistance aux antimicrobiens des organismes identifiés durant la période d'étude.

Méthodes : L'étude a eu lieu au Centre Pasteur du Cameroun de Janvier 2010 à Décembre 2019. Les tests à l'encre de chine et de recherche d'antigènes solubles ont été réalisés sur les échantillons de LCR pour la recherche de cryptocoque et le milieu Sabouraud chloramphénicol (sans actidione) La méthode de diffusion de Kirby-Bauer a été utilisé pour

déterminer la sensibilité aux antimicrobiens ainsi que l'automate Vitek-2 Compact.

Résultats et Discussion : De Janvier 2010 à Décembre 2019 un total de 2313 échantillons ont été analysés. La prévalence de l'infection était de 53.1% (1229 échantillons positifs à la présence d'un germe pathogène dans les liquides précédemment cités). Le test de sensibilité aux antimicrobiens a montré des résistances élevées à l'amoxicilline (82.3% de résistance pour *Escherichia coli*, 77.8% de résistance pour *Enterobacter cloacae* et 71.4% de résistance pour *Klebsiella pneumoniae*), Pour les antifongiques, *Cryptococcus neoformans* était plus résistant à l'amphotéricine B avec de taux de 14.7% et sa sensibilité était plus élevée au fluconazole (57.1%).

Mots clés : *liquide biologique stérile, cryptococcose neuroméningée, pneumococcose méningée, facteur de risque, Cryptococcus neoformans, surveillance*

R173 : Mitigating hospital infection risks at the “Université des Montagnes” teaching hospital: holistic policy to meet the challenge

Fotsing Kwetche PR, Kougang Esther G, Noche Domngang C, Youté O'Neal D, Tchoukoua Serge H., Djogang Yawat AM., Kaptué Lazare

Introduction: Surfaces of hospital environment can be colonized by bacteria incriminated in healthcare-associated infections (HAI), a crucial public health issue globally. Despite the efforts developed to extend standard hygiene in hospital's environments, HAIs remain the first causes of post-operative death, strongly associated with environmental microbial flora. This study aimed at investigating through the non-stringent bacterial populations and the susceptibility profile of isolates in the surgical department at the “Université des Montagnes” Teaching Hospital.

Methodology: Sampling was conducted by wet swabbing for surfaces and passive sedimentation of airborne bacteria on culture

agar in 60 mm diameter Petri dishes. In each case, appropriated culture media were used. Subsequent to incubation conducted according to standard guidelines, enumeration, identification and susceptibility tests followed. In this process, bacterial loads were quantified as low (<10 CFU/cm²), intermediate (10-30 CFU/cm²) or high (>30 CFU/cm²) according to the count value per surface unit.

Results/Discussion: A total of 281 isolates were recovered from 144 specimens, namely Gram-positive cocci (73%), Gram-positive rods (16%) and Gram-negative rods (11%). Further considerations revealed higher bacterial loads in the minor surgery and hospitalization room premises. Susceptibility test results indicated 100% oxacillin-resistance rates in *Staphylococcus aureus*, global high resistance to beta-lactams, improved susceptibility to Gentamycin, Imipenem and fluoroquinolones in all isolates, and high rates (43%) of multidrug resistance.

Conclusion: The high rates of multidrug-resistant bacteria recorded in the present study could help anticipated resistant HAI, therefore deserves close attention on hygiene for safer healthcare.

Key words: *Healthcare facility, bacteria, multidrug resistance, infection prevention.*

R174: Control of taro leaf blight of *Colocasia esculenta* L. (schott) using extracts of three dominant *ganoderma* species in the northwest region of cameroon

Bih Joan Ndeh, Tacham Walter Ndam and Tonjock Rosemary Kinge

Introduction: Taro leaf blight has been reported to reduce the production and quality of *Colocasia esculenta* in most African countries. This project is aimed at controlling taro leaf blight of *Colocasia esculenta* using extracts of three dominant *Ganoderma* species in the Northwest region of Cameroon. The data will be collected between September 2022 to March 2023. Opportunistic sampling will be used in collecting the samples. *Ganoderma* basidiocarp will be photographed and collection sites Geo-referenced.

Methodology

Samples for morphological studies will be preserved by oven-drying while samples for DNA will be dried with silica gel. Cultural, macromorphological and micromorphological characters will be described. DNA will be extracted using SORBITOL-CTAB method. Molecular analysis will be done using ITS and mtSSU. Sequence alignment and phylogenetic analyses will be done using MEGA version 7. Dried samples of the basidiocarp will be extracted using methanol at different concentrations. *In vitro* and *in vivo* biocontrol will be done following the food poison technique and spraying method respectively with *Ganoderma* extracts at different concentrations (1%, 2%, 3%, 4%). Disease incidence and severity will be assessed. Data will be analysed using descriptive statistics in Microsoft Excel 2007 for morphological and cultural studies. Biocontrol using ANOVA and Duncan's multiple range test. Sequences from the ITS and mtSSU gene regions using MEGA. *Taro* decline will be controlled thereby increasing the GDP of the country and likelihood improved at the end of this study.

Key words: *Ganoderma species, diversity, identification, conservation, Phytophthora colocasia, in vitro and in vivo biocontrol*

R175: Prevalence and antibiotics resistance profile of Coagulase –negative Staphylococci from chickens in Yaoundé Markets, Cameroon.

Bughe R.N, Mougou EFV, Mbi OV, Nji A.M, Takoundjou CKA, Dongmo M., Gamgne P., Efundem C.E., Mbacham W.F.

Introduction: Coagulase-Negative Staphylococci (CoNS) are often considered as commensal in human, animals, and environment, and are aetiology of opportunistic infection in human and animals, have developed antimicrobial resistance. The objective is to determine the prevalence and antibiotics resistance profile of CoNS from boilers and layers chickens from markets in Yaoundé.

Methodology: 38 healthy live chickens from three markets were euthanatized in the laboratory, liver, intestines, toes-claw, cloaca and pharyngo-trachea samples were collected. Bacteria were identified by automated method using Gram positive in vitro test kit cards of VITEK® 2 compact system. Antibiotics Susceptibility Testing was by the same system using AST-P580 test cards (BioMerieux, France).

Results/Discussion: Overall prevalence of 20.53% (39/190) of coagulase-negative Staphylococci was recorded. The distribution of CoNS prevalence in anatomical sites was as follows: cloaca (43.6%), intestines (28.2%), pharyngo-trachea (12.8%), toes-claw (12.8%), and liver (2.6%). CoNS species prevalence were 79.5% (*Staphylococcus sciuri*), 10.2% (*S. cohnii spp. urealyticus*), 7.7% (*S. equorum*) and 2.6% (*S. klossi*). Resistance to antibiotics of *S. sciuri* was: Inducible clindamycin resistance (25.8%), Fusidic acid (19.35%), Moxifloxacin (16.12%), Clindamycin (12.9%) and Oxacillin (6.45%). *S. cohnii spp. urealyticus* recorded 100% resistance to Tetracycline and Cefoxitin screen, Trimethoprim-sulfamethoxazole (75%), Oxacillin and Fusidic acid (25%). Multi-drugs resistance patterns were equally recorded in some strains of *S. sciuri* and *S. cohnii spp. urealyticus*.

Conclusion: The results reveal that chickens in Yaoundé markets harbour high prevalence of CoNS (*S. cohnii spp. urealyticus*) and some CoNS expressed antibiotics resistance. Thus, CoNS may serve as reservoirs of resistance genes that can be transmitted to other pathogens.

Keywords: *Coagulase-Negative Staphylococci, Antibiotics resistance, Chicken, Yaoundé*

R176: Forte utilisation des antibiotiques dans la prise en charge des maladies respiratoires chez les enfants de moins de 18 ans dans trois centres de santé de Cotonou entre 2017 et 2018.

Damien BG, Agumon B, Le Hesran J-Y.

Introduction : Les maladies respiratoires représentent un motif fréquent de consultation chez les enfants au Bénin. Cette étude avait pour objectif de mesurer chez les personnes de moins de 18 ans la fréquence des maladies respiratoires dans la demande de soins en milieu urbain et comprendre l'utilisation des antibiotiques dans la prise en charge.

Cadre et méthodes d'étude : Il s'agissait d'une étude rétrospective descriptive portant sur les données enregistrées des patients âgés de moins de 18 ans ayant consulté dans les dispensaires de trois centres de santé de Cotonou entre juin 2017 et juin 2018. Les motifs de consultations, les diagnostics établis, prescriptions faites, bilans demandés et conseils donnés, référencement de malades effectués ont été recueillis.

Résultats : Sur 6042 consultations enregistrées dans les trois CS, 1412 cas de pathologies respiratoires ont été diagnostiqués. 71,88% étaient survenues dans un contexte fébrile et 16,08% étaient des diagnostics associés. Les diagnostics posés les plus fréquents étaient les bronchites (39,10%), les rhinobronchites (25,99%), les rhinites (10,13%), les infections respiratoires aiguës (6,09%) et les pneumonies (1,27%). Sur les 1412 cas, 88,95% avaient reçu un antibiotique, 31,02% du paracétamol, 24,29% un antihistaminique, 20,60% un antitussif, 12,46% un anti-inflammatoire non stéroïdien, 10,91% une vitamine.

Discussion : Les pathologies respiratoires "sens large" représentent près d'un quart des causes de consultation dans les centres de santé. Les antibiotiques sont prescrits dans 90% des cas. Il faudrait revoir les protocoles ou/et leur application pour réduire l'utilisation des antibiotiques afin de lutter contre la diffusion de la résistance.

Mots clés : *Antibiotiques, Maladies respiratoires, Enfants, Centre de santé, Cotonou.*

R177 : Distribution et profil de résistance des candidoses aux antifongiques chez les patients vivant avec le VIH à l'hôpital central de Yaoundé

Cédric GUEGUIM, Ashley Sonmele Kamdem, Charles Kouanfack, Lucien Etame Sone, Hortense Gonsu Kamga

Introduction : Les mycoses représentent un problème de santé publique, particulièrement chez les Patients Vivant avec le Virus de l'Immunodéficience Humaine (PVVIH). Notre travail avait pour objectif d'étudier la distribution et d'établir le profil de résistance des candidoses aux antifongiques chez les PVVIH.

Méthodologie : l'étude a été réalisée du 06 Janvier au 10 Juin 2022 (06mois). Les échantillons obtenus (Selles, Urines, Crachats, Ecouvillonnage de langue et Prélèvement Cervico-Vaginal) ont été ensemencés sur milieu de Sabouraud + Chloramphénicol et l'identification des isolats à l'aide de la galerie API *Candida* de BioMérieux. L'antifongogramme (ATF) a été réalisé par la méthode de diffusion des disques en milieu gélosé et l'analyse des données faite à l'aide du logiciel Epi Info 3.5.1.

Résultats : Au total 106 échantillons ont été obtenus parmi lesquels 50 microorganismes ont été isolés (47%). La positivité des échantillons de crachats d'origine fongique était la plus fréquente (34,8%) suivie des échantillons de PCV (21,8%). Au cours de l'étude, *Candida* et *Trichosporon* ont été les deux genres de levures isolés, avec une nette prédominance du genre *Candida spp* (40/50) dont l'espèce *C. albicans* la plus représentée. La totalité des isolats (*Candida spp* et *Trichosporon spp*) étaient résistants à l'Amphotéricine B (96%) suivie du Fluconazole (52%). En revanche, une plus faible résistance a été enregistrée au Miconazole (22%), au Clotrimazole (30%), à

l'Econazole (30%), au Kétoconazole (38%) et à la Nystatine (44%).

Conclusion : La distribution des infections fongiques est élevée chez les PVVIH et plusieurs espèces du genre *Candida* sont à l'origine de ces infections avec *C. albicans* pour le chef de file. La résistance aux antifongiques doit être surveillée.

Mots clés : *PVVIH, Infection, Levures, Antifongiques*

R178 : Antibiotic resistance of urogenital mycoplasmas isolated from sexually active women in one hospital in the city of Douala (Cameroon)

Nda Mefo'o JPI, Fetue Notio R, Nana Njamien T, Dalle Ngondi G, Mengue ER, Ngo Malabo E, Essome H, Tchente Nguefack C, Okalla Ebongue C

Introduction: Mycoplasmas are bacteria of the commensal flora of a large number of individuals that can present an occasional pathogenicity. Their susceptibility to different antibiotics varies according to the population and the geographical area.

Methodology: We conducted a cross-sectional study from January to June 2022 at the Douala General Hospital. All sexually active women who agreed to participate were included. Samples were obtained by endo-cervical swabbing. Culture and antibiotic susceptibility testing were performed in liquid medium using Mycoplasma-SystemPlus® Gallery (Liofilchem). Positive were all samples that degraded urea for *Ureaplasma urealyticum* with a threshold $>10^3$ and arginine for *Mycoplasma hominis* with a threshold $>10^4$.

Results: A total of 107 participants were included with an average age of 33.91 ± 7.94 years and predominance of 25-35 years (51%). The frequency of mycoplasma infection was 73% with 25%, 9% and 39% for *Ureaplasma urealyticum*, *Mycoplasma hominis* and co-infection respectively. Resistance rates to Minocycline were low (2%, 1.7%). For Pefloxacin (40%, 53.6%, 61.5%). *Ureaplasma*

urealyticum had a resistance rate of 12% for Erythromycin, 4% for Clarithromycin and 28% for Azithromycin. No significant association was found between risk factors and infection. A significant association ($p = 0.013$) was found between vaginal cleansing and the occurrence of resistance in mycoplasma infection (OR = 6.915 [1.52-31.55]).

Conclusion: The most active antibiotic was Minocycline and specie with less resistance rate was *Ureaplasma urealyticum*. Co-infected individuals had a higher rate of antibiotic resistance than mono-infected. Douching was a risk factor with significant association to antibiotic resistance.

Keywords: *Urogenital mycoplasma, antibiotic sensitivity, Douala.*

R179: Sensitivity profile of fungal pathogens responsible for lower respiratory tract infections in Yaounde.

Killa C, Ngando L.M, Nguimbous L, Chiago S, Same E, Gonsu H.

Introduction: Respiratory tract infections are usually further classified as an upper respiratory tract infection (URI or URTI) or a lower respiratory tract infection (LRI or LRTI). LRIs are the leading cause of death among all infectious diseases. The objective of our study was to bring out the sensitivity profile of fungal pathogens responsible for lower respiratory tract infections in Yaounde.

Methodology: We carried out a transverse and descriptive study during a 6 month period. (February to June 2021), at the Jamot hospital in Yaounde. Included in this study were patients suffering from a LRI from whom the medical practitioner had requested a sputum or broncho alveolar liquid analysis. A macroscopic, microscopic, fungal culture of the sample was carried out and a germ tube test, fungal sensitivity test as well as specie identification using the ID 32 C gallery was carried out on the positive cultures. Statistical analysis was carried out using the R version 3.6.1 software. The mean was calculated with the aid of the Kruskal Wallis rank sum test.

Results: 300 patients participated in this study. They had mean age \pm standard deviation of 41.59 ± 17.5 years and extremities of 1 and 91 years. The male /female ratio was 2:1 Fungal infection was positive in 127 patients (42.33%), 75(59%) *Candida albicans*, 25 (19.68%) *Cryptococcus humicola*, 10 (7.87%) *Candida tropicalis*, 6 (4.72%) *Candida krusei*, 4(3.14%) *Candida famata*, 4 (3.14%) *Candida sake* and 3 (2.36%) *Cryptococcus curvatus*. As far as antifungigram is concerned, the total drug susceptibility was ; Nystatine (98.47%), Amphotericine B (86.91%), Miconazole (55.42%), Econazole (52.61%), Ketoconazole (52.57%) and Fluconazole (14.42%). The prevalence of fungal pathogens was 42.33%. Of the 300 patients, 71 had tuberculosis, 24 were HIV positive and 6 were diabetic. We had 5 patients with HIV, tuberculosis and fungal co-infection, 16 with HIV and fungal co-infection and 6 with HIV and tuberculosis co-infection.

Discussion and conclusion: This study shows a relative high prevalence (42.33%) of the colonisation of the respiratory tract by the above listed fungal pathogens. The drug of choice is Nystatine and Fluconazole presents a very limited activity.

Key words: *Respiratory tract infections, candida species, Fluconazole, Nystatine, Fungal pathogens, sensitivity.*

R180: Multilocus sequence typing (MLST) analysis reveals many novel genotypes and a high level of genetic diversity in *Candida tropicalis* isolates from Cameroon

Dougue A, El-Kholy M, Giuffrè L, Galeano G, D'Aleo F, Levis Kountchou C, Nangwat C, Dzoyem J, Giosa D, Pernice I, Shawky S, Ngouana T, Fekam F, Orazio R.

