



MICROBIO_VISION 2022



Sous le haut patronage de Adama Diawara, Ministre de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique et sous le parrainage de Amadou Coulibaly, Ministre de la communication et de l'Economie numérique, la SIM organise

2^{ÈME} CONGRÈS SCIENTIFIQUE DE LA SOCIÉTÉ IVOIRIENNE DE MICROBIOLOGIE



7,8 ET 9 DÉC. 2022

UNIVERSITÉ PELEFERO GON COULIBALY KORHOGO

THEME: MICROBIOLOGIE ET DÉVELOPPEMENT DURABLE



MICROBIO_VISION



2EME CONGRES SCIENTIFIQUE DE LA SOCIÉTÉ IVOIRIENNE DE MICROBIOLOGIE

7,8,9 Décembre 2022
Université Peleforo Gon Coulibaly

Partners





MICROBIO_VISION



2EME CONGRES SCIENTIFIQUE DE LA SOCIÉTÉ IVOIRIENNE DE MICROBIOLOGIE

7,8,9 Décembre 2022

Université Peleforo Gon Coulibaly

Scientific Committee

- President: Ms KOUSSEMON Marina** Pr, UFR-STA, Université Nangui Abrogoua, Abidjan, Côte d'Ivoire
- M. KAROU T. Germain**, Pr, UFR, Biosciences, Université Felix Houphouët-Boigny, Abidjan, Côte d'Ivoire
- Mme KACOU-N'DOUBA Adèle**, Pr, UFR-SM, Université Felix Houphouët-Boigny, Abidjan, Côte d'Ivoire
- M. AMEYAPOH Yaovi Blaise**, Pr, Université de Lomé, Togo
- M. AKPA Éric Essoh**, Associate Pr, UFR, Biosciences, Université Felix Houphouët-Boigny, Abidjan, Côte d'Ivoire
- M. SAVADOGO Aly**, Pr, Université Ouaga1, Pr Joseph KI-ZERBO, Burkina Faso
- M. ZEZE Adolphe**, Pr, Institut National Polytechnique de Yamoussoukro, Côte d'Ivoire
- Mme AKOUA K. Chantal**, Pr, Université Alassane Ouattara / CHU de Bouaké, Côte d'Ivoire
- M. DAKO Etienne**, Pr, Université de Moncton, new Brunswick, Canada
- Mme GUESSENND Nathalie**, DR, Institut Pasteur Côte d'Ivoire (IPCI), Abidjan, Côte d'Ivoire
- M. BANKOLE Honoré** Pr, Université Abomey Calavi, Cotonou, Bénin
- M. DADIE Adjehi Thomas**, Pr, UFR-STA, Université Nangui Abrogoua, Abidjan, Côte d'Ivoire
- Mme AMA Adingra Antoinette**, Dr, Centre de Recherche Océanologique (CRO), Abidjan, Côte d'Ivoire
- Mme BONI Catherine**
- M. BABA-Moussa Lamine**, Pr, Université Abomey Calavi, Cotonou, Bénin
- M. YOROU Nourou Solemane**, Pr, Faculté d'Agronomie, Université de Parakou, Bénin
- M. OULE Mathias**, Pr, Université St Boniface, Winnipeg, Canada
- M. N'GUESSAN Raymond**, Dr, Institut Pasteur Côte d'Ivoire (IPCI), Abidjan, Côte d'Ivoire
- M. OUASSA Timothée**, Pr, UFR-SPB, Université Felix Houphouët-Boigny, Abidjan, Côte d'Ivoire