Introduction: *Candida tropicalis* is a pathogenic and opportunistic yeast frequently isolated from humans. Recent studies showed that it is becoming increasingly widespread throughout several African countries. Nevertheless, relatively little is known about its patterns of genetic variation and their susceptibility to antifungal drugs particularly in

Africa. Therefore, the present study was undertaken to provide detailed genotyping data of *C. tropicalis* isolated from different clinical sources in Cameroon.

Methods: A total of 25 *C. tropicalis* isolated from biological samples of HIV positive patients and diabetics patients from Yaoundé Central Hospital and Bafoussam Regional Hospital were genotyped using the MLST scheme developed for this species. All isolates were also tested for in vitro susceptibility to various antifungals to assess whether certain genotypes were associated with drug-resistance.

Results: The results showed a total of 4 novel alleles and 16 MLST genotypes of which 14 (87.5 %) novel DST were observed. Of the 2 677 nucleotides analyzed, 42 (1.5 %) were polymorphic and eBURST analysis revealed the presence of 5 clonal complexes (CC) with CC 63 and CC 64 abundant in Cameroon. Our isolates belonging to two CCs (CC 7 and CC 63) were associated with fluconazole resistance.

Conclusion: Our data show high genetic diversity in our isolates suggesting that the global population structure of *C. tropicalis* is still poorly understood. Moreover, its clinical impact appears to be relevant and should be carefully considered.

Keywords: *Candida tropicalis, genetic diversity, Multilocus Sequence Typing (MLST), fluconazole resistance, population structure.*

R181 : Epidémiologie et profil de résistance des agents étiologiques des candidoses vaginales chez les femmes séropositives au VIH à l'Hôpital Général de Yaoundé (Cameroun).

Mfouapon H, Fogue P, Madejo C, Kuate JR.

Introduction : Les infections microbiennes en général et fongiques en particulier constituent un réel problème de santé dans le monde entier et principalement chez les personnes VIH positif. Ainsi le présent travail porte sur l'épidémiologie et le profil de résistance des agents étiologiques des candidoses vaginales

chez les femmes séropositives au VIH à l'Hôpital Général de Yaoundé (Cameroun).

Méthodologie : L'épidémiologie des candidoses vaginales était basée sur des études rétrospective et prospective effectuées entre 2010 et 2020. Les agents étiologiques de ces vaginoses ont été isolés et identifiés sur milieu ChromAgar et au test de filamentation. Le profil de résistance de ces agents étiologiques aux antifongiques usuels à l'Hôpital Général de Yaoundé fait suivant le protocole prescrit par le Comité National de Lutte contre le Sida.

Résultats : Les registres des prélèvements cervico-vaginaux disponibles ont permis de déterminer la prévalence moyenne des candidoses vaginale de 5746 patientes à 23,76. Pour ce travail, 320 femmes d'âge moyen de 38,2 ans ont été retenues. Chez celles-ci, quatre espèces de *Candida* isolées et identifiées : *Candida albicans* (54,60%), *dubliniensis* (5,1%), *tropicalis* (5,1%), *krusei* (14,9%). Plusieurs paramètres (durée d'infection [1-5]ans, traitement aux antirétroviraux et pratique fréquente des douches vaginales) ont été liés de façon significative au portage fongique.

Conclusion : Les espèces de *Candida* présentent une résistance accrue aux différents antifongiques couramment utilisés à l'Hôpital Général de Yaoundé.

Mots clés : *Candidose vaginale, épidémiologie, femmes séropositives, VIH.*

R182 : : Sensitivity Profile of Fungal Pathogens Responsible for Lower Respiratory Tract Infections in Yaounde

Ngando L, Killa C, Nguimbus L, Ekobo A And Gonsu H

Introduction: Lower respiratory tract infection (LRTI) are the leading cause of death among all infectious diseases. The objective of our study was to bring out the sensitivity profile of fungal pathogens responsible for lower respiratory tract infections in Yaounde

Methods: We carried out a transverse and descriptive study during a 6 month period (February to June 2021), at the Jamot hospital in Yaounde. Included in this study were patients

suffering from a lower respiratory tract infection from whom the medical practitioner had requested a sputum or broncho alveolar liquid analysis A macroscopic, microscopic, fungal culture of the sample was carried out and a germ tube test, fungal sensitivity test as well as specie identification using the ID 32 C gallery was carried out on the positive cultures Statistical analysis was carried out using the R version 3.6.1 software.

Results and discussion: 300 patients participated in this study. Fungal infection was positive in 127 patients (42.33 %), 75 (59%) *Candida albicans*, 25 (19.68%) *Cryptococcus humicola*, 10 (7.87%) *Candida tropicalis*, 6 (4.72%) *Candida krusei*, 4 (3.14%) *Candida famata*, 4 (3.14%) *Candida sake* and 3 (2.36%) *Cryptococcus curvatus*. As far as antifungigram is concerned, the total drug susceptibility was Nystatine (98.47%), Amphotericine B (86.91%), Miconazole (55.42%), Econazole (52.61%), Ketoconazole (52.57%) and Fluconazole (14.42%).

Keywords: *Respiratory tract infection; Candida species; Fluconazole; Nystatine; Fungal pathogens*

R183: Evaluation de la prise en charge thérapeutique des mycoses superficielles aux centres de Santé de Référence des Communes V et VI du District de Bamako

Sidibe M, Dama S, Sidibe A, Sow S, Niangaly A, Doumbo SN, Djimde AA.

Introduction : Les prévalences et les prises en charge des mycoses sont documentées dans plusieurs pays. Cependant très peu de données existent sur les échecs aux traitements antifongiques au Mali. Le but de ce travail était d'évaluer la qualité et les échecs des traitements antifongiques aux centres de santé de référence des Communes V et VI du district de Bamako.

Méthode : L'étude s'est réalisée dans les services de dermatologie des centres de santé de référence des communes V et VI du district de Bamako. Il s'agissait d'une étude prospective qui s'est déroulée de février 2020 à février 2021. L'étude a concerné tous les patients de tout âge ayant été vu en consultation dans les

services de dermatologie ayant rempli les critères d'inclusion.

Résultats : 236 volontaires ont été enrôlés dans cette étude. 100% des mycoses diagnostiquées ont été faites sur la base des éléments cliniques. Les intertrigos, les malassezioses et les onychomycoses étaient plus prévalentes chez les sujets de sexe féminin tandis que les teignes étaient plus prévalentes chez les sujets de sexe masculin. Les teignes étaient les mycoses plus diagnostiquées chez les enfants avec 89%. Les comprimés et les crèmes étaient les plus prescrits. Les azolées et les allylamines étaient les molécules les plus prescrites avec respectivement 37% et 30% de fréquence. Les échecs thérapeutiques antifongiques représentaient 11,4%.

Conclusion : Le diagnostic des mycoses était exclusivement clinique sans examen complémentaire.

Le taux d'échecs au traitement antifongiques était faible dans notre population d'étude.

Mots clés : *Prise en charge, antifongiques, mycoses, Bamako*

R184 : Identification des dermatophytes du cuir chevelu chez les enfants d'âge scolaire sur deux sites de Bamako, Mali.

Bamadjo Amadou, Dara JN, Zeguime A, Garango A, Diarra B, Konate A, Kone A Djimde A, Niara DS

Introduction : Teignes du cuir chevelu ou « *Tinea capitis* » sont des infections fongiques superficielles, qui sont dues à des champignons microscopiques appartenant au groupe de dermatophytes : *Microsporum*, *Trichophyton*. Elles atteignent surtout les enfants d'âge scolaire. Compte tenu de peu données sur le profil épidémiologique des teignes du cuir chevelu au Mali, nous avons jugé nécessaire de mener une étude pour identifier les agents fongiques associés aux teignes du cuir chevelu chez les enfants à Bamako au Mali.

Méthodologie : L'étude s'est déroulée sur deux sites : le village du Point – G et l'hôpital dermatologique de Bamako. Nous avons mené

une étude descriptive et analytique pendant une période de 4 mois (mai – octobre 2019). Au total nous avons inclus 120 enfants suspectés de teigne du cuir chevelu. Après l'examen clinique, les matériels biologiques ont été adressés au laboratoire de mycologie du MRTC pour un examen direct et la culture.

Les champignons microscopiques ont été isolés par ensemencement sur le milieu de Sabouraud- Chloramphénicol-Actidione (SCA) et étuvés à une température de 25-30 degrés Celsius pendant 3-4 semaines.

Résultats : Au total nous avons inclus 120 enfants dont 99 enfants sont devenus positifs au diagnostic mycologique. Après l'examen direct et la culture la fréquence des dermatophytes était prédominée par des teignes de type trichophytique (68%) suivie de teigne tondante microsporique (19 %) et des infections mixtes de teignes (13%). La culture et l'examen direct étaient positifs dans 19 cas (15,97 %) contre 17 cas négatifs dans les deux examens (14,29%).

Mots clés : *Dermatophytes, âge, sexe, culture, examen direct.*

R185 : Profil de résistance des Souches de *Candida* à l'Institut Pasteur de Côte d'Ivoire de 2017 À 2019

Bonouman Ira A, Mboh R, Roger F, Krasteva D, Koffi D, Noell J, Pottier C, Bellet V, Drakulovski P, MENAN H, Toure O, Dosso M, Ranque S, Bertout S

Introduction : L'incidence des infections fongiques a augmenté ces dernières décennies. *Candida* est la levure plus isolée en pathologie humaine. *Candida albicans* est prédominant, cependant on observe des espèces non-albicans associés à une résistance aux antifongiques.

Matériel et méthodes : Cette étude rétrospective a été menée de 2017 à 2019 à l'Institut Pasteur de Côte d'Ivoire. Les tests de sensibilité ont été réalisés à Montpellier par la méthode CLSI (référentiel M27) et évalués par le référentiel M59.

Résultats : Sur 1941 patients reçus, 227 prélèvements ont été retenus. La plupart des échantillons étaient des prélèvements vaginaux

(120/228). Les tests de sensibilité effectués sur 315 isolats par méthode CLSI ont révélés 13 de type non sauvage (NWT) pour le fluconazole : 5 *C. albicans*, 4 *C. parapsilosis*, 3 *C. tropicalis* et 1 *C. glabrata*. Il existait des souches de *C. glabrata* (7/66) résistantes à la caspofugine, non commercialisée en Côte d'Ivoire. La recherche de mutations FKS a mis en évidence des mutations silencieuses.

Discussion : La résistance au fluconazole a été documentée en Amérique, en Europe et de rares études en Afrique de l'Ouest. Peu d'études ont utilisé la méthode CLSI en Afrique. La recherche de mutations FKS montre la présence de mutations non documentées actuellement.

Conclusion : L'émergence de la résistance a été montrée pour le fluconazole, préférentiellement utilisé dans le traitement des candidoses et les échinocandines. La résistance en Côte d'Ivoire concerne l'espèce *C. albicans* mais aussi les non *albicans*.

Mots clés : *Candida*, CLSI, résistance, Côte d'Ivoire.

R186 : Sensibilité aux antifongiques des souches de *Candida* isolées des prélèvements vaginaux au CeDReS, Abidjan.

Kone E G M, Kassi Kf, Toure Cp, Miezian S, Bedia A, Konaté A, Angora KE, Vanga-Bosson AH, Kiki-Barro PCM, Djohan V, Yavo W, Menan EIH

Introduction : L'émergence de la résistance aux antifongiques est une menace omniprésente tandis que l'arsenal antifongique reste limité. Dans ce contexte, une étude rétrospective sur 10 ans a été réalisée. L'objectif de ce travail était d'étudier le profil de sensibilité *in vitro* des souches de *Candida* isolés de prélèvements vaginaux.

Méthodes : Les données ont été collectées à partir des dossiers de patientes reçues pour suspicion de candidose de janvier 2012 au 31 décembre 2021 au CeDReS.

L'identification de *Candida* a été faite par les tests de blastèse et de l'auxanogramme. La sensibilité des souches isolées a été évaluée vis-à-vis de l'amphotéricine B, la nystatine, la flucytosine, le miconazole, l'éconazole, le

kétoconazole et le clotrimazole par la technique de microdilution en milieu gélosé.

Resultats : Au Total, 65 Sur 1548 Dossiers De Patients Ont été enregistrés. L'espèce *Candida albicans* prédominait (66,7%) suivie de *C. tropicalis* (16,7%). Les souches de *C. albicans* avaient une sensibilité variable : 100 % à l'amphotéricine B, 62,5% au miconazole et à l'éconazole, 56,2% au kétoconazole et au clotrimazole, et 50 % à la 5-fluorocytosine. Les souches de *C. tropicalis* présentaient, quant à elles, une sensibilité de 50% au miconazole et 75% aux autres antifongiques testés.

Conclusion : La diminution de la sensibilité des souches de *C. albicans* aux azolés est préoccupante. Ces résultats incitent à un usage rationnel de ces molécules et à la pratique au préalable d'un antifongigramme.

Mots clés : Antifongigramme, *Candida*, Sensibilité aux antifongiques.

R187 : Surveillance dynamique de la résistance aux antimicrobiens par la Lots : étude pilote sur 2 sites à Lomé, Togo

Siliadin ABW, Kagnissode S, Essenou G, Ananivi DK, Bali E., Salou M

Introduction : la surveillance dynamique de la résistance aux antibiotiques présente l'avantage d'informer en temps réel sur l'émergence de bactéries mutlrésistantes. Ainsi, elle peut aider à éviter des prescriptions inappropriées en termes d'antibiothérapie probabiliste. L'objectif était de surveiller la résistance aux antibiotiques dans le cadre des infections du tractus urinaire dans la commune du golfe 7 à Lomé-Togo

Matériel et méthodes : il s'agit d'une étude prospective réalisée sur une période de 12 mois. L'ECBU a été réalisé chez les patients suspects d'infection urinaire et chez les femmes enceintes reçus dans les centres médico-sociaux d'Adidogomé et de Ségbé. La méthode d'échantillonnage dénommé Lot Quality Assurance Sampling (LQAS) a été retenue. Il s'agit d'une catégorisation en fonction des seuils de résistance définissant des populations

et /ou des établissements comme ayant une prévalence élevée ou faible de la RAM. Les seuils de prévalence bas à 5% et élevé à 20% ont été choisis et le nombre d'isolats bactériens requis est de 44 par site pour une sensibilité et une spécificité respective de 99,9% et 85% de la méthode. *E. coli* et *K. pneumoniae* ont été les bactéries d'intérêt.

Résultats : Sur le site d'Adidogomé, 432 inclusions, 133 positifs à la bandelette et 60 cultures positives sur 44 isolats dont 38 *Escherichia coli* et 06 *Klebsiella pneumoniae* nous avons obtenu 17 PASE Haut niveau N, 12 BLSE, 04 Raq aux FQ, 01 OXA-48. Pour le site de Ségbé, 383 inclusions, 116 positifs à la bandelette et 46 cultures positives soit 39 isolats de *Escherichia coli* et 05 de *Klebsiella pneumoniae*, il y avait 14 PASE Haut N, 14 BLSE.

Discussion : les deux sites utilisaient les fluoroquinolones (FQ) pour l'antibiothérapie probabiliste des ITU. Selon les critères de performance des seuils choisis, l'obtention de 05 isolats résistants aux FQ impliquerait l'arrêt de leur prescription en traitement probabiliste sur les sites.

Conclusion : Au vu des résultats, ces deux districts pourront continuer par prescrire les FQ en antibiothérapie probabiliste tout en continuant ce protocole de surveillance afin de réadapter le traitement à temps pour le bien des patients.

Mots clés : OASIS, RAM, PASE HN, BLSE, OXA-48, Fluoroquinolones (FQ)

Keywords: Risk Factors, Infections, Resistance Phenotypes, Standard Precautio

R188 : Sensibilité aux antifongiques de *Cryptococcus* isolés de l'environnement et de patients entre 2014 et 2016 à Abidjan, Côte d'Ivoire

Kassi KF, Bellet V, Drakulovski P, Konaté A, Kone E, Angora KE, Bedia AV, Miezán S, Vanga-Bosson AH, Kiki-Barro PCM, Djohan V, Yavo W, BERTOUT S et Menan EIH

Introduction : L'utilisation en monothérapie du fluconazole (FCZ) pour le traitement de la

cryptococcose neuro-méningée en Côte d'Ivoire pourrait conduire à l'émergence de souches résistantes au FCZ.

Méthodes : La sensibilité aux antifongiques a été évaluée par la méthode CLSI sur 621 cryptocoques isolés de 164 patients ivoiriens positifs pour le VIH et 12 souches environnementales isolées de fientes de pigeons.

Résultats et discussion : La majorité des souches cliniques (79,9 %) appartient au complexe d'espèces *C. neoformans* avec 96,4 % de souches de génotype VNI et 3,6 % de VNII. Seulement 7,3% des souches appartiennent au complexe d'espèces *C. gattii* et sont toutes de génotype VGII. Enfin, 12,8 % sont des hybrides VNIII. Les souches environnementales sont de génotype VNI.

Les tests de sensibilité aux antifongiques ont montré que toutes les souches sont de phénotype sauvage pour l'amphotéricine B tandis que 3,6% d'entre elles ont un phénotype non sauvage à la 5-fluocytosine. Environ 2,9 % des souches de sérotype A et 2,4 % de *C. deuterogattii* ont un phénotype non sauvage au fluconazole. Tous les hybrides AD ont un phénotype de type sauvage au fluconazole. Toutes les souches environnementales ont un phénotype sauvage pour les 3 antifongiques.

Conclusion : La présente étude révèle un faible niveau de résistance vis à vis du fluconazole malgré son utilisation en monothérapie mais de la résistance à la flucytosine alors qu'elle n'était pas d'utilisation courante avant 2014 en Côte d'Ivoire.

Mots clés : Cryptococcose, sensibilité aux antifongiques, Côte d'Ivoire

R189 : Sensibilité aux antifongiques des souches de levures isolées de candidoses buccales entre 2012 et 2021 au CeDReS

MIEZAN A J S, Kone E G M, Bedia AV, Kassi KF, Toure CP, Konaté A, Angora KE, Vanga-Bosson AH, Kiki-Barro PCM, Djohan V, Yavo W, Menan EIH

Introduction : Face à la résistance croissante des pathogènes aux antifongiques qui pourrait

constituer un problème de santé publique, nous avons réalisé une étude afin d'analyser le profil de sensibilité aux antifongiques des agents pathogènes isolés de candidoses buccales sur une période de 10 ans.

Méthodes : Les données ont été extraites des dossiers de patients reçus au CeDReS pour suspicion de candidose buccale entre janvier 2012 et décembre 2021.

L'identification de levures a été réalisée par les tests de blastèse et l'auxanogramme. La sensibilité des souches isolées a été évaluée vis-à-vis de plusieurs molécules antifongiques (polyènes, azolés et flucytosine) par la technique de micro dilution en milieu gélosé.

Résultats : Sur 1550 dossiers inclus, 84 ont permis d'analyser le profil de sensibilité aux antifongiques.

Candida albicans et *C. tropicalis* étaient les espèces prédominantes avec respectivement 59,52% et 20,24%. Les souches isolées étaient principalement sensibles à l'amphotéricine B, (94% *C. albicans* et 82,35% *C. tropicalis*). Pour les autres antifongiques la sensibilité était variable, mais relativement faible pour *C. albicans* vis-à-vis du clotrimazole (38%) et pour *C. tropicalis* vis à vis du miconazole (29,41%).

Conclusion : L'émergence de la résistance aux antifongiques, particulièrement aux azolés est préoccupante et alerte sur la nécessité de renforcer les capacités de diagnostic fongique et de gestion optimale des antifongiques disponibles.

Mots Clés : *Candidose buccale, levures, Sensibilité aux antifongiques.*

R190 : Evolution de la resistance phenotypique des *candida spp* aux antifongiques azoles

Kouadjo KF, Koffi D, Ira BAV, N'gou M'boh R, Sylla K ; Yaye YG. Toure OA

Introduction & Objectifs : Les levures du genre *Candida* représentent la cause la plus fréquente d'infections fongiques humaine dont l'incidence ne cesse d'augmenter ces dernières

décennies. Ce travail a pour but d'étudier l'évolution de la sensibilité phénotypique aux antifongiques de la classe des azolés de *Candida spp* les plus utilisées en prescription médicale en Côte d'Ivoire.

Méthodologie : Il s'agit d'une étude rétrospective sur les espèces de *Candida spp* isolées dans les échantillons reçus à l'unité de mycologie de l'Institut Pasteur de Côte d'Ivoire de janvier 2021 à octobre 2022. L'identification est basée sur les caractères macro et microscopiques et sur la coloration sur milieu chromogène. L'antifongigramme utilisé est le ATB FUNGUS 3.

Résultats : Sur deux années, 967 échantillons ont été analysés 400 levures ont été isolées, identifiées et testées vis-à-vis des antifongiques. Cette étude montre une augmentation significative de la résistance au Fluconazole qui est passée de 4,23% en 2021 à 4,77% en 2022. Il en est de même pour les autres molécules de la même classe prescrites à moindre degré : pour l'Itraconazole, de 5,97% en 2021 à 7,33% en 2022 et pour le Voriconazole, de 4,79% en 2021 et à 5,01% en 2022.

Conclusion : Notre étude met en évidence l'augmentation significative et alarmante de la résistance des *Candida spp* aux antifongiques. L'administration probabiliste des antifongiques de la classe des azolés pourrait expliquer cette évolution. Une caractérisation génétique et moléculaire de ces isolats et de ces résistances mérite d'être fait.

Mots clés : *résistance, caractérisation génétique, isolat, infection fongique.*

R191 : Evaluation de la qualité des médicaments vétérinaires (albendazole, diminazène diacéturate et oxytétracycline) vendus dans les trois régions septentrionales du Cameroun

Kougang Esther G, Wade Abel, Teubobé Gilbert, Emanda Martin, Nnanga Nga

Introduction : La production animale est une activité incontournable pour l'émergence plusieurs pays d'Afrique, notamment le Cameroun. Cependant elle est confrontée à des contraintes pathologiques. En dépit des mesures préventives et curatives mises en place par le Gouvernement camerounais, l'on fait face à des cas d'échec thérapeutique. Le but de cette étude était d'évaluer la qualité des médicaments vétérinaires (Oxytétracycline, Albendazole, Diminazène diacéturate) vendus dans les régions du Nord, Extrême-Nord et Adamaoua, Cameroun.

Méthodologie : Une étude analytique transversale a été conduite au Laboratoire National Vétérinaire (LANAVET), Garoua de Mars à Août 2022. Le prélèvement consistait à l'achat aléatoire des lots de ces produits auprès des grossistes, pharmacies vétérinaires, détaillants et dans les marchés. 158 lots de ces médicaments ont été collectés et soumis aux tests pharmaco-techniques et physico-chimiques conformément aux référentiels en vigueur.

Résultats / Discussion : La non-conformité globale était de 47% soit 74 lots sur 158 analysés. Les non-conformités provenaient aussi bien du secteur formel (27%) que du secteur informel (53%). Les trypanocides étaient la classe thérapeutique avec plus de non-conformité (71,5%), suivis des anthelminthiques (53,3%) puis des antibiotiques (17,5%).

Conclusion : Les médicaments vétérinaires utilisés dans les régions septentrionales du Cameroun, sont de mauvaise qualité. Cette situation présente un enjeu majeur de santé publique puisqu'elle remet en cause la santé animale, humaine, et environnementale, ainsi que l'économie nationale et internationale. Les autorisations de mise sur le marché doivent être accompagnées par un certificat de contrôle qualité délivré par un laboratoire agréé.

Mots clés : *Oxytétracycline, Albendazole, Diminazène diacéturate, non-conformité*

R192 : Pratiques à risque zoonotique dans les ménages ruraux du District de Santé de Penka-Michel, Cameroun

Namekong Fokeng Armand, Voundi Voundi Esther, Bediang Georges

Introduction : Les zoonoses constituent un problème de santé publique contribuant à alourdir le fardeau économique. L'objectif de notre étude était de rechercher les pratiques à risque zoonotique dans les ménages ruraux du District de Santé de Penka-Michel au Cameroun.

Méthodologie : Une étude transversale descriptive a été réalisée de décembre 2020 à octobre 2021, soit 11 mois, auprès de 200 chefs de ménage à Penka-Michel sélectionnés selon un sondage à deux degrés. L'analyse statistique descriptive a été faite à l'aide du logiciel SPSS version 23.0.

Résultats et discussion : Jusqu'à 74% des chefs de ménage pensaient que les animaux peuvent transmettre les maladies. Plusieurs ménages possédaient de la volaille (98%), un ou des porcs (50%), un ou des chiens (57%) dont 48% étaient vaccinés contre la rage, un ou des chats (52%). Les rats des villes, les animaux de brousse et les chiens étaient consommés dans 74%, 61% et 18% des ménages respectivement. Par ailleurs, 25% des ménages abattaient les animaux malades pour la consommation et 27% mangeaient les cadavres d'animaux. L'abattage d'animaux était majoritairement réalisé au sein des ménages (97%), rarement précédé d'une inspection vétérinaire (6%). Les rites traditionnels avec du sang d'animaux étaient pratiqués dans 87% des ménages, 65% partageaient le même habitat que leurs animaux, 41% ne se lavaient pas systématiquement les mains après la manipulation d'animaux.

Conclusion : De nombreuses pratiques à risque zoonotique dans les ménages ont été identifiées. Des actions concertées de sensibilisation sont nécessaires dans la population rurale.

Mots Clés : *zoonoses, pratique à risque, ménages ruraux, Penka-Michel, Cameroun*

R193 : Prévalence et profils d'antibiorésistance des souches de *Staphylococcus aureus* résistante à la

méthicilline (SARM) isolées des sécrétions nasales des porcs et des porchers dans des élevages porcins en Côte d'Ivoire

Traore M., Tano KD, Tiekoura R, Koussemon M, Yavo W.²

Introduction : La résistance bactérienne aux antibiotiques constitue une menace pour la médecine moderne parce qu'elle progresse plus rapidement que le développement de nouveaux antibiotiques. Cette résistance est constatée autant chez l'homme que chez certains animaux d'élevage. Dans un contexte "One Health", nous nous sommes proposés dans cette étude de déterminer la prévalence du portage nasal et les profils de résistance aux antibiotiques de souches de *Staphylococcus aureus* résistante à la méthicilline (SARM) isolées chez des porcs et porchers.

Matériel et méthodes : Un total de 897 échantillons de sécrétions nasales ont été prélevés chez les porcs (n=847) et les porchers (n=50). Le test de diffusion du disque de céfoxitine (30 µg) en milieu gélosé a permis de caractériser les souches de SARM. Leurs profils de résistance aux antibiotiques ont été déterminés par la méthode de diffusion en milieu gélosé.

Résultats : 30 souches de SARM ont été isolées (porcs n=26, porchers n=4). La prévalence du portage nasal des SARM chez les porcs a été de 3,06% (26/847) et celle des porchers 8% (4/50). Les souches de SARM isolées des porcs présentaient des résistances élevées à la tétracycline (100%), colistine (100%) et l'érythromycine (61%) suivis de l'acide fusidique (27%), chloramphénicol (23%), gentamicine (19,2%), linezolid (15,4%) enrofloxacin (11,5%), triméthoprime-sulfaméthoxazole (7,7%), et la Minocycline (7,7%). Le profil de résistance a permis de les classer en 4 phénotypes : 61% des souches présentaient le phénotype MLS_B constitutive, 15,38% le phénotype Kanamycine-Tobramycine-Gentamicine-Streptomycine, 3,84% le phénotype Kanamycine-Tobramycine-Gentamicine et 7,8% le phénotype Tétracycline-Minocycline. La multirésistance à plusieurs classes

d'antibiotique a été observée également chez les souches isolées des porchers.

Conclusion : Ces résultats ont démontré que le travail dans les élevages de porcs est un facteur de risque de portage de SARM multirésistantes aux antibiotiques.

Mots clés : Porc, Porcher, SARM, Phénotype, Multirésistance

R194 : Cysticercose porcine : développement d'un test sérologique pour les élevages.

N'dri K. T-B, Razafiarimanga ZN, Tantely R, Bellalou J, TO. A., djaman AJ, Jambou R.

Introduction L'objectif de cette étude est d'évaluer les performances des tests ELISA-IgG utilisant des antigènes recombinants (T14, T18, R93, R914 et R915) de *Taenia solium*.

Méthodes : Ces antigènes recombinants, exprimés dans le système baculovirus-cellules d'insectes et purifiés par chromatographie d'affinité, ont été évalués sur des échantillons de sérum de porc, en référence au test Western blot utilisant les antigènes natifs. La sensibilité, la spécificité, la concordance et le rapport de vraisemblance positive de chaque antigène recombinant ont été calculés. Le logiciel XLSTAT 2014.5.03 a été utilisé pour les analyses statistiques.

Résultats : Les valeurs de sensibilités qui ont été obtenues des analyses variaient de 43,9% (34,5 - 53,8) à 88,8% (80,8 - 93,7). Les spécificités variaient de 37,5% (28,5 - 47,5) à 65,6% (55,7 - 74,3). Nous avons procédé à deux méthodes de combinaison statistique (alternative et cumulative) des résultats des tests Elisa-IgG réalisés à partir des antigènes recombinants. Remarquablement, pour la combinaison alternative, les combinaisons A2, A3, A4, A5, A6 et A7 ont donné les sensibilités égales à 90,8%, 90,8%, 90,8%, 94,9%, 93,9% et 93,9%, respectivement. Croisés avec les résultats des inspections de carcasses, la cysticercose active manquée par ces combinaisons était faible et variait de 1% à 5%.

Conclusion : Les combinaisons A2, A3, A4,

A5, A6 et A7 ont été meilleures pour le développement de tests sérologiques pour le dépistage de la cysticercose porcine dans les élevages. Les avantages de ces tests sont leur bonne sensibilité, le coût inférieur et la production sûre et facile.

Mots clés : *cysticercose porcine, Taenia solium, performances diagnostiques, protéines recombinantes.*

R195 : Evaluation des performances diagnostiques de dix (10) tests de détection rapide des anticorps anti-SARS-CoV-2 au Burkina Faso

Ouedraogo HG, Zoure AA, Compaore TR, Ky H, Dabiré C, Zida S, Soubeiga ST, Sagna T, Ouedraogo O, Zingue D, Yonli AT, Nikiema AR, Nezien D, Bance C, Bicaba BW, Sawadogo C, Yabre Z, Sangare L.

Introduction : La riposte à la COVID-19 sur le plan biologique a été marquée par le développement de plusieurs tests de diagnostic, dont les tests rapides de détection des anticorps anti-SARS-CoV-2. L'objectif de cette étude était d'évaluer les performances de dix (10) tests rapides de diagnostic sérologique de la COVID-19 par comparaison avec le WANTAI SARS-CoV-2 Ab ELISA test au laboratoire à Ouagadougou, Burkina Faso.

Méthodes: Dix (10) tests sérologiques de détection rapide (TDR) des IgG/IgM anti-SARS-CoV-2 ont été évalués au Laboratoire de Recherche Biomédicale (LaReBio) avec deux groupes d'échantillons de sérum. L'un testé positif et l'autre testé négatif aux anticorps anti-SARS-CoV-2 avec le test WANTAI SARS-CoV-2 Ab ELISA comme référence. Les performances diagnostiques des TDR ainsi que leurs concordances avec le test de référence ont été calculées à l'aide du logiciel libre OpenEpi.

Résultats : La sensibilité des TDR sérologiques variait de 27,39% à 61,67% et la spécificité (IgG/IgM) de 93,33% à 100% comparativement au WANTAI SARS-CoV-2 Ab ELISA. De tous les tests, deux tests (STANDARD Q COVID-19 IgM/IgG Combo SD BIOSENSOR et COVID-19 IgG/IgM Rapid Test (Zhejiang Orient Gene Biotech Co., Ltd) avaient une sensibilité supérieure à 50%. En outre tous les

dix tests avaient chacun une spécificité supérieure ou égale à 93,33%. La concordance entre les TDR et le WANTAI SARS-CoV-2 Ab ELISA variait de 0,25 à 0,61.

Conclusion : Les TDR sérologiques évalués montrent des sensibilités faibles et variables par rapport au test WANTAI SARS-CoV-2 Ab ELISA, avec cependant une bonne spécificité.

Mots-clés : *COVID-19, SARS-CoV-2, Test rapide, TDR, ELISA, sérologie*

R196 : Profils de mutations de résistance du VIH-1 aux inhibiteurs de l'intégrase chez les patients initiant un premier traitement antirétroviral à Bobo-Dioulasso, Burkina Faso.

Saïdou OUEDRAOGO¹, Jacques ZOUNGRANA Thérèse KAGONE, Sylvie ZIDA, Daouda MARE, Issouf YAMEOGO, Mamadou GOH, Amélie NIKIEMA, Armel PODA, Macaire OUEDRAOGO, Dramane KANIA, Groupe de l'étude ANRS 12333.

Introduction : Depuis 2019, l'OMS recommande l'utilisation systématique du Dolutégravir, un inhibiteur de l'intégrase (IN) dans le traitement de première ligne du VIH. La présente étude a pour objectif d'évaluer le profil de mutations de résistance du VIH-1 aux IN chez les personnes vivant avec le VIH (PVVIH) avant leur mise sous traitement antirétroviral.