Organizing committee

President: M. KAROU T. Germain

Vice President: Ms KOUAKOU A. Clémentine

Vice-President: Ms NGUESSAN ELise,

Members: Ms NGBESSO Nadège

M. AKPA Éric

Ms AMA Adingra Antoinette

M. ZEZE Adolphe

Ms KACOU-N'DOUBA Adèle

Ms GUESSENND Nathalie

M. DADIE A. Thomas

M. VOKO Bi Don Rosin

Ms TRAORE Adjaratou

Ms GOUALIE Bernadette

Ms KACOU Solange

M. OUASSA Timothée

Ms KOUADIO-ZEZE Ghislaine

Mme BONI Cathérine

Local organizing committee in Korhogo

Prof Cissé Mamadou: Reception and accommodation

Prof Jean Luc Aboya Moroh : Logistics

Dr Daniel Kouadio : Communication and awareness

Touré Abdoulaye Scientific communication

Dr Kouassi Madeleine : Restoration

TERMES DE REFERENCES

Contexte & justification

Le développement durable est une conception du développement qui s'inscrit dans une perspective de long terme et en intégrant les contraintes écologiques et sociales à l'économie. Au regard de l'enjeu que représente aujourd'hui le développement durable, la microbiologie joue un rôle essentiel tant elle implique plusieurs domaines d'application tels que la santé humaine et animale, l'environnement, les agroindustries et la gestion des risques sanitaires à l'interface animal-homme-écosystème. Il est d'urgente nécessité pour chaque nation de prendre des dispositions à la dimension des défis qui se posent. La Côte d'Ivoire à l'instar des autres pays, possède l'information, les politiques, les capacités, les pratiques, les ressources économiques et humaines capables d'assumer des responsabilités et coordonner des actions globales pour gérer les risques sanitaires à l'interface animal-homme-écosystème. Toutefois, ces compétences doivent se mettre en réseau pour tenir les populations informées et les protéger.

Dans ce contexte, la Société Ivoirienne de Microbiologie (SIM), regroupant plusieurs spécialistes du vaste domaine d'application de la microbiologie joue le rôle de "chef de file". La SIM peut émettre des recommandations fiables au niveau étatique dans les domaines relevant de son expertise : médicale, vétérinaire, agro-industrie et environnementale. Dans le cas de la Côte d'Ivoire et relativement aux domaines d'application de la microbiologie, il faut émuler les compétences et les stratégies d'innovation. C'est pour cette raison que la Société Ivoirienne de Microbiologie (SIM), société savante s'est voulue une plateforme interactive de ressources multisectorielles.

Il est donc possible avec le réseau des experts ivoiriens en microbiologie de fédérer les connaissances pour une recherche appliquée, dynamique et une diffusion du savoir au profit de la population.

En effet dès sa création en 2017, la SIM n'a pas tardé à commencer ses activités scientifiques. Une première édition de son congrès scientifique dénommé MICROBIO_VISION a été organisée avec succès les 27, 28 et 29 Novembre 2019 à l'Institut National Polytechnique Félix Houphouet-Boigny de Yamoussoukro.

Objectifs

La SIM a maintenant pour objectif d'organiser la deuxième édition **MICROBIO_VISION 22**

Réaliser dans un espace plus large des échanges entre chercheurs, universitaires, praticiens, pharmaciens, vétérinaires, doctorants, ingénieurs, industriels, partenaires institutionnels et autres communautés intéressées par la microbiologie ou utilisant ses produits et services.

Faire de ce **MICROBIO_VISION** un cadre d'actions interactif pour l'ensemble des usagers de la microbiologie en vue de rechercher des solutions de développement durable.

Méthodologie & Programme scientifique

Cette édition du congrès **MICROBIO_VISION 22** sera articulé autour d'une conférence inaugurale, une session spéciale concernant la valorisation et l'encadrement de la recherche, des conférences sectorielles et des ateliers autour de trois grandes sessions telles que la microbiologie en santé humaine et animale, la microbiologie et les agro-industries et la microbiologie environnementale. Les communications seront sous forme orale ou affichée dans divers domaines de la microbiologie :

Santé humaine et animale,

agro-industries

environnement

L'assistance profitera durant ces 3 journées, des résultats de la recherche des différentes équipes et trouvera à cette occasion, un espace pour créer et renforcer des liens entre les chercheurs et les représentants du secteur socio-économique et politique. L'occasion sera aussi pour les jeunes chercheurs d'échanger sur les conditions d'appropriation des nouvelles technologies et sur les nouvelles contraintes qu'elles génèrent dans la recherche en microbiologie et domaines connexes.



MICROBIO_VISION



2EME CONGRES SCIENTIFIQUE DE LA SOCIÉTÉ IVOIRIENNE DE MICROBIOLOGIE

7,8,9 Décembre 2022

Université Peleforo Gon Coulibaly

PROGRAM



MICROBIO_VISION



2EME CONGRES SCIENTIFIQUE DE LA SOCIÉTÉ IVOIRIENNE DE MICROBIOLOGIE

7,8,9 Décembre 2022

Université Peleforo Gon Coulibaly

Themes

- Environmental microbiology
- **Microbiology & agro-industries**
- Microbiology and human/animal health

Tuesday 06th December 2022

Afternoon

Welcoming

Registration

Poster installation

Wednesday 07th December 2022

7h45-8h45	Accueil des participants
8h45-9h00	Réception et installation des autorités
9h00-9h10	Mot de bienvenue du Maire de Korhogo
9h10-9h20	Mot du Président Université Pelefero Gon Coulibaly
9h20-9h35	Mot du Ministre de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique
9h35-9h50	Mot du Ministre de la communication et de l'Economie Numérique, Porte parole du Gouvernement, Parrain du Congrès
9h50-10h20	Pause Café
10h20-11h00	Conférence plénière Prof. Nick WHEELHOUSE <i>Leader, Microbiology research group, Edinburg Napier University, UK</i> Theme: Microbiologie et développement durable

Session 1: environmental microbiology

11h00-11h30	Plenary keanote Pr. YOROU Nourou Solemane <i>Faculté des Sciences Agronomiques, Parakou Bénin</i> Theme: Microbiology and sustainable agriculture
-------------	---

Workshop 1: Microbial ecology and plant health

President:	Prof. Adolphe ZEZE
Moderator:	Dr Honoré OUATTARA
Reporter :	Dr Aubin Cyrille TOULE

11h30-11h40	Chiguié Estelle Raïssa-Emma AMON, <i>Institut National Polytechnique Félix Houphouet-Boigny</i>
-------------	---

Décryptage et distribution du bactériobiome à travers les sols de Côte d'Ivoire

11h40-11H50

Kassim Tchan ISSIFOU

Faculté des Sciences Agronomiques, Parakou Bénin

Mise en évidence de la diversité du mycobiome de la rhizosphère de cinq arbres indigènes d'Afrique de l'Ouest

11h50-12h00

Sara Laetitia Elphège GNANGUI

Institut National Polytechnique Félix Houphouet-Boigny

Décryptage du microbiome de rhizobia des sols de savane du nord de la Côte d'Ivoire par la métagénomique

12h00-12h10

Marie Ange AKAFFOU

Institut National Polytechnique Félix Houphouet-Boigny

Ecologie des rhizobia associés au soja en Côte d'Ivoire

12h10-12h20

Anicet EBOU

Institut National Polytechnique Félix Houphouet-Boigny

Metagenomic investigation of the soil of the forestry area of Côte d'Ivoire reveal a domination of *Nitrosophaeara* and *Bradyrhizobium* in the common core microbiome

12h20- 12h30

Claude Ghislaine KOUADJO-ZEZE

Laboratoire Central de Biotechnologies /CNRA

Characterization of the phytomycobiome from agricultural soils in Yamoussoukro Côte d'Ivoire

12h30- 12h40

Migninlbin Marcel OUATTARA

Centre d'Excellence Africain sur le Changement Climatique, UFHB

Incidence, severity and spatial distribution of Sugarcane Streak Mosaic Virus (SCSMV) in the Integrated Agricultural Units of Zuénoula and Borotou-Koro, Côte d'Ivoire