Méthodologie : Les patients en prétraitement ARV ont été inclus dans 4 centres de prise en charge à Bobo-Dioulasso de Juillet 2016 en Mai 2017. Après amplification par PCR suivant la technique de l'ANRS ciblant les gènes de l'intégrase, les échantillons positifs ont été séquencés par la méthode de Sanger. Les séquences obtenues ont été analysées et soumises à la base de données de l'Université de Stanford et les mutations obtenues ont été comparées avec l'algorithme de l'ANRS.

Résultats : Au total 40 échantillons ont donné des résultats positifs à la PCR dont 27 ont obtenu des séquences analysables. Les génotypes les plus fréquents étaient : **CRF02_AG** (55,5%) et **A** (37%). Une proportion de 62,5 % des échantillons séquencés présentait des mutations comme étant associés à l'échec du traitement par les

IN : **M50I** (26%), **L74I** (26%), **E157Q** (7%) et **T97TA** (3,5%).

Conclusion : Cette étude menée dans les centres de prise en charge à Bobo Dioulasso a montré des mutations susceptibles d'être associés à un échec de traitement du VIH-1 aux IN chez les patients initiant un premier traitement. Cela suggère l'importance du test de génotypage avant l'initiation du traitement ARV.

Mots clé : *génotypage, mutation, ARV, intégrase, Burkina Faso.*

R197 : Contribution de l'ADN recombinant pour le diagnostic moléculaire dans la surveillance du SARSCOV-2 en Côte d'Ivoire.

Kakou-Ngazona Solange, Sylla A, Coulibaly S, Adjogoua V, Kadjo H, Coulibaly Nd, Aoussi S, Dosso M.

Introduction : Depuis 2020, la maladie à coronavirus (Covid-19) aurait infectée plus 35,1 millions de personnes et causée plus d'un million de décès dans le monde. L'infection est un syndrome respiratoire aigu sévère causant une urgence sanitaire mondiale. Les mutations virales du *SARS-Cov-2* ont été signalées et confèrent au virus une infectiosité et une transmission plus élevée. Les outils moléculaires représentent la stratégie de choix de lutte et de diagnostic du *SARS-Cov-2*. Dans le contexte africain, l'utilisation d'outils moléculaires devient un enjeu scientifique pour la surveillance dans plusieurs pays. Ce projet a pour but de proposer l'ADN recombinant pour le diagnostic du *SARS-Cov-2* dans la surveillance nationale.

Méthodologie : 50 souches virales de 2020-2021 de la biocollection de surveillance nationale ont été choisies pour cette étude. 200 µl de solution virale ont servi à l'extraction de l'ARN viral selon le protocole du fabricant. La technique RT-PCR a été appliquée pour les marqueurs viraux et les produits ont été amplifiés dans un vecteur bactérien. La validation des plasmides obtenus se fait en qPCR pour le diagnostic du *SARS-Cov-2*.

Résultats : Tous les gènes viraux du *SARS-Cov-2* ont été positifs aux tailles

correspondantes de 1272 bp, 228 bp, 669 bp, 918 pb, pour la Nucléoprotéine (N), l'Enveloppe (E), la Membrane (M) et la Spike (S) respectivement. L'ADN recombinant des plasmides possédant les gènes viraux a été positif aux tests de contrôles pour la détection du *SARS-Cov-2*.

Conclusion : Les ADN recombinants des gènes conservés de l'Enveloppe, de la Nucléoprotéine et de la Membrane peuvent être utilisés pour le diagnostic de routine. Le gène Spike est un marqueur variant et peut servir à la détection de mutants.

Mots clés : SARS-Cov-2, RT-PCR, ADN recombinant, Côte d'Ivoire.

R198 : Contexte de la prise en charge de la pandémie de Covid 19 par les tradipraticiens généralistes de la ville d'Abidjan

Kacou Messan Amon Adjoba Claudine

Introduction : La COVID 19 est une crise sanitaire qui a connu une propagation rapide propulsant son statut de pandémie mondiale le 11 mars 2020, par l'OMS (2020). Compte tenu de la propagation rapide du virus COVID 19, tous les pays ont mis en œuvre des mesures non pharmaceutiques destinées à réduire sa propagation, comme la distanciation sociale, des mesures de confinement etc. A côté de toutes mesures, l'utilisation des médicaments traditionnels a été un énorme soutien pour les patients des tradipraticiens généralistes de la ville d'Abidjan. L'objectif fixé par cette étude est d'analyser le contexte de la prise en charge de la COVID 19, dans une perspective d'une collaboration entre médecine traditionnelle et médecine moderne.

Matériels et méthode : L'étude a porté sur les patients de 56 tradipraticiens généralistes de la ville d'Abidjan. Elle a été réalisée à l'aide d'un questionnaire administré aux patients des tradipraticiens et des registres consultés dans les locaux des tradipraticiens. Le questionnaire comportait trois parties : les caractéristiques socio-démographiques des patients, les démarches antérieures faites par les patients

rencontrés chez les tradipraticiens et les motifs du recours, et le type de soins administré par le tradipraticiens.

Résultats : Sur les 387 patients des tradipraticiens généralistes, seulement 18 avaient déclaré être positif à la COVID 19 et faisait partie de la tranche d'âge 40-55 ans. Huit étaient des femmes et dix hommes. Les patients sont majoritairement instruits (75%). Tous les patients enquêtés, ont commencé par épuiser les possibilités offertes par la médecine moderne avant de s'adresser aux tradipraticiens (100%). Le type de soins étaient la phytothérapie.

Conclusion : Les caractéristiques des patients consultant les tradipraticiens ont révélé que niveau d'instruction n'affecte pas le choix du type de recours aux soins car le caractère chronique, invalidant et incurable d'une maladie est la raison probable du comportement désespéré des patients pour recourir à la médecine traditionnelle, quelque soient le sexe et l'âge. De ce fait, une intégration efficiente des tradipraticiens généralistes dans le système de santé renforcera le contrôle de la qualité des activités des tradipraticiens. Une telle réglementation limitera les fautes professionnelles observées dans de nombreux pays africains, ou les médicaments traditionnels prescrits ne sont pas contrôlés.

Mots clés : *Recours aux soins, tradipraticiens, prise en charge, COVID 19, Abidjan*

R199: Heterogeneous human exposure to arbovirus vectors in African urban context by using immuno-epidemiological biomarker of *Aedes aegypti* bites.

Bi Zamblé Hubert ZAMBLE, Akré Maurice ADJA, André Barembaye SAGNA, François Dipomin TRAORE, Mintokapieu Didier Stéphane KPAN, Négnorogo GUINDO- COULIBALY, Affoué Mireille Nadia KOUADIO, Konan Rodolphe Mardoché AZONGNIBO, Danielle Dounin ZOH, Anne POINSIGNON, Florence FOURNET, Françoise MATHIEU-DAUDE, Franck REMOUE

Introduction : Uncontrolled urbanization led to proper environment for *Aedes* mosquitoes spread in many African cities. Here, we assessed human exposed to *Aedes aegypti* bites

in the urban area of Abidjan, Cote d'Ivoire by using antibody-based biomarkers.

Materials and Method : A cross sectional study was undertaken during the short rainy season in November 2015 in 3 different neighborhoods (Anoumabo, Bromakote, and Petit-Bassam) presenting various socio-environmental and entomological characteristics. The specific IgG responses to *Aedes* Nterm-34 kDa salivary peptide, previously validated as pertinent biomarker of bites exposure, were assessed in children and analyzed according to their neighborhoods and their age classes.

Results : The specific IgG level was significantly higher in Bromakote compared to Anoumabo and Petit-Bassam. No significant difference in specific IgG level was observed according to age classes. We also noticed an association between *Ae. aegypti* densities and some socio-environmental factors with the level of specific IgG responses.

Discussion: This study indicated that the exposure to *Aedes* vector appeared depending on neighborhoods in the same city which could be related to some socio-environmental factors, as previously demonstrated [1]. Results indicated also, whatever their age, children at risk of arboviral virus transmission even if it is not possible to determine which age groups most at risk as previously shown [1]–[3]. Antibody-based biomarkers of human exposure to *Aedes* bites could be a helpful tool for evaluating the heterogeneity of human exposure to arbovirus vectors by national control program.

Key words : *Urbanization ; biomarkers of exposure ; Aedes; Africa*

R200: High levels of cross-resistance to second generation non-nucleoside reverse transcriptase inhibitors among patients failing antiretroviral therapy in Cameroon: Implications for future ART-regimens in Africa

D.H. Anguechia Gouissi J. Fokam, D. Takou, E.N.J. Semengue, C. Chenwi, G. Beloumou, S. Djupsa, B. Dambaya, G. Teto, V. Colizzi, C-F Perno, A. Ndjolo

Background: Etravirine (ETR), rilpivirine (RPV) and doravirine (DOR) are second generation (2Gen) non-nucleoside reverse transcriptase inhibitors (NNRTI) approved for the treatment of HIV-1 infection. This study aimed to evaluate 2Gen-NNRTI resistance and their susceptibility in patients failing antiretroviral treatment (ART) in Cameroon.

Methods: A cross-sectional study was conducted from 2020-2021 among 340 patients failing ART, received at the Chantal Biya International Reference Centre. Genotypic resistance testing was interpreted using Stanford HIVdb v8.7. The penalty scores of drug resistance were ≥ 60 (high-resistance); 30–59 (intermediate-resistance); < 30 (susceptible). Acceptable threshold for potential drug-efficacy was set at $> 50\%$ at population-level.

Results: A total of 340 patients were enrolled, of which 230 were failing first-line (1Gen-NNRTI based) and 110 second-line (protease-inhibitors) regimens. Median [IQR] CD4 and viremia were respectively 184 [60–332] cells/ μ l and 82,374 [21,817–289,907] copies/ml; ART-duration was 18 months. Overall rate of resistance to 2Gen-NNRTI was 79.70%. Prevailing mutations were: Y181C (23.52%), and G190A (17.64%). Drug susceptibility rate was 52.05% (ETR); 43.23% (RPV), 36.17% (DOR). Following susceptibility profile, patients failing on EFV-based regimens were more susceptible to 2Gen-NNRTI (OR=0.42[0.24–0.74]; $p=0.003$), while those failing after receiving EFV and NVP were less susceptible to 2Gen-NNRTI (OR=4.4[1.16–14.81]; $p=0.02$). Low viremia ($\leq 4 \log_{10}$) was associated with susceptibility to 2Gen-NNRTI (OR=0.22[0.12–0.41]; $p<0.0001$). CRF02_AG was the prevailing subtype (58.53%), without any significant effect on 2Gen-NNRTI susceptibility.

Conclusion: After ART-failure in Cameroon, there is a high-level of cross-resistance to 2Gen-NNRTI. However, etravirine retains residual efficacy in half of the population. Thus, after ART-failure in African patients, the use of

etravirine as 2Gen-NNRTI is possible, pending genotypic profiling.

Keywords : *Etravirine, Rilpivirine, Doravirine, HIV drug resistance, Cameroon.*

R201: Pre-Treatment Genotypic Resistance Profile of HIV-1 and HBV in co-infected individuals

Cindy Lobe, Nadege Goumkwa, Charles Kouanfack, Patrick Awoumou, Désiré Takou, Mohammed Fifen, Clauvis Yengo, Laure Tchabda, Veronica Aletum, Isabelle Fernandez, Rosi Garcia, Ana Guiterrez, Judith N. Torimiro

Introduction: HBV infection is one of the most common infections among AIDS patients in Cameroon. Tenofovir disoproxil fumarate (TDF) and lamivudine (3TC) have activity against HIV-1 and HBV infections and are included in first line treatment regimen for AIDS patients co-infected with HBV in Cameroon. We sought to determine the rate of resistance-associated mutations (RAMs) of HIV-1 protease-reverse transcriptase (PR-RT) genes and HBV polymerase gene in co-infected individuals naïve to treatment.

Method: From 25 samples out of 750 tested, Sanger sequencing of HIV-1 Protease-RT and HBV polymerase genes, respectively, yielded sequences that were analyzed for RAMs by Stanford HIV Drug Resistance and COMET softwares for HIV-1, and Geno2pheno-hbv and HBVseq softwares for HBV.

Results: Twelve HIV-1 sequences were obtained, and one had M41L, M184V and T215F that predict high-level resistance to 3TC and low-level resistance to TDF, another had K103N that may reduce susceptibility to nevirapine and efavirenz. Meanwhile, of 11 samples, one showed L180P and another A87V of HBV polymerase predicting resistance to lamivudine, and one had T184A and L80F associated to entecavir and telbivudine resistance, respectively. Most common HBV variant was A (82%) and HIV-1 was CRF02_AG (50%).

Discussion: RAMs were identified on both HIV-1 RT gene and HBV polymerase gene that predict resistance to 3TC whereas none to TDF. However, this data show that 3TC-TDF-containing first line

regimen for AIDS patients co-infected with HBV, is efficacious.

Key words: *HIV/HBV co-infection, mutations, drug resistance, genotypes*

R202 : Diagnostic sérologique et moléculaire du SARS-CoV2 en urgence hospitalière : expérience de l'Hôpital Général de Douala

Ngo Malabo E.T., Nda Mefo'o J-P, Imandy G, Mengue E. R, Wanso D, Fanga B, Temb A, Ngounou C, Ngo Ngue M, Okalla Ebongue C

Introduction : Dès l'apparition de l'épidémie à SARS-CoV2 au Cameroun, l'Hôpital Général de Douala (HGD) a mis en place un système de testing des patients à ses portes d'entrée suivant l'algorithme recommandé au Cameroun.

Méthodes

De Janvier à Décembre 2021, le diagnostic biologique du SARS-CoV2 a été effectué au Laboratoire de Biologie Clinique de l'HGD sur les écouvillonnages rhinopharyngés de tous les patients admis aux urgences, gynécologie, pédiatrie, ainsi que ceux des patients venus en consultation externe. Les Tests de Diagnostic Rapide utilisés avaient pour principe l'immunochromatographie Biocensor ; et la RT-PCR en temps réel réalisée ciblait les gènes N et Orf à l'aide du kit « DAAN GENE CO.™, LTD SunYat-Sen University ». Toutes les analyses ont été réalisées suivant les recommandations des fabricants, et seuls les échantillons ayant été testés par les deux techniques ont été retenus.

Résultats et discussion : Globalement 1575 échantillons ont été analysés, provenant de 815 hommes (51,7%) et 760 femmes (48,3%). La moyenne d'âge était de 40 ans (0-91) et la tranche d'âge la plus représentée celle de 20-40 ans (39%). Près de 73% (1150/1575) de ces échantillons provenaient des cas contact et seulement 23,2% (366/1575) étaient symptomatiques. Les sérologies réalisées ont diagnostiqué 11,4% de positifs et les tests moléculaires 14%. Au total, 168 échantillons (10,7%) étaient positifs avec les deux tests ; 12(0,8%) positifs uniquement en TDR, pour 52(3,3%) positifs en PCR uniquement. Le seuil de détection chez ces derniers était >30 ct

dans 81,1% des cas. Les TDR n'ont pas une bonne sensibilité pour des faibles charges virales.

Mots clés : *Hôpital Général de Douala ; SARS-CoV2 ; PCR ; TDR*

R203: HIV-1 Integrase Resistance Associated Mutations and the Use of Dolutegravir in Sub-Saharan Africa: A Systematic Review and Meta-Analysis

Ezechiel Ngoufack Jagni Semengue, Maria Mercedes Santoro, Valantine Ngum Ndze, Aude Christelle KA'E, Bouba Yagai, Alex Durand Nka, Beatrice Dambaya¹, Desiré Takou, Georges Teto, Lavinia Fabeni, Vittorio Colizzi, Carlo-Federico Perno, Francesca Ceccherini-Silberstein, Joseph Fokam

Introduction: In order to ensure optimal monitoring of therapeutic response under dolutegravir (DTG)-based ART, we sought to generate up-to-date evidence on the use of integrase-strand transfer inhibitors (INSTI) and associated drug resistance mutations (DRMs) within SSA.

Methodology: In this systematic review and meta-analysis, we included randomized and non-randomized trials, cohort-studies, cross-sectional studies, and case-reports published on patients exposed to DTG, raltegravir (RAL) or elvitegravir (EVG) in SSA. Primary outcomes were “the rate of virological control (VC:<50copies/ml)” and “the presence of DRMs”. We synthesised extracted data using subgroup analysis, and random effect models were used where appropriate.

Results/Discussion: We identified 1,916 articles/citations, of which 26 were included (5,444 patients, mean age: 37±13 years), with 67.62%(3681/5444) female. Specifically, 46.15%(12/26) studies focused on DTG, 26.92%(7/26) on RAL, 23.08%(6/26) on both DTG and RAL, and 3.85%(1/26) on EVG. We found an increasing use of DTG overtime (0% before 2018 to 100% in 2021). Median treatment duration under INSTI-based regimens was 12 [9–36]months. Overall, the rate of VC was 88.51% [95%CI: 73.83–97.80]

with DTG vs. 82.49% [55.76–99.45] and 96.55% [85.7–100.00] with RAL and EVG, respectively. Following univariate analyses, VC with DTG-containing vs. other INSTI-regimens was significantly higher (OR=1.44 [1.15–1.79], $p=0.0014$). Among reported DRMs at failure, the only DTG resistance-mutations were G118R and R263K.

Conclusion: In SSA, DTG presents a superiority effect in VC compared to other INSTIs. Nonetheless, the early detection of INSTI-DRMs calls for sentinel surveillance for a successful transition and a sustained efficacy of DTG in SSA.

Keywords: *HIV; Drug resistance mutations; integrase strand transfer inhibitors; Dolutagravir; Cameroon.*

R204: Baseline Integrase Drug Resistance Mutations and Conserved Regions across HIV-1 Clades in Cameroon: Implications for Transition to Dolutegravir in Resource-Limited Settings

Ezechiel NGOUFACK JAGNI SEMENGUE^{1,2,3}, Daniele Armenia, Seth Inzaule, Maria Mercedes Santoro, Béatrice Dambaya, Désiré Takou, Georges Teto, Alex Durand Nka, Yagai Bouba, Lavinia Fabeni, Collins Chenwi, Grâce Angong Beloumou, Sandrine Claire Djupsa Ndjeyep, Vittorio Colizzi, Carlo-Federico Perno¹, Francesca Ceccherini-Silberstein, Joseph Fokam

Introduction: Transition to dolutegravir-based regimens in resource-limited settings (RLS) requires prior understanding of HIV-1 integrase variants and conserved regions. Therefore, we evaluated integrase drug resistance mutations (DRMs) and conserved regions amongst integrase strand transfer inhibitors (INSTI)-naïve patients harboring diverse HIV-1 clades in Cameroon.

Methodology: A cross-sectional study was conducted amongst 918 INSTI-naïve patients from Cameroon (89 ART-naïve and 829 ART-experienced). HIV-1 sequences were interpreted for INSTI-DRMs using Stanford HIVdb.v8.9-1 and 2019-International AIDS Society list; amino acid positions with <1% variability were considered as highly conserved.

Results: Overall prevalence [95%CI] of INSTI-DRMs was 0.8% [0.4–1.7], with 0.0% [0.0–4.0] amongst ART-naïve versus 0.9% [0.5–1.9] amongst ART-experienced; $p=0.44$. Accessory mutations were frequent (33.8% [30.9–37.0], with 38.2% [28.1–49.1] amongst ART-naïve versus 33.4% [30.4–36.7] amongst ART-experienced; $p=0.21$). Out of 288 HIV-1 integrase amino acid positions, 58.3% were highly conserved across subtypes in the following major regions: V75-G82, E85-P90, H114-G118, K127-W132, E138-G149, Q168-L172, T174-V180, W235-A239, and L241-D253. A wide genetic diversity was found (37 clades), including group-M (92.3%), N (1.4%), O (6.2%), and P (0.1%). Amongst group-M, CRF02_AG was predominant (47.4%), with a significantly higher frequency [95%CI] of accessory mutations compared to non-AG (41.4% [36.8–46.0] versus 27.1% [23.3–31.2] respectively; $p<0.001$).

Conclusion: Low-baseline INSTI-DRMs (<1%) in Cameroon suggests effectiveness of dolutegravir-based regimens. In spite of the high conservation across clades, the variability of accessory mutations between major circulating strains underscores the need for monitoring the selection of INSTI-DRMs while scaling-up dolutegravir-based regimens in RLS.

Keywords: *HIV; genetic diversity; integrase strand transfer inhibitors; Dolutagravir; Cameroon.*

R205: Evaluation of circulating and archived HIV-1 integrase drug-resistance variants among patients on third-line ART in Cameroon: implications for dolutegravir-containing regimens in resource-limited settings

Joseph Fokam, Ezechiel Ngoufack Jagni Semengue, Evariste Molimbou, Naomi-Karell Etame, Maria Mercedes Santoro, Désiré Takou, Leonella Mossiang, Alain P Meledie, Collins Ambe Chenwi, Bouba Yagai, Alex Durand Nka, Beatrice Dambaya, Georges Teto, Aude Christelle Ka'e, Grâce Angong Beloumo, Sandrine Claire Djupsa Ndjeyep, Nadine Fainguem, Aissatou Abba, Aurelie Minelle Nguoko Kengni, Michel Carlos Tommo Tchouaket, Nounouche Pamen Bouba, Serge-

Clotaire Billong, Rina Djubgang, Edith Saounde Temgoua, Samuel Martin Sosso, Charles Kouanfak, Anne-Cecile Zoung-Kanyi Bissek, Emmanuel Eben-Moussi, Vittorio Colizzi, Carlo-Federico Perno, Francesca Ceccherini-Silberstein, Alexis Ndjolo

Introduction: In order to ensure long-term efficacy of dolutegravir (DTG), we evaluated the genotypic profile in viral reservoirs among patients on third-line (3L) antiretroviral therapy (ART) in Cameroon, according to prior exposure to raltegravir (RAL).

Methodology: A facility-based study was conducted from May throughout December 2021, among patients on 3L from HIV treatment centres in Yaoundé and Douala. Viral load was measured, and genotyping was performed on plasma-RNA and pro-viral DNA. HIV-1 drug resistance mutations were interpreted using HIVdb.v9.1 and phylogeny was performed using MEGA.v7, with $p < 0.05$ considered significant.

Results: Of the 12,093 patients on ART, 53 fully met our inclusion criteria. Median [IQR] age was 51 [40-55] years and the M/F sex-ratio was 4/5. Median duration on integrase strand-transfer inhibitors (INSTI)-containing regimens was 18 [12-32] months; 15.09% (8/53) were exposed to RAL and the most administered 3L was TDF+3TC+DTG+DRV/r (33.96%, 18/53). Only 5.66% (3/53) had unsuppressed viremia (>1000 copies/ml). Resistance testing in pro-viral DNA was successful for 18/22 participants and revealed 1/18 patient (5.56%, in the RAL-arm) with archived mutations at major resistance positions (G140R, G163R). Five subtypes were identified, CRF02_AG (12/18), CRF22_01AE (3/18), A1 (1/18), G (1/18) and F2 (1/18).

Conclusion: In Cameroon, 3L-experienced patients have a good virological response with low-level of archived mutations in the integrase. This finding underscores the use of DTG-containing ART for heavily-treated patients in similar programmatic settings. However, patients with prior exposure to RAL should be closely monitored following a stratified or personalized approach to mitigate risks of INSTI-resistance, alongside pharmacovigilance.

Keywords: *Archived resistance, Third-line ART, Dolutegravir, Raltegravir, Cameroon.*

R206 : Faible fréquence des mutations du gène NS5B du virus de l'hépatite C liées à la résistance aux antiviraux à action directe chez les patients naïfs de traitement au Cameroun

Fabrice Levoa Eteme, Nadege Mafopa Goumkwa, Cindy Lobe, Clauvis Yengo Kunkwen, Mathurin Pierre Kowo, Laure Tchapda, Inoussa Pempeme, Alberic Ndonku Signang, Diapa Nana Yanick, Patrick Awoumou Lebon, Marie Ange Kwizera, Nzoume Nsope, Henry Namme Luma, Judith Ndong Torimiro

Introduction : La séroprévalence du virus de l'hépatite C (VHC) est inférieure à 2% dans la population sexuellement active au Cameroun. Cependant, les mutations de certaines enzymes de la réplication du VHC sont associées à la résistance au traitement et aux échecs thérapeutiques. Au Cameroun, le sofosbuvir (inhibiteur NS5B, pan génotypique) est utilisé pour le traitement de l'hépatite C depuis 2016. L'objectif de cette étude était de déterminer la fréquence des mutations du gène NS5B du VHC liées à la résistance au sofosbuvir dans différentes régions du Cameroun.

Méthodes : Le séquençage par la méthode Sanger du gène NS5B était réalisé sur le plasma des personnes infectées et naïves de traitement aux AAD. Les mutations et les génotypes étaient déterminés par analyse des séquences avec le logiciel Geno2pheno [hcv] 0.92.

Resultats : Sur 149 échantillons séropositifs analysés, 94 séquences NS5B ont été obtenues, parmi lesquelles 38 étaient du génotype 2 (40,43 %), 33 du génotype 1 (35,11 %), 22 du génotype 4 (23,40 %) et 1 du génotype 5 (1,06 %). Les sous-types prédominants étaient le 4f (15,96 %) et le 1g (5,32 %). Aucune mutation de résistance au sofosbuvir n'a été identifiée. Néanmoins, les substitutions F339L (6,23%), L285F (6,23 %) et S269G (5,96 %), d'impact inconnu sur l'efficacité des inhibiteurs de la polymérase, ont été identifiées.

Discussion : Quatre génotypes du VHC ont été identifiés et aucune mutation de résistance au sofosbuvir n'a été retrouvée, soulignant ainsi

l'efficacité du protocole thérapeutique à base de sofosbuvir utilisé au Cameroun contre le VHC.

Mots clés : *Sofosbuvir, VHC, résistance liée au traitement, génotype*

R207: Evaluation of HIV-1 capsid genetic variability and lenacapavir (gs-6207) drug resistance-associated mutations according to viral clades among drug-naïve individuals

Alex Durand Nka, Yagai Bouba, Georges Teto, Ezéchiél Ngoufack Jagni Semengue, Désiré Komego Takou, Aurelie Minelle Kengni Nguoko, Lavinia Fabeni⁵ Luca Carioti, Daniele Armenia, Willy Pabo, Béatrice Dambaya, Samuel Martin Sosso, Vittorio Colizzi, Carlo Federico Perno, Francesca Ceccherini-Silberstein, Maria Mercedes Santoro, Joseph Fokam Alexis Ndjolo.

Introduction: The HIV capsid protein has an essential structural and functional role in the viral replication cycle, making it a potential target for vaccine design, diagnostic tests and new antiretroviral drugs such as Lenacapavir (GS-6207). However, HIV-1 high diversity and variability should be taken into consideration. We evaluated the capsid variability and GS-6207 drug resistance associated mutations (DRMs) among drug-naïve individuals across HIV-1 subtypes.

Methods : A total of 2,031 HIV-1 sequences from drug-naïve patients were analysed for capsid amino-acid modification and the prevalence of Lenacapavir-DRMs. Amino acid positions with <5% variability was considered as conserved and variability was analysed by HIV-1 clades.

Results/Discussion: Overall, 63% (148/232) of amino acid positions were conserved in the capsid protein. Of note, conservation was consistent in specific binding residues of cellular factors involved in viral replication [CypA (G89, P90); CPSF6 (Q4, N57, N74, A77, K182) and TRIM-NUP153 (R143)], while N183 (12.31%) was the only non-conserved Lenacapavir binding residue. The overall prevalence [95% CI] of Lenacapavir-DRMs was 0.14% [0.05–0.44] (3/2031); with M66I (0.05%) and Q67H (0.05%) observed in Subtype C, and T107N (0.05%) observed in

CRF01_AE. Moreover, polymorphic mutations M66C (n=85, 4.18%), Q67K (n=78, 3.84%), K70R (n=7, 0.34%), N74R (n=57, 2.81%), T107L (n=82, 4.03%) were observed at Lenacapavir resistance-associated positions.

Conclusions: The low-level of Lenacapavir-DRMs (<1%) supports its effectiveness for clinical management, regardless of HIV-1 clades. The established conserved regions hence serve as a hallmark for the surveillance of novel mutations potentially relevant for Lenacapavir resistance.

Keywords: *HIV, Lenacapavir, viral clades*

R208 : Réactivité croisée des protéines du SARS-CoV-2 (Spike, RBD et P3), et deux antigènes du *Plasmodium* (Pf27 et LR-253) aux sérums des patients COVID-19 et pré-COVID-19 au MALI

Traore A, Balam S, Konate D, Traore B, Guindo Ma, Tangara K, Kante S, Maiga Y, Diakite Sas, Kasse F, Coulibaly Y, Faye O, Corradin G, Diakite M

Introduction: La maladie à coronavirus (COVID-19) est une maladie infectieuse causée par le virus du SARS-CoV-2, responsable des maladies respiratoires chez l'Homme. Contrairement aux autres, le continent africain serait le moins touché par le COVID-19 (OMS2020). L'immunité croisée avec d'autres virus de la même famille que le SARS-CoV-2 mais aussi avec le *Plasmodium* dans les zones d'endémie palustre expliquerait cette situation. Cette étude avait pour but de déterminer la réactivité croisée des protéines du SARS-CoV-2 (le Spike et deux ses domaines de liaison), et des antigènes du *Plasmodium* (Pf27 et LR25) à la fois dans des sérums des patients atteints de COVID-19 et dans ceux issus des volontaires prélevés avant l'avènement de la COVID-19 dans des zones rurales, d'endémie palustre au MALI. **Méthode:** L'ELISA indirecte a été réalisé sur 396 échantillons dont 188 COVID-19 l'Hôpital de Dermatologie de Bamako (HDB), 208 palustres DANGASSA et Nioro du Sahel (collecté respectivement en 2018 et 2013). **Résultats:** La séroprévalence des anticorps anti-Spike, anti-RBD, anti-LR253 et anti-Pf27

étaient plus élevés dans les échantillons palustres que ceux COVID-19 respectivement 65,87%, 61,06%, 71,15%, 38,46% contre 53,19%, 23,94%, 32,45%, 28,19% ($p < 0,05$). Séroprévalence était des anticorps anti-Spike avec la goutte épaisse positive (72,73%, $p = 0,035$).

Discussion: Les séroprévalences des anticorps anti-Spike, anti-RBD, anti-LR253 et anti-Pf27 élevés dans les échantillons palustres et celle des anticorps anti-Spike avec la goutte épaisse positive, pourraient expliquer la protection contre la COVID-19 dans nos zones endémiques palustres comme évoqué dans les études antérieures.

Mots clés : COVID-19, Paludisme, Réactivité-croisée, Mali

R209 : Maladie de Castleman multicentrique (MCM) à Ac anti-HHV8 négatif associé à la maladie de Kaposi cutané chez un patient VIH positif

Dabo Garan¹, Traoré AM, Dara C, Minta Dk

Introduction: La maladie de Castleman est un syndrome lymphoprolifératif induit par le HHV8 chez les pvhv comme la maladie de Kaposi. Nous rapportons une observation clinique portant sur une MCM à Ac anti-HHV8 négatif pouvant faire discuter le syndrome TAFRO (Thrombocytopenia, Anasarca, myelofibrosis, Renal dysfunction, Organomegaly). Il s'agit d'une nouvelle entité proche de la MCM récemment décrite au Japon.

Observation : Mr FI, âgé de 50 ans, infecté par le VIH type 1+2 (dual) avec coinfection HVB révélée par une polyadénopathie associant une hépatosplénomégalie, une lésion de kaposi cutané et une candidose buccale. L'exérèse ganglionnaire concluait à une adénite réactionnelle non spécifique qui a été rattachée à son infection à VIH. Le nadir de CD4 était à 282 cellules/mm³ et la charge virale (CV) VIH1 à 172 copies/ml (2,24 log). Le Patient a été simultanément mis au TARV

(Truvada/Kaletra) et la Bléomycine indiquée pour la maladie de kaposi cutanée avec une bonne réponse viro-immunologique à M3 (CV VIH1 indétectable, CD4 = 354 cellules par mm³). A M4 du TARV nous avons assisté à une aggravation clinique avec apparition d'adénopathies augmentant de volume, une anasarque sans fièvre et un syndrome anémique. La NFS montrait une anémie à 5g/dl avec une thrombopénie à 110 000 par mm³. La créatininémie était normale, la microalbuminurie positive à 624 mg/24h (N < 25) et une hypoalbuminémie à 24,3g/l. Le taux de LDH était à 1,4 fois la normale et on notait une hypergammaglobulinémie. L'exérèse ganglionnaire a contribué au diagnostic de la maladie de Castleman hyalino-vasculaire avec des îlots plasmocytaires (forme mixte) avec des anticorps anti-HHV8 négatifs. Notre cas clinique s'apparente au syndrome TAFRO malgré quelques éléments manquants donc incomplet.