12h40-12h50

Akoua Emmanuella ADIOUMANI

Université Félix Houphouet Boigny

Isolation and identification of agriphagage in vegetable crops in West Africa (Côte d'Ivoire)

12h50-13h00

Nahoua KONÉ

Université Pelefero Gon Coulibaly

Symptomatic characterization of growth abnormalities associated with variegation in market gardeners (okra, sorrel, eggplant, pepper and tomato) grown in northern Côte d'Ivoire

13h00-13h20 Discussion

13h20-14h40 Breakfast

14h40- 16h40 Workshop 2 : Agroecology and agricultural biotechnologies

President: Prof. Yadé René SORO
Moderator: Dr Ama Antoinette ADINGRA
Reporter : Dr Affou Séraphin WOGNIN

14h40-14h50 Jacob NANGUI
Institut National Polytechnique Félix Houphouet Boigny
The invasion of environments by *Chromolaena odorata* (L.) k&R contributes to improving the mycorrhizal potential of soils

14h40-15h00 Ynoussa MAIGA
Laboratoire de Microbiologie et de Biotechnologies Microbiennes, Université Joseph KI-ZERBO
Comparative study of three bioreactors for the production of fungal conidia by fermentation in solid medium for biocontrol purposes

15h00-15h10 Dago Noel DOUGBA
Université Pélefero Gon Coulibaly
ROC and R fitting curve for Quantifying Rhizobacteria and Foliar Bio-fertilizer Influence on Maize Crop in an Arid Soil in Northern of Cote d'Ivoire

15h10-15h20 Armand KONÉ
Université Nangui Abougoua
Promoting microbial activity for carbon storage in the soils of forest plantations and fallow land by combining plants with different functional traits

15h20-15h30 Noupé Diakaria COULIBALY
Centre National de Recherche Agronomique
Study of the after effects of food legumes on vegetable productivity: case of tomato (*Solanum Lycopersicum L.*), grown in the off-season in the locality of Bouaké

15h30-15h40 Adoukè Nadège AGBODJATO
North-West University (NWU), South Africa
Genomic Identification of Plant Growth Promoting Rhizobacteria and Effects of Their Inoculation on Maize Culture

15h40-15h50 : Kouadio AMANI
Centre National de Recherche Agronomique

Effects of biofertilizers based on local rhizobia on the nodulation and productivity of different soybean cultivars (*Glycine max*) in the department of Daloa, Centre-Ouest Côte d'Ivoire

- 15h50-16h :** **Yao Fulgence KOFFI**
Université Pelefero Gon Coulibaly
Use of biocontrol agents in the biological control of post-harvest deterioration in mangoes (*Mangifera indica* L.) intended for export
- 16h-16h10** **Mohamed CISSÉ**
Université Péléfero Gon Coulibaly
Use of chitosan for sustainable agriculture in Côte d'Ivoire
- 16h10- 16h20** **Rosin Rodrigue VOKO BI**
Université Jean Lorougnon Guédé
Characterization of physicochemical and microbiological parameters during rice bran composting in Daloa (Côte d'Ivoire)
- 16h20-16h40** **Discussion**
- 16h40-17h** **Coffee Break**

17h00- 18h50 : Workshop 3 : Microbiology and water biotechnologies

President: Prof. Marina KOUSSEMON
Moderator: Dr Kouadio Florent N'GUESSAN
Reporter : Dr Claude Ghislaine KOUADJO-ZEZE

17h-17h10 : **Ahou Cinthia Inès YEBOUET**
Institut National Polytechnique F Houphouet Boigny
Susceptibility to antibiotics of potentially pathogenic bacteria isolated from artificial lakes of Yamoussoukro, Côte d'Ivoire

17h10-17h20 : **Affou Séraphin WOGNIN**
Université Pelefero Gon Coulibaly
Profile of resistance to antibiotics of *Escherichia coli* strains isolated from slaughterhouse liquid effluents and cattle faeces, in the department of Korhogo, Côte d'Ivoire