Conclusion : Une MCM à Ac anti-HHV8 négatif chez un pvhv associé à un tableau clinique agressif (anasarque, anémie, thrombopénie, atteinte rénale) peut faire discuter un syndrome TAFRO.

Mots clés : Castleman, TAFRO, VIH

R210 : Prévalence des variants du SARS-COV-2 au Mali

Oumou Maiga, Amadou Koné, Almoustapha Maiga, Dramane Diallo, Bassirou Diarra, Ténin A. Coulibaly, Hawa B. Diarra, Mahamane T. Diakité, Fatoumata A. Camara, Daouda Keita, Oumar Dolo, Amadou Somboro, Youssouf Coulibaly, Sidy Bane, Antieme C. G. Togo, Anou M. Somboro, Josué Togo, Mariam Coulibaly, Gagni Coulibaly, Mahamadou Kone¹, Boureima Degoga¹, Hawa B. Dramé, Fah G. Traoré, Fatimata Diallo, Fanta Sanogo, Kadidia Kone, Ibrahim B. Diallo, Moumine Sanogo, Mahamadou Diakité, Seydou Doumbia

Introduction : Le SARS-COV-2 (Severe Acute Respiratory Syndrome of Coronavirus 2) est un virus de la famille des Coronaviridae, responsable de la maladie à coronavirus 2019 ou COVID-19. La propagation fulgurante de la maladie à l'échelle mondiale entre 2019 et 2021 a provoqué

une grande crise sanitaire et économique internationale. La RT-qPCR et le séquençage génomique de ce virus ont permis, pour l'un d'identifier le virus et pour l'autre de révéler des mutations au sein de son génome, qui seraient responsables de la résistance du virus aux protocoles thérapeutiques mise en place.

Méthodologie : Notre étude a inclus 430 échantillons positifs au COVID-19 au Mali. Il s'agissait de déterminer la prévalence des variants du SARS-COV-2 dans ces échantillons. Nos résultats montrent que le sexe masculin était à 56,79% le plus enclin à l'infection, le variant 21J Delta était le plus répandu au Mali entre avril et octobre 2021 avec 42% de cas détectés et les communes 4, 5 et 6 étaient les zones du district de Bamako où l'infection a le plus circulé.

Résultats : Nos résultats concordent en majorité avec ceux de certaines études notamment celle de chercheurs de l'Institut Nationale d'Étude Démographique (INED) Français dans laquelle la maladie aurait eu une mortalité importante chez les individus de sexe masculin et l'étude de F. Blanquart, où il explique la prédominance du variant delta et des autres nouvelles souches par le fait que celles-ci présenteraient des « avantages sélectifs » et des taux de réplifications supérieurs à ceux des souches originales.

Mots clés : SARS-COV-2, COVID-19, RT-qPCR, Séquençage, Variants, Mali.

R211: Genomic surveillance of SARS-CoV-2 variants by nanopore sequencing technology in Mali.

Fousseyni Kane, Amadou Kone, Dramane Diallo, Tenin Aminatou Coulibaly, Bourama Traore, Aaron Neal, Katy Saliba-Shaw, Ydrissa Sow, Mahamadou Diakité, Seydou Dombia

Background: The use of real-time genomic epidemiology has enabled the tracking of the global spread of severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2), informing evidence-based public health decision making. Mali has experienced five waves of the Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) between April 2020 and November 2022. However, the low capacity for

local genetic sequencing limited SARS-CoV-2 genomic surveillance.

Objective: The objective of this work was to follow the dynamics of variants emergence by sequencing of SARS-CoV-2 genomes from samples using Oxford Nanopore Technology.

Methods: We performed a random sampling among samples collected between November 2021 and October 2022 stored at the UCRC. All pre-selected samples had a CT value lower than 30. The library preparation, ligation and barcoding were performed following the NEBNext® ARTIC SARS-CoV-2 Companion Kit workflow. The nf-core/viralrecon pipeline was used for the bioinformatics analysis (Sequencing QC, Aggregate pre-demultiplexed, alignment, Downstream variant analysis).

Results: A total of 37 genomes were sequenced with an estimated median genomic coverage of 90.7.48% IQ (85.1% - 96.1%). The average total number of reads was 61249 ± 25348 with 61249 ± 25348 reads mapped. The average number of SNPs was 35 ± 11.09 . The variants were dominated by delta $n=32$ (86.49%) composed by clades B.1.617.2; AY.133; AY.34.1; AY.34; AY.36 followed by Eta (clade= B.1.525) $n=3$ 8.11% and Omicron (clade= BQ.1.10; BA.2) $n=2$ (5.41%).

Conclusion: Different SARS-CoV-2 variants are circulating in Mali. Genomic epidemiology integration within public health response allows tracking of variants and mutations that potentially affect disease outcome and vaccine efficacy.

Key words: NGS, Nanopore sequencing, Sars-Cov2, Mali

R212 : Prévalence élevée de mutations d'échappement au vaccin dans une cohorte de patients infectés par le virus de l'hépatite B au Mali

Coulibaly Tenin Aminatou, Cissoko Y, Goita A, Diallo D, Kampo M, Maiga A, Maiga M, Sissoko H, Kone A, Fofana DB

Introduction : Les mutations associées à la résistance (RAM) et les mutations d'échappement au vaccin (VEM) peuvent

survenir en raison de la faible fidélité de l'enzyme transcriptase inverse du virus de l'hépatite B (VHB). Nous avons étudié la présence de ces mutations chez des patients naïfs de traitement.

Méthodes : Des échantillons de sérum de personnes infectées par le VHB, y compris des femmes enceintes prélevés pour la caractérisation de leurs infections, ont été utilisés pour séquencer le gène *pol* du VHB par la méthode Sanger. L'analyse a considéré un total de 12 RAM primaires qui ont des preuves solides de résistance au 3TC, à l'ETV et/ou au TFV (S106C/G, D134E, R153W/Q, V173L, L180M, A181T/V, A194T, A200V, M204I/V, L217R, L229V/W et I269L) et 8 VEM (C139S, S/T140I, P142S, S/T143L/M, D144A/E/G/N, G145A/E/R, K141A/I/R et C147S) situés dans la région de l'épitope neutralisé par le vaccin contre le VHB.

Résultats : Sur 106 sera collectés : 72 séquences ont pu être amplifiées et analysées et 12/72 soit 16,6% des séquences avaient au moins une mutation associée aux VEM, 8/12 observés dans le groupe de femmes enceintes. Les VEM incluaient 100C 118S 120T 126I 129H 131I 133VT 143L 144G 145R ainsi que les RAM 181T, 204N lesquelles impactent le Lamivudine ainsi que le Tenofovir.

Conclusion : Ce travail a montré une prévalence élevée des VEM notamment chez les femmes enceintes. Il est important de surveiller l'impact de ces mutations qui peuvent réduire l'efficacité des stratégies thérapeutiques et de vaccination liée au VHB.

Mots clés : RAM, VEM, Séquençage, VHB

R213 : Genomic evolution of SARS-CoV-2 variants during different waves of COVID-19 in Mali

Dara A, Sissoko S, Daou A, Diawara A, Koita D, Sangare AK, Kassogué D, Dara C, Guindo I, Kouriba B, Djimé AA

Introduction: Genomic epidemiology of SARS-CoV-2 has been important in the control of COVID-19 pandemic. SARS-CoV-2 genome sequencing has made it possible to detect new variants and inform the COVID-19

control strategies. However, in Mali there are very few genomic data available on SARS-CoV-2. Therefore, we sought to generate more genomic data to contribute the monitoring of SARS-CoV-2 variants circulating in Mali during different waves of the pandemic.

Methodology: A retro-prospective study was conducted on samples collected between March 2020 and September 2022 in Mali representing samples from the first four waves. RNA was extracted using the Qiagen kit. Libraries were prepared using either an Illumina or Nanopore kit and subsequently sequenced on an Illumina MiSeq and MinION respectively at the MRTC. Sequence data was analyzed on a local server.

Results: We successfully sequenced 89 viral genomes. In addition, we downloaded 21 Malian sequences from the GISAID repository. We detected ten (10) variants: A, A.1, A.21, A.27, B, B.1, B.1.525 (Eta), B.39, Delta, Omicron (BA.2, BA.5). The most recent increase of cases corresponded to the occurrence of BA.5 Omicron sublineage. Except the A.21 variant, which might have emerged locally, the other variants detected were all cases introduced into Mali.

Conclusion: Our results highlight the importance of sequencing SARS-CoV-2 locally and provide information on variants circulating during the first waves of the COVID-19 pandemic.

Keys words: SARS-CoV-2, COVID-19, variants, sequencing, Mali

R214 : Evaluation de l'efficacité du traitement à base d'Azithromycine de la Covid-19 au Mali

Diarra M, Guindo I, N'diaye O, Cissé I, Diamouténé M

Introduction : La Covid-19 est une maladie infectieuse, provoquée par le SARS-CoV-2, apparue en 2019 en Chine puis dans le monde entier. Au fil des années, la multiplication des stratégies de défense a résulté en un nombre croissant de microbes dont le virus du SARS-Cov-2 résistants aux traitements.

Méthodes : En Décembre 2021, des patients testés positifs dans différents districts sanitaires par la RT-PCR au laboratoire de l'INSP ont été mis sous traitement à base d'azithromycine. Ces patients ont été soumis à des tests de contrôle réguliers et périodiques après cinq jours de traitement initial jusqu'à avoir un résultat négatif.

Résultats : L'étude a concerné 1191 patients âgés en moyenne de 41,6 ans. Dès le premier contrôle, 32,66% ont été testés négatifs. Au deuxième contrôle, 38,62% ont été négatifs ; au troisième contrôle 15,36% ; au quatrième 4,70% ; au cinquième 1,60% ; au sixième 1,09% ; au septième 0,33% ; au huitième, douzième, treizième et dix-neuvième 0,84%. A cause de la non-conformité des prélèvements, 0,25% ont été mis à refaire.

Discussion : Seulement un tiers des patients sous traitement a été négatif au premier contrôle. Cela suppose que la majorité des patients résiste au traitement initial. Les deux tiers ont été négatifs au deuxième contrôle. Ce résultat est proche de ceux obtenus par NS. Touati et al. puis par Bengaly et al. selon lesquels 73,9% et 89% des patients ont eu un test RT-PCR négatif après huit à dix jours de traitement.

Mots clés : Covid-19, traitement, azithromycine, Mali

R215 : Micro-organismes Chez les Patients Atteints d'Infections Respiratoires Aiguës à Bamako, Mali.

Xiang Z, Sangaré Ak, Wang X, Xiao Y, Kané B, Cissé I, Camara M, Traore B, Dembele A, Wang Y, Ouedraogo J, Timbine Lg, Diallo S, Doumbo OK, Ren L, Kouriba B, Wang J

Introduction : Les infections aiguës des voies respiratoires (IRAs) sont la deuxième cause de consultation au Mali. Ici, nous décrivons le premier spectre des micro-organismes associés aux IRAs dans toutes les tranches d'âge au Mali.

Méthodes : Les patients ayant subi des IRAs ont été recrutés au CSCOM Yirimadio et à l'hôpital du Mali de janvier à décembre 2018 à

Bamako au Mali. Des échantillons d'écouvillonnage du nez et de la gorge ont été prélevés chez chaque patient. Les pathogènes respiratoires communs dont 19 virus et 5 bactéries, ont été screenés à l'aide d'un multiplex polymérase chaîne réaction en temps réel (RT-PCR).

Résultats & Discussion : Au total, 600 patients ont été impliqués, dont 512 (85,3 %) étaient positifs pour au moins un agent pathogène. *Streptococcus pneumoniae* (356/600, 59,3 %) était l'agent pathogène le plus souvent détecté, suivi des entérovirus humains, dont le rhinovirus (162/600, 27 %). Une étude du réseau GABRIEL entre 2010-2014 a montré que *Streptococcus pneumoniae*, RSV, HMPV, IFVA et *S. aureus* étaient les principaux agents pathogènes. Dans les échantillons positifs pour *Streptococcus pneumoniae*, 182 ont été typés en 18 sérotypes, et 11A/11D a été classé premier. Ce sérotype n'était pas inclus dans le vaccin conjugué antipneumococcique 13-valent (PCV13) actuellement utilisé. Le virus respiratoire syncytial (RSV) a été détecté dans seulement 23 échantillons dont 21 RSVA et 2 RSVB.

Conclusion : Selon le taux de détection de *Streptococcus pneumoniae* et des principaux sérotypes prévalents, l'administration systématique du PCV13 en série avec le PPSV23 serait la bonne stratégie au Mali.

Mots clés : *S. pneumoniae*; Infections respiratoires; Sérotypage; Mali.

R216 : Identification des facteurs associés à l'échec thérapeutique des ARV chez les patients vivant avec le VIH1 suivis à l'hôpital de Kayes.

Soumare M, Keita B, Dogoni O, Kamate J, Cisse B

Introduction : Multi thérapies antirétrovirales dès 1998 : Réduction de la mortalité liée à l'infection du VIH/SIDA

Echecs virologiques observés dans le monde : Problème de santé publique et menace pour les programmes de traitement du VIH/SIDA, Multifactoriel, Caused par la mauvaise observance du traitement anti rétroviral

Objectif :

Identifier les facteurs associés à l'échec thérapeutique des antirétroviraux chez les Personnes Vivant avec le VIH1 (PVVIH) suivies à l'Hôpital de Kayes.

Déterminer la fréquence de l'échec thérapeutique ;

Déterminer les facteurs associés à l'échec thérapeutique.

Matériel et Méthodes : Etude rétrospective et analytique aux services de la pharmacie et du laboratoire de l'Hôpital de Kayes. Patients adultes positifs au VIH1 sous traitement antirétroviral

Resultats et discussions : Le schéma thérapeutique de première ligne 2 (INTI) à 1 (INNTI). Le TDF/3TC+EFV était le schéma le plus utilisé suivi de AZT/3TC +NVP. La combinaison TDF/3TC+LPV/r a été la plus représentée en deuxième ligne. Observance : Sur 202 patients, 145 ont eu une bonne observance. 51 de nos patients en échec soit 25,3% ont été mis sur la deuxième ligne. Plus de la moitié soit 74,7% des patients sont restés sur la première ligne.

La mauvaise observance était retrouvée chez 80,7% de nos patients en échec. Ce taux est proche à celui Bougoudogo mais supérieur à celui retrouvé par Kouéta et al, avec 60% sans différence.

L'échec thérapeutique a été plus fréquent chez les patients qui n'ont pas respecté le nombre de comprimé: la différence est significative.

Conclusion

Notre étude a cherché à établir la relation entre certains facteurs et l'échec thérapeutique.

Mots clés : VIH, Antirétroviraux, Echec virologique

R217 : Identification d'inhibiteurs prometteurs de la protéase principale du SARS-CoV-2 à partir de produits naturels africains par modélisation

Oudou Diabate, Cheickna Cisse, Mamadou Wele, Jeffrey Shaffer, Seydou Doumbia

Introduction : La propagation rapide, le cycle des phases et la multiplication des variants du

nouveau coronavirus (SARS-CoV-2), l'agent pathogène de la pandémie COVID-19, constitue une menace sérieuse pour la santé publique mondiale, nécessitant la recherche la plus urgente d'agents thérapeutiques potentiels. La disponibilité des données génomiques du virus et des méthodes de détermination des structures protéiques a facilité l'identification de cibles thérapeutiques et d'inhibiteurs potentiels en utilisant des outils bioinformatiques. Ainsi, de nombreux produits pharmaceutiques ont été proposés pour le traitement de la COVID-19, bien que leur efficacité n'ait pas encore été évaluée. Plusieurs protéines virales telles que les protéases, les polymérases ou les protéines structurelles ont été considérées comme des cibles thérapeutiques potentielles. Actuellement, il est important d'identifier des inhibiteurs à partir des bases de données de composés naturels pour surmonter le problème de la résistance du virus.

Methodologie : Dans ce travail, nous avons sélectionné par des critères de drugabilité la protéase principale M^{pro}, une cible pharmacologique bien validée et effectué un criblage virtuel à haut débit des bases de données de produits naturels africains comme NANPDB, EANPDB, AfroDb et SANPDB pour identifier de potentiels inhibiteurs.

Résultats : Au total, 8753 composés naturels ont été criblés virtuellement par AutoDock vina contre la cible du SARS-CoV-2. Deux cent cinq (204) composés ont montré des scores d'affinité élevés (moins de -10,0 Kcal/mol), tandis que cinquante-huit (57) composés filtrés selon les règles de Lipinski pourraient avoir une meilleure affinité que les inhibiteurs de M^{pro} utilisés (comme ABBV-744, Onalespib, Daunorubicin, Alpha-ketoamide, Perampanel, Carprofen, ...).

Conclusion : Il ressort de cette étude que les résultats prometteurs obtenus pourraient ouvrir la voie à d'autres études cinétiques *in vitro* pour prouver l'efficacité de ces composés.

Mots clés : COVID-19, SARS-CoV-2, protéase principale, produits naturels africains, criblage virtuel.

R218 : Evaluation du succès virologique chez les patients adultes VIH+ dans un contexte de transition vers le Dolutegravir au Mali : Étude transversale en période de pandémie à la COVID-19

Dolo O, Maïga AI, Diarra Z, Samake M, Saliou M, Traore FT, Togo J, Kodio A, Foafana DB, Murphy R, Calvez V, Marcelin A-G

Introduction : Depuis 2020, la pandémie à COVID-19 a secoué le monde, au-delà de toute peur que l'humanité aurait pu imaginer. Elle a gravement affecté l'accès aux systèmes de santé aux traitements et aux tests de charge virale dans de nombreux pays.

Le Mali est l'un des pays les moins touchés par cette pandémie elle a pourtant occasionné une modification dans le protocole national de prise en charge des PV-VIH, notamment en prolongeant la durée des rendez-vous (antirétroviraux et suivi biologique). Ceux-ci pourraient avoir un impact sur l'observance et le diagnostic précoce d'un échec virologique. L'objectif était d'évaluer le succès virologique des PV-VIH sous traitement ARV au Mali.

Méthodologie : C'est une étude rétrospective transversale (janvier 2020-novembre 2021). Elle concernait les patients sous ARV âgés de 18 ans et plus qui ont bénéficiés d'au moins une charge virale avec DBS. Le seuil de détectabilité était de 839/copies/ml et le succès thérapeutique (charge virale indétectable soit <839/copies/ml).

Résultats : Nous avons inclus 295 patients avec un sexe ratio de 2,35 en faveur des femmes et un âge médian de 41[35-48]ans. Environ 70% des patients étaient en succès thérapeutique et parmi eux 37% étaient dans la tranche d'âge [35-46]ans ; 69% étaient des femmes ; 71% étaient sous TDF+3TC+EFV, 60% avaient au plus 12 mois sous traitement et 60 % avaient plus de 500 cellules/mm³.

Conclusion : Cette étude révèle un taux de succès virologique élevé chez les patients sous traitement ARV à de dolutegravir d'où la nécessité d'accélérer la transition vers cette molécule de choix.

Mots clés : *Succès, Virologique, Adultes, VIH+, Dolutegravir, Mali, COVID-19*

R219: Antiprotozoal effectiveness of traditional medicinal plants on *Plasmodium falciparum* and *Cryptosporidium* spp infections

Karim Tuo, Kigbafori Dieudonné Silue, Sylvain Beourou, Gbouhoury Eric-Kévin Bolou, Emmanuelle Mara Sara, Xavier Ding, Bruno Polack, Andre Offianan Toure, Bassirou Bonfoh, Ronan Jambou

Introduction: *Plasmodium falciparum* and *Cryptosporidium* spp are two protozoa responsible for malaria and cryptosporidiosis respectively. The resistance of *Plasmodium falciparum* to the artemisinin derivatives currently recommended has been confirmed in several regions of the world. However, for *Cryptosporidium* spp, there are no effective molecules against the parasite until now. These two situations require the need for effective molecules against malaria and cryptosporidiosis. Our research activities have been focused on the Ivoirian pharmacopoeia, with the objective to evaluate the antiprotozoal activity of traditional medicinal plants used by communities.

Methods: In both cases, medicinal plants were selected after an ethnobotanical survey. *In vitro* activity tests were performed at the CSRS chemosensitivity platform. *P. falciparum* clinical isolates were collected from consent patients suffering from uncomplicated malaria and also on reference strains (3D7 and Dd2). The microplate method based on SYBR GREEN fluorescence reading by a Spectra max GEMINI XPS (Molecular Devices) was used. Anti-*cryptosporidium* effect of the extracts was evaluated *in vitro* on oocysts of *C. parvum* (Iowa strain, Atlanta, USA) maintained in cell culture. Counts of the parasites was achieved using immunofluorescence detection.

Results: The best antiplasmodial activities were obtained with fractions F3 *Dialium dinklagei*, F3 *Newbouldia laevis*, and F2 *Cnestis ferruginea*. IC₅₀ values were 1.22±0.37µg/mL, 6.11±1.3µg/mL and 4.37±0.77µg/mL respectively.

Regarding anticryptosporidiosis activity, a total of 28 extracts and 39 fractions obtained from the identified plants were tested. Six (6)

fractions showed a higher efficacy than paromomycin at equal concentration (500 µg/mL).

Conclusion: This work shows the added value of the Ivorian pharmacopoeia and its potential for the identification of new molecules for malaria and cryptosporidiosis treatment.

Keywords: *Chemosensitivity, medicinal plants, Plasmodium, Cryptosporidium, Côte d'Ivoire*

R220 : Investigation épidémiologique de la bilharziose dans la localité de Katadji (Sikensi) au sud de la Côte d'Ivoire

Tuo K, N'Docho AFT, N'Guessan TL, Brou MT, Koffi AC, Dongo YK, Kouassi LF, Kouassi L, Tiembre I and Touré AO

Introduction : L'analyse des données du DHIS2 (District Health Information System 2) pour l'année 2017 a révélé une hausse des cas suspects de bilharzioses urinaires au Centre de Santé Rural de Katadji, mettant ainsi cette aire sanitaire au premier plan de la surveillance épidémiologique. Cette étude a été réalisée afin de confirmer les cas suspects de l'endémie de bilharziose, d'en déterminer la cause et de mettre en place les mesures de contrôle et de prévention.

Méthodes : Il s'agit d'une étude descriptive transversale dont la collecte des échantillons a été réalisée du 18 au 19 janvier 2018 dans la localité de Katadji. Des prélèvements d'urine et de selles ont été réalisés après administration d'un questionnaire aux personnes venues en consultation pour hématurie ou un problème gastro-intestinal, et aux cas suspects des trois écoles primaires de Katadji. Ensuite une investigation épidémiologique de chaque cas été réalisée pour identifier les lieux d'exposition. Les examens de laboratoire ont été réalisés pour la recherche de *S. haematobium* dans les urines et *S. mansoni* dans les selles afin de confirmer les cas.

Résultats : 139 échantillons d'urine et 83 échantillons de selles ont été prélevés. Les résultats montrent que 74 échantillons sont positifs à *S. haematobium* (53%) avec de fortes charges parasitaires. La majorité des enfants étaient issus des quartiers Dubai (44%) et

Chicago (26%). L'âge des patients varie entre 6 et 15 ans avec une moyenne de 10 ans. Tous les cas confirmés ont en commun un contact hydrique avec les rivières (M'gbebou et Kpinnankpin) qui traversent le village. L'analyse des selles n'a révélé aucun cas de bilharziose intestinale cependant, 50,3% des patients avaient d'autres parasites tels que *Enteromonas hominis*, des œufs de trichocéphales, des larves d'ankylostomes, et de nombreux kystes de protozoaires.

Conclusion : La cause de l'épidémie semble être les cours d'eau (M'gbebou et Kpinnankpin) qui traversent le village de Katadji. Outre les actions de sensibilisations menées aux près des populations, une campagne de distribution de masse de praziquantel est en cours d'organisation.

Mots clés : *Bilharziose, Epidémiologique, S. haematobium, Hématurie, Surveillance*

R221 : Évaluation de l'activité gamétocytocides et Schizonticides des extraits méthanolique et Hydroéthanolique de *Entandrophragma angolense* sur la Maturation In Vitro de *Plasmodium falciparum*

Dibi K. S-D, Beourou S, Bagre I, Tuo K, Ako AAB, Yao SS, N'guessan TL, Gnondjui AA, Aka NL., Effoh K JL, Koffi D, Toure OA

Introduction : Une chimiothérapie efficace est une composante essentielle dans la lutte contre le paludisme. Ainsi, face à l'observation de l'émergence et l'extension rapide de la résistance aux dérivés de l'artémisinine, molécule utilisée en première intention dans le traitement du paludisme, il est important de rechercher de nouvelles molécules antipaludiques. L'éradication du paludisme nécessite la recherche des médicaments antipaludiques à effet gamétocytocide. L'objectif de ce travail a consisté à mettre en place des cultures propageant des gamétocytes de *Plasmodium falciparum* à partir d'isolats cliniques, et d'évaluer l'activité gamétocytocide et schizonticide des extraits de *Entandrophragma angolense*.

Méthodologie : Des gamétocytes ont été produits avec des formes asexuées d'isolats cliniques en culture. L'activité gamétocytocide des extraits a été évaluée par microscopie. L'activité schizonticide a été évaluée en utilisant la méthode SYBR Green basée sur la fluorescence de l'ADN.

Résultat : La formation de gamétocytes jusqu'à la maturation a été observée (stade II à stade V). L'activité gamétocytocide a été évaluée par le pourcentage d'inhibition des gamétocytes. Il variait de 95,69% à 82,76% et de 93,1% à 63,83% respectivement pour l'extrait hydroéthanolique et méthanolique de *Entandrophragma angolense*. La concentration inhibitrice 50 (CI₅₀) des extraits a été déterminée. Elle part de 05,73 à 14,76 µg/mL.

Discussion : En général, les extraits méthanolique et hydroéthanolique ont présenté une bonne activité gamétocytocide et une activité schizonticide prometteuse contre *Plasmodium falciparum*.

Conclusion : Ce travail est précurseur pour la recherche de molécules gamétocytocide, source de molécules antipaludiques bloquant la transmission du paludisme.

Mots clés : *Isolats cliniques, Plasmodium falciparum, Microscopie, Gamétocytocide, Schizonticide, Entandrophragma angolense*

R222: Mapping the proportion of isolates with Plasmepsin 2 gene multiple copy number prior to dihydroartemisinin-piperaquine deployment in Côte d'Ivoire

Kouman KBA, Ako Aristide, Kouï TS, Yao SS, Assi SB, N'guessan TL, Trebissou JND, Beourou S, Toure A.O

Introduction : Côte d'Ivoire officially introduced Dihydroartemisinin-Piperaquine or DHA-PPQ as a first-line treatment for uncomplicated malaria in 2018. The combination has since been deployed nationwide without prior PSA testing. To find out, the distribution of isolates carrying several copies of the *pfpm2* gene (PF3D7_1408000) associated with a decrease in the susceptibility of *P. falciparum* to PPQ was analyzed in a set of 6 sentinel sites of the National Malaria

Control Program overing the period 2013 to 2019.

Methodology : A total of 852 *P. falciparum* DNA extracts were purified and amplified by qPCR to estimate the number of CMPs per 2^{-ΔΔCt}. The Cochran-Armitage test was used to analyze their trends over time within the 6 sentinel sites.

Results : Between 2013 and 2019, 44.8% of CMP isolates were located at sites in the south of the country compared to 20% in Man, in the west. In this same period, the proportions of isolates carrying multiple copies of the *pfpm2* gene remained high on average in Bouaké with 94.6% (CI95%: 88.2 - 97.8%); Ayamé, 78.6% (CI95%: 72.9 - 83.4%); and Man 74.6% (CI95%: 67.4 - 81.1%), although decreasing in Man ($p = 0.0033$; $z < 0$) and Yamoussoukro ($p = 2.65 \times 10^{-12}$; $z < 0$).

Conclusion : Seven years before the emergence of CoViD-19 and at the time when DHA-PPQ was being effectively deployed throughout the country, a high proportion of *P. falciparum* CMP isolates were found at 6 of the NMCP sentinel sites. This could jeopardize the long-term effectiveness of the combination in Côte d'Ivoire.

Key words : *pfpm2, Dihydroartemisinin-Piperaquine, Côte d'Ivoire*

R223: Molecular identification of Schistosoma mansoni in schoolchildren in Côte d'Ivoire

Angora KE, Sebastien AM, Valerie AB, William Y, Menan HEI, Utzinger J., Boissier J.

Introduction: Schistosomiasis remains a great public health problem in several tropical and subtropical countries. Recently in Côte d'Ivoire; we have investigated hybrids between *S. haematobium* and *S. bovis* in human urine samples. However, data are sparse on molecular identification of *Schistosoma mansoni* in Côte d'Ivoire. The aim of this study was to molecularly characterize *S. mansoni* in schoolchildren.

Methods: A cross-sectional study was conducted in two localities of Côte d'Ivoire: Agboville and Duekoué. Stool samples were collected from schoolchildren and examined by

Kato-Katz method to identify and quantify *Schistosoma* eggs. Miracidia were individually isolated and stored on Whatman® FTA card. We molecularly analyzed miracidia from stool samples using a Cox1 gene multiplex PCR in the "Centre de Recherche et de Lutte contre le Paludisme (CRLP)".

Results: A total of 661 schoolchildren was included in this study. More boys than girls (61.9% vs. 38.1%) was included and the highest proportion of included children was included in Agboville. The overall prevalence of *S. mansoni* infection was 9.8% (95% CI: 4.8-13.5). Of the 239 miracidia molecularly analyzed, 166 (69.5%) yielded positive PCR signal. Only one case of *S. haematobium* Cox1 was found in Agboville. This case should be hybrid *S. haematobium* x *S. mansoni*.

Conclusion: Our study reports that intestinal schistosomiasis remains prevalent in Côte d'Ivoire even if the infection rate was low. Only one case of *S. haematobium* Cox1 has been identified suggesting the presence of *S. mansoni* x *S. haematobium* hybrids. Molecular analysis should be included epidemiological study to better control schistosomiasis.

Key words: *Schistosoma. mansoni*, Multiplex PCR, Cox1 gene, Côte d'Ivoire

R224 : Evaluation de la qualité parasitologique des eaux de canalisations de la ville d'abidjan (cote d'ivoire)

Koffi A.C, Tuo K, Gonedele BS, N'docho AFT, N'guessan TL, Yakoura OK, Amon LN, Ako AAB, Vanga BAH, Coulibaly KJ, Toure AO

Introduction : Cette étude vise à évaluer la qualité parasitologique des eaux de canalisations de la ville d'Abidjan par l'étude des protozoaires et des helminthes.

Méthodes et résultats : 400 échantillons ont été collectés dans trois zones et sur 19 sites. Les parasites ont été identifiés à l'aide de méthodes de sédimentation, de concentration et de la technique de coloration de Ziehl-Neelsen. Les analyses biologiques ont révélé 269 (67.2%) échantillons positifs, avec la présence

de 19 taxons appartenant aux groupes des helminthes (nématodes, cestodes) et de protozoaires (amibes, ciliés, flagellés). Les protozoaires sont les plus rependus avec une net dominance de la classe des Amibes suivi des ciliés et des flagellés. Au niveau des espèces *E. coli*, *Endolimax nana*, *Giardia spp*, et *P. caudatum* sont les plus rependues avec pour prévalences respectives (59.47%, 41.64%, 26.4%, 24.54%). La distribution spatiale a montré que la zone de Yopougon était la plus parasitée suivie de celle d'Abobo-Adjamé. Les sites les plus parasités sont ceux du CHU, SEL, AG. Au niveau saisonnier, la saison sèche était la saison où la charge parasitaire était la plus élevée quel que soit la zone et le site.

Conclusion : La présence de ces groupes de parasites, la diversité taxonomique parasitaire indique une contamination fécale des eaux de canalisations de la ville d'Abidjan. Ces parasites présentent un danger potentiel pour les usages direct et indirect de ces eaux de canalisations. Il est ainsi nécessaire de traiter ces eaux avant tout usage et avant qu'elles se déversent dans les eaux de surfaces afin d'éviter ces parasites.

Mots clés : *Eaux de canalisations, Protozoaires, Helminthes, Abidjan*

R225 : Profil des gènes *pfprt*, *pfmdr-1* et *k13* chez des patients atteints de paludisme a bouafle, bondoukou et seguela (Côte D'Ivoire)

Kouakou A. Jérôme, Bla K. Brice, Konate-Toure Abibatou, Gnagne A. Paternne, Yavo William

Introduction : Dans le but d'éliminer le paludisme, il est nécessaire de surveiller la résistance de *Plasmodium falciparum* afin de garantir l'efficacité des traitements. Ainsi, les marqueurs moléculaires corrélés à cette résistance apparaissent comme des outils indispensables pour surveiller l'efficacité de ces antipaludiques. Cette étude avait pour but de décrire le polymorphisme des gènes *pfprt*,

pfmdr-1 et *K13* dans trois régions sanitaires à savoir Bouaflé, Bondoukou et Séguéla.