17h20-17h30 : **Aubin Cyrille TOULE**
Centre de Recherches Océanologiques
Biotypes of vibrio in the aquaculture environment of the Ebrié lagoon

- 17h30-17h40 :** **Bawa BOYA**
Laboratoire de Biologie et de Typage Moléculaire en Microbiologie, Université d'Abomey-Calavi
 Water-related risk of Vibrio transmission in cholera-endemic areas in Benin
- 17h40-17h50:** **Attoungbré Clément KOFFI**
Institut Pasteur Côte d'Ivoire
 Evaluation of the parasitological quality of piped water in the city of Abidjan (Côte d'Ivoire)
- 17h50- 18h10** **Discussion**
- 18h10-18h50** **Poster session 1**
- 18h50** **Closing of the day**
17h-17h10 : **YEBOUET Ahou Cinthia Inès**
Institut National Polytechnique F Houphouet Boigny
 Susceptibility to antibiotics of potentially pathogenic bacteria isolated from artificial lakes of Yamoussoukro, Côte d'Ivoire
- 17h10-17h20 :** **Wognin Affou Séraphin,**
Université Pelefero Gon Coulibaly
 Profile of resistance to antibiotics of *Escherichia coli* strains isolated from slaughterhouse liquid effluents and cattle faeces, in the department of Korhogo, Côte d'Ivoire
- 17h20-17h30 :** **Aubin Cyrille TOULE**
Centre de Recherches Océanologiques
 Biotypes of vibrio in the aquaculture environment of the Ebrié lagoon
- 17h30-17h40 :** **Bawa BOYA,**
Laboratoire de Biologie et de Typage Moléculaire en Microbiologie, Université d'Abomey-Calavi
 Water-related risk of Vibrio transmission in cholera-endemic areas in Benin
- 17h40-17h50:** **Attoungbré Clément Koffi**
Institut Pasteur Côte d'Ivoire
 Evaluation of the parasitological quality of piped water in the city of Abidjan (Côte d'Ivoire)
- 17h50- 18h10** **Discussion**
18h10-18h50 **Poster session 1**

18h50

Closing of the day

Thursday 08th December 2022

Session 2: Microbiology & Agro-industries

8h30-9h00 : **Plenary Keynote & Discussion**
Prof. Ameyapo YAOVI,
Université de Lomé
Requirements for a sustainable agribusiness value chain

9h00- 10h40 : Workshop 4 Agroindustrial biotechnologies

President: Prof. Armand KONE
Moderator: Dr KAMBIRE Olo
Reporter : Dr Ahua René KOFFI

9h00-9h10 : **Ouattara G. HONORÉ**
Université Félix Houphouet Boigny
Characterization of the fermentative microbiota involved in the quality of the cocoa bean and chocolate

9h10-9h20 : **Comoé Koffi Donatien BENIE**
Université Félix Houphouet Boigny
Characterization of the genetic potential of quorum sensing systems in *Pseudomonas aeruginosa*

9h20-9h30 : **Clémentine A. KOUAKOU-KOUAMÉ**
Université Nangui Abrogoua
Evaluation of the potential for the production of biogenic amines by bacteria during the storage of Adjuevan, a traditional fermented fish used as a condiment in Côte d'Ivoire

9h30-9h40: **Eric Essoh AKPA**
Université Félix Houphouet Boigny
Selection of lactic acid bacteria with probiotic potential for the biocontrol of avian pathogenic microorganisms in Côte d'Ivoire