Méthodologie : Il s'agissait d'une étude transversale qui s'est déroulée pendant la période de mai à novembre 2019. Des prélèvements effectués chez des patients atteints d'une monoinfection à *P. falciparum* ont permis de réaliser des confettis sanguins. Après l'extraction de l'ADN plasmodial par le Kit Tianlong®, une amplification des gènes a été réalisée par la technique de la PCR nichée et le séquençage automatique ont permis d'analyser la fréquence de mutation des gènes.

Résultats : Au total, 292 patients ont été inclus dont 122 à Séguéla, 90 à Bondoukou et 80 à Bouaflé. L'analyse du gène *pfprt* a montré une prévalence de 33,33% pour les haplotypes mutants. Le *pfmdr-1* a donné un haplotype mutant N₈₆F₁₈₄ de 27,27% à Bouaflé, 48,15% à Bondoukou et 58,33% à Séguéla. Celui de Y₈₆F₁₈₄ a été observé à des prévalences de 9,1% à Bouaflé contre 3,70% à Bondoukou et 11,11% à Séguéla. Concernant le gène *K13*, des SNPs non synonymes ont été observés à des proportions respectives de 11,76%, 12,5% et 13,04% à Bouaflé, Bondoukou et Séguéla.

Conclusion : L'étude a montré une grande variabilité génétique des marqueurs de résistance aux antipaludiques d'un site à l'autre. Par conséquent, la surveillance de ces marqueurs doit être renforcée pour assurer l'efficacité des traitements antipaludiques

Mots-clés : *Gènes, Pfcrt, Pfmdr-1, K13 propeller, Côte d'Ivoire, paludisme.*

R226 : Évaluation des performances de cinq antigènes recombinants en formule unique et en combinaison (duplex et triplex) pour le sérodiagnostic de la cysticercose humaine

N'dri KTB, Soumahoro M-K, Melki J, Razafiarimanga ZN, Bellalou J, Toure AO, Djaman AJ, Jambou R

Introduction : Le diagnostic sérologique de la cysticercose humaine utilise des antigènes natifs extraits des cysticerques difficiles à obtenir. Afin de rendre le diagnostic sérologique plus accessible, nous avons développé des antigènes recombinants, exprimés dans un système eucaryote pour

remplacer ces antigènes natifs. L'objectif de cette étude était d'évaluer les performances des tests immuno-enzymatiques IgG utilisant des antigènes recombinants (T14, T18, R93, R914 et R915) de *T. solium*.

Méthodologie : Ces antigènes recombinants, exprimés dans le système baculovirus-cellules d'insectes et purifiés par chromatographie d'affinité, ont été évalués sur des échantillons de sérum humain, en référence au test western blot utilisant les antigènes natifs. La sensibilité, la spécificité, la concordance et le rapport de vraisemblance positive de chaque antigène recombinant ont été calculés. Le logiciel XLSTAT 2014.5.03 a été utilisé pour les analyses statistiques.

Résultats : Les antigènes ont tous montré une spécificité supérieure à 80% dont la plus grande valeur était 88,6% (84,5 – 91,8). Par contre, ces recombinants ont donné tous une sensibilité inférieure à 50%, avec 36,8% (28,6 – 45,8) comme la plus grande valeur de sensibilité. Dans le souci d'améliorer les performances de ces antigènes, nous avons procédé à deux méthodes de combinaison statistique (alternative et cumulative) des résultats des tests Elisa-IgG. Remarquablement, pour la combinaison cumulative, la combinaison T14+R914 a montré une spécificité (98%).

Conclusion : La combinaison T14+R914 s'est présentée comme une meilleure candidate pour le développement d'un test spécifique de diagnostic rapide permettant de faire un screening avant d'orienter les patients positifs vers les centres spécialisés.

Mots clés : *cysticercose humaine, Taenia solium, performances diagnostiques, protéines recombinantes.*

R227 : Revue systématique sur les histoplasmoses de 1992 à 2021

Zida Adama, Sawadogo P Marcel, Guiguemde K Thierry, Soulama Issiaka, Sangare Ibrahim, Bamba Sanata

Introduction : L'histoplasme est une mycose profonde rare due à un champignon dimorphique *Histoplasma capsulatum* dont il existe deux variétés : la variété *capsulatum*

responsable de l'histoplasmose américaine et la variété *duboisii* responsable de l'histoplasmose africaine. Cette revue visait à étudier les aspects épidémiologiques, cliniques, méthodes de diagnostic et les traitements sur les histoplasmoses de 1992 à 2021.

Méthodologie : Il s'est agi d'une étude rétrospective de type revue de la littérature des études portant sur la prévalence, les différentes formes cliniques, les méthodes de diagnostic et le traitement des histoplasmoses.. L'étude a été réalisée au Burkina Faso à partir des articles publiés dans la base de données.

Résultats: Au total 154 articles ont été inclus dans la revue dont 115 concernait l'histoplasmose américaine. Le continent Américain avait réalisé le plus de publication avec 63 articles. La tranche d'âge des patients était de 60 à 75ans dans 25% des cas avec une prédominance du sexe masculin avec un taux de 74,38% des cas.

Histoplasmose américaine : le SIDA était l'antécédent pathologique le plus rencontré (41,17%). La forme secondaire disséminée (75,65%) touchait le tractus gastro-intestinal dans 24,47% des cas. Le diagnostic reposait sur l'examen anatomopathologique (69,56%).

Histoplasmose africaine : Le taux de coinfection par le VIH/SIDA était de 28,20%. Les formes localisées (64,10%) se rencontraient au niveau cutané avec une fréquence de 52%. Le diagnostic reposait sur l'examen direct avec un taux de 37,03%.

L'amphotéricine B était le traitement de première intention dans 55,55% des cas et 28,20% d'itraconazole en traitement d'entretien.

Conclusion : Il existe un besoin majeur de mise en place d'un système mondial de traçabilité, vers une meilleure compréhension de la maladie.

Mots clés : *Histoplasma capsulatum var capsulatum*, *Histoplasma capsulatum var duboisii*, *histoplasmose*, *diagnostic*, *traitement*.

R228 : Caractéristiques virologique du Sars-Cov-2 dans les centres de prise en charge de la covid-19 au Mali et en guinée

Coulibaly Y, Maiga AI, Somboro AM, Saliou M, Dolo O¹, Traore A, Dabo G, Traore FT, Togo J, Kodio A, Sow M, Murphy R, Maiga M

Introduction : Nous avons mené une étude transversale Mali et en Guinée dans le but de décrire le profile virologique du SARS-CoV-2 chez patients présentant des formes de COVID-19 dans le laboratoire de Centre Universitaire de Recherche Clinique.

Méthodes : Nous avons collecté entre Août 2020 en Avril 2021 des échantillons nasopharyngés ou oropharyngés des patients dans les centres de prise en charge de la COVID-19 au Mali (CHU du Point G et CHU de l'hôpital du Mali à Bamako) et en Guinée (CHU de l'hôpital National Donka à Conakry). Un total de 200 participants positifs au SARS-CoV-2 par qRT-PCR ont été inclus. Un séquençage du génome entier du SARS-CoV-2 par NGS (séquençage de nouvelle génération) et une analyse bio-informatique ont été réalisés à Chicago. Cette étude a été soumise et approuvée par le comité scientifique et le comité d'éthique sous le No_2020/193/CE/FMOS/FAPH.

Résultats : Les variants retrouvés étaient 20I (Alpha, V1), 21D (Eta), 20B, 20D, 20A, 19B. Le variant 20A, qui a été à l'origine directe du variant delta (21A), le variant Eta (21D), le variant Beta et le variant 20B (qui dans son évolution nous ont conduit au variant Alpha (20I), au variant Omicron (21M), au variant 20D). Les comorbidités les plus fréquemment remarqués étaient : le diabète sucré 18,6%, l'hypertension artérielle 18,6%, l'obésité 7% avec une présentation clinique classique.

Conclusion : Nous avons observé moins de variants circulant du SRAS-CoV-2 et moins de décès des patients infectés par la COVID-19. Les personnes âgées et les personnes présentant un ou des comorbidités sont des personnes qui risquent de faire des formes très graves de la maladie.

Mots clés : *Mali*, *Guinée*, *séquençage*, *SARS-CoV-2*, *variants*, *virologie*, *épidémiologie*.

R229 : Surveillance de la résistance aux antimicrobiens (RAM) dans le secteur de la

santé humaine : cas de cinq sites sentinelles au Mali

Guindo I, Sanogo H, Ag Baraika M, Mahamadou A, Kone KM, Diarra S, Gahimbare L, Bougoudogo S, Et Équipes De Surveillance Sentinelle.

Introduction : La surveillance de la résistance aux antibiotiques demeure encore un défi au Mali. Le but de notre étude était de décrire les résultats issus de la surveillance de la RAM dans cinq sites sentinelles.

Méthodologie : Il s'agit d'une surveillance de la résistance des bactéries aux antibiotiques dans cinq sites sentinelles d'octobre 2020 à septembre 2021. Les patients ont été inclus sur la base de définitions de cas (sepsis, infection urinaire, méningite, infection des voies génitales et diarrhées bactériennes) conformément à la stratégie nationale de surveillance du Mali alignée sur les directives du système mondial GLASS.

Résultats : Au total 9551 échantillons biologiques ont été prélevés avec une fréquence plus élevée pour l'hémoculture (49%) et les urines (35%). Une positivité de 19% était observée pour les hémocultures (883 cas) et 21% pour les urines (682 cas).

Escherichia coli (n=516) : les BLSE représentaient 67%, les souches résistantes à l'imipénème 12%, à la ciprofloxacine 70%, à l'amikacine et la gentamicine respectivement 12 et 47%, et au co-trimoxazole 96%.

Klebsiella pneumoniae (n=137) : les BLSE représentaient 78%, les souches résistantes à l'imipénème 7%, à la ciprofloxacine 71%, à l'amikacine et la gentamicine respectivement 10 et 52%, et au co-trimoxazole 82%.

Staphylococcus aureus (n= 84) : 96% des souches étaient résistantes à la pénicilline G, 15% à la méticilline (SARM), 22% à la ciprofloxacine, 11% à la gentamicine, et 6% au co-trimoxazole.

Conclusion Un niveau de résistance élevé à plusieurs familles d'antibiotiques a été observé nécessitant le renforcement de la surveillance et une prescription rationnelle.

Mots-clés : Résistance, BLSE, SARM, surveillance, Mali.

R230 : Résistance aux antibiotiques des souches de *Staphylococcus aureus* isolées des bactériémies au Mali : cas de cinq sites sentinelles de surveillance

Sanogo H, Guindo I, Ag Baraika M, Mahamadou A, Kone KM, Diarra S, Gahimbare L, Bougoudogo S., et Équipes De Surveillance Sentinelle.

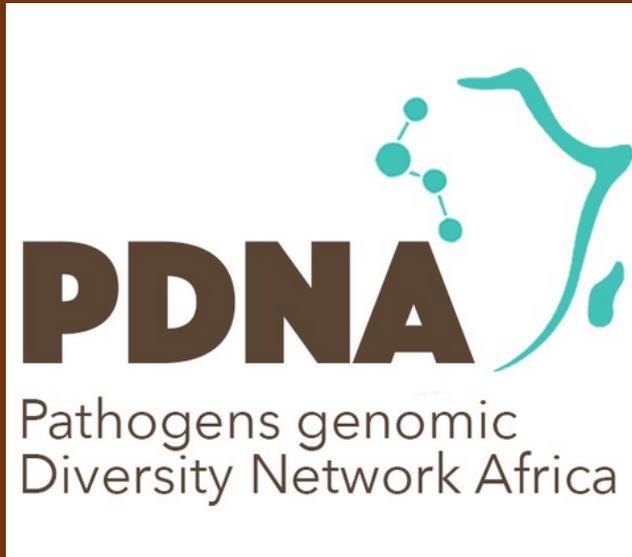
Introduction : Les bactériémies à *Staphylococcus aureus* constituent une cause importante de mortalité et de morbidité. Le but de notre étude était de déterminer la résistance aux antibiotiques des souches de *Staphylococcus aureus* isolées des bactériémies au Mali.

Méthodologie : Il s'agissait d'une surveillance de la résistance de *Staphylococcus aureus* aux antibiotiques dans cinq sites sentinelles au Mali de janvier 2020 à septembre 2022. Les patients ont été inclus sur la base de définitions de cas de sepsis et des antibiotiques traceurs ont été testés conformément à la stratégie nationale de surveillance.

Résultats : Au total 12657 prélèvements d'hémocultures ont été effectués avec 2488 cultures positives (19,7%). *Staphylococcus aureus* a été isolé dans 183 cas (7,3%) avec 52 cas en 2020, 68 cas en 2021 et 63 cas en 2022. La résistance à la pénicilline était de 96% (92% en 2020, 98% en 2021 et 2022). La résistance à la méticilline était de 16,3% (12% en 2020, 16% en 2021 et 21% en 2022). La résistance à la ciprofloxacine de 27,3% (20% en 2020, 32% en 2021 et 30% en 2022). La résistance à la gentamicine de 27,3 (37% en 2020, 19% en 2021 et 26% en 2022). La résistance au sulfaméthoxazole-triméthoprimine était de 7,7% (7% en 2020, 6% en 2021 et 10% en 2022).

Conclusion : *Staphylococcus aureus* a présenté 16,3% de résistance à la méticilline avec une sensibilité conservée de sulfaméthoxazole-triméthoprimine. Une extension de la surveillance s'avère nécessaire avec la recherche de supports moléculaires de résistance.

Mots-clés : antibiotique, résistance, SARM, surveillance, Mali.



VISION

Une Afrique en bonne santé grâce à l'exploitation du plein potentiel de la recherche en génomique

MISSION

Développer, encadrer et retenir l'expertise et l'excellence Africaine en génomique des pathogènes afin de réduire le fardeau des maladies transmissibles et d'améliorer la santé en Afrique



Website: www.pathogens-dna.org

TWITTER: @PDNA11

Email: contacts@pathogens-dna.org

TÈL: (+223) 90 31 31 05



Fournisseur d'équipements de laboratoire (SYSMEX, RANDOX et bien d'autres) et hospitaliers avec l'installation, la maintenance et la formation afférentes pour un service au-dessus et au delà.

Coordonnées

Boulevard de Marseille, Immeuble HADI 3e étage. En face de l'OSER, Bietry - Zone 4 C
Marcory - 26 BP 1269 Abidjan 26
Abidjan - Côte d'Ivoire

(+225) 27 21 24 12 36

(+225) 07 77 74 93 01

Fax : (+225) 27 21 24 12 37

Web site: www.alliance-overseas.ci



Theme: Pandemic threats and Antimicrobial Resistance : How is Africa preparing ?



AFRICA'S GENOMICS COMPANY

inqaba biotec™



- Sanger DNA Sequencing
- Next-Generation DNA Sequencing
- SNP & STR Genotyping
- Methylation Analysis
- Bioinformatics Support
- Oligonucleotide Synthesis
- Bioinformatics and Mol Bio Courses
- Supply of Laboratory & Medical Diagnostic Instruments
- Animal Genetics
- Specialised Molecular Projects
- Molecular Diagnostics Support
- Bench Space for Scientists

CONTACT INQABA BIOTEC

Rooted in Sub-Saharan Africa

Inqaba Biotec West Africa Ltd
Opp. the McDan Building, East Legon-Accra, Ghana
Tel: +233303969327 E-mail: alwaaba@inqababiotec.africa

www.inqababiotec.africa



Das Labor. offre la production de tests rapides comme complément au diagnostic des maladies telles que :

COVID 19 : **DASLABOR, SARS CoV2, Antigen test**
Homologué

HEPATITE B : **TOYO, HBsAg test, WB/S/P**
VIH SIDA : **TOYO, Anti-HIV ½ Test, WB/S/P**
PALUDISME : **Malaria Test Pf/pan**
En cours de validation

Nos tests rapides sont autorisés à porter le label CE.

Tests médicaux rapides – Qualité allemande fabriquée en Côte d’Ivoire

- Notre unité de production est située à Grand-Bassam. Elle est développée, testée et installée par des ingénieurs en Allemagne et permet ainsi de produire en Côte d’Ivoire selon des normes de qualité allemandes.
- La gestion de la qualité du développement et de la fabrication de nos tests sont certifiées selon la norme ISO 13485.

Biodiagnostic – Das Labor.

Pour toute information ou commande de nos tests, veuillez nous contacter:

Tél. Abidjan: 00225 05 75 12 06 08 /00225 01 01 53 44 50

Email: test@daslabor.com ou camara@daslabor.com





A PROPOS DE NOUS

DEPUIS 1963, NOUS EXPLORONS LE MONDE DU DIAGNOSTICS IN VITRO ET CONTRIBUONS
GRANDEMENT À L'AMÉLIORATION DE LA SANTÉ PUBLIQUE, POUR FAIRE DU MONDE UN LIEU DE
VIE PLUS SAIN.