- 9h40-9h50:** **Yévi Delphine N'GUESSAN**
Université Félix Houphouet Boigny
 Probiotic potential of lactic acid bacteria isolated from maize (*Zea mays*) in Côte d'Ivoire d
- 9h50-10h00:** **Tadiogo Naty KONÉ-BOKO**
Université Nangui Abrogoua
 Impact of the use of the food supplement Algo-Bio® in pig feed on the antibiotic resistance of enterobacteriaceae and the nutritional characteristics of meat produced in Côte d'Ivoire
- 10h00-10h10:** **Kinonton Clarisse KONE**
Centre de Recherche en Ecologie
 Influence of soybean oil supplementation of laying feed on egg weight and size of 'Warren' laying hens
- 10h10-10h20:** **Jean-Luc Aboya MOROH**
Université Pelefero Gon Coulibaly
 Impact of cashew (*Anacardium occidentale*) and mango (*Mangifera indica* L) ash on preservation during storage of fresh tomato (*Solanum lycopersicum* L) against spoilage agents *Saccharomyces cerevisiae* and *Leuconostoc* sp.
- 10h20- 10h40 :** **Discussion**
- 10h40-11h:** **Coffee break**

11h00- 13h20 : Workshop 5: Food safety

- President:** **Prof. Thomas Adjehi DADIE**
- Moderator:** **Dr N'GUESSAN Elise**
- Reporter :** **Dr Kinonton Clarisse KONE**
- 11h00-11h10** **Kouadio Florent N'GUESSAN**
Université Nangui Abrogoua
 Genetic and toxigenic diversity of species of the *Bacillus cereus* group isolated from artisanal infant flours in Côte d'Ivoire
- 11h10-11h20** **Modeste KOFFI**
Université Gon Pelefero Coulibaly
 Physico-chemical, microbiological and sensory characterization of corn-based infant flours (*Zea mays* L.) enriched with local products

- 11h20-11h30** **Affoué Carole KOFFI**
Université de Man
Microbiological and nutritional quality of dried frogs marketed on the Marches de Man
- 11h30-11h40** **K Bertin TIEKOURA**
Institut Pasteur, Côte d'Ivoire
Evaluation of the carriage of Coliforms, Staphylococcus sp, and Salmonella sp. among collective catering staff in Abidjan, Côte d'Ivoire
- 11h40-11h50:** **Désiré N'Zébo KOUAME**
Université Félix Houphouet Boigny
Microbiological quality and health risk to *Escherichia coli*, Staphylococcus aureus and Salmonella linked to the consumption of smoked fish in Abidjan
- 11h50-12h00:** **Serge Guédé SERI**
Université Pelefero Gon Coulibaly
Hygienic quality of grilled mutton sold in the town of Korhogo
- 12h00-12h10:** **Ahua René KOFFI**
Centre de Recherche en Ecologie
Evaluation of the health quality of millet semolina porridge (*Pennisetum glaucum*) produced and sold in the municipalities of Abidjan, during fasting periods
- 12h10-12h20:** **Moumouny TRAORÉ**
Université Pelefero Gon Coulibaly
Microbiological characterization and determination of Cadaverine level in fish samples
- 12h20-12h30** **Comoé Koffi Donatien BENIE**
Université Félix Houphouet Boigny
Prevalence of mecA gene in methicillin-resistant Staphylococcus aureus (MRSA) biofilms isolated from animal products
- 12h30-12h40** **Clément Koffi KOUASSI**
Université Jean Lorougnon Guédé
Evaluation of the microbial contamination of millet flour (*Pennisetum glaucum*) sold in the public markets of Daloa (Côte d'Ivoire)
- 12h40-12h50** **Privat KOUAKOU**
Université Félix Houphouet-Boigny
Physico-chemical characterization of mango kernel butter from the northern region of Côte d'Ivoire
- 12h50-13h00** **Privat KOUAKOU**
Université Félix Houphouet Boigny
-

Determination of polycyclic aromatic hydrocarbon contamination levels of palm kernels in the Tonkpi region

13h-13h20 : **Discussion**

13h20- 14h30: **Breakfast**

14h30- 15h30 : Workshop 6 : Biological valorization of bio-resources

President: **Prof. Germain T. KAROU**
Moderator: **Dr Jean-Luc Aboya MOROH**
Reporter : **Dr KOUA Atobla**

14h30-14h40 : **Noka Lahissa BAKAYOKO**
Université Nangui Abrogoua
Antibacterial activity of lactic acid bacteria isolated during fermentation of tamarind fruit (*Tamarindus Indica*) grown in Korhogo, Côte d'Ivoire

14h40-14h50 **Konan Bertin YAO**
Université Félix Houphouet Boigny
Evaluation of the antibacterial effect of the aqueous extract of the leaves of *Alchornea cordifolia* (Euphorbiaceae) on the in vitro growth of strains of *Salmonella* sp.

14h50-15h00 **Djako Sosthène Thierry AKRE**
Université Jean Lorougnon Guédé
Phytochemical sorting and antimicrobial activities of extracts of *Baphia nitida* (Fabaceae) on *Shigella spp.* and *Escherichia coli*, two enterobacteriaceae implicated in infantile diarrhea in Daloa, Côte d'Ivoire

15h-15h10 : **Jacques Auguste Alfred Bognan ACKAH**

Antimycotic activity and phytochemical screening of the various extracts of *Terminalia Catappa* linne, an antifungal from a natural source

15h10-15h30 : **Discussion**

15h30-15h50: **Coffee break**

Session 3: Microbiology and human/animal health

15h50-16h20 : **Plenary Keynote & Discussion**
Dr Sam DUODU
Department of Biochemistry and molecular Biology, University of Ghana
Bacterial infections and human health: opportunities for improved diagnostics

16h20-17h30 : Workshop 7 :Infectious diseases

President: **Dr Nathalie KOUADIO GUESSENND**
Moderator: **Dr Clément Koffi KOUASSI**
Reporter : **Dr Konan Bertin TIEKOURA**

16h20-16h40 **Oby Zéphirin WAYORO**
Centre Hospitalier Universitaire, Bouaké
Molecular characterization of *Bacillus cereus* strains isolated from patients with bacteremia at the Centre Hospitalier et Universitaire de Bouaké

16h40-16h50 : **Arthur Constant ZEBRE**
Université Jean Lorougnon Guédé
Mechanism of regulation of the ManR transcription activator in *Listeria monocytogenes*

16h50-17h00 : **Lydie BOYVIN**
Université Félix Houphouet Boigny
Mycobacterium tuberculosis infection is associated with ZINC deficiency in multidrug-resistant pulmonary tuberculosis (*MDR-TB*)

17h00-17h10: **Mohamed Baguy OUATTARA**
Institut Pasteur Côte d'Ivoire
Diversity of plasmids harbored by enterobacteriaceae of human origin producing extended-spectrum beta-lactamases

17h10-17h20: **Aby Christiane AMON**
Institut Pasteur Côte d'Ivoire
Importance of RT-PCR in confirming clinical cases of Paucibacillary leprosy

17h30-18h30: Posters session

18h30 **Closing of the day**

Vendredi 09 Decembre 2023

8h30-9h00

Plenary Keynote :Dr Sam Duodu

Department of Biochemistry and molecular Biology, University of Ghana
Bacterial infections and human health: opportunities for improved diagnostics

8h30-12h00: Workshop 8 : Microorganisms and anti-infectives

President:

Prof. Germain T. KAROU

Moderator:

Dr Oby Zéphirin WAYORO

Reporter :

Dr Sylvie-Mireille KOUAME-SINA

8H30-8H40

Sidjè Arlette AFRAN

Institut Pasteur Côte d'Ivoire

Prevalence and profile of resistance to antibiotics of Klebsiella pneumonia producing Broad Spectrum Beta-Lactamases (Kpn-ESBL) isolated during neonatal sepsis and bacteremia

8H40-8H50

Sylvie Mireille KOUAMÉ-SINA

Institut Pasteur Côte d'Ivoire

Rapid detection by LAMP-PCR of Treponema pallidum ssp. pertenue and Haemophilus ducreyi responsible for children yaws-type ulcerations in rural areas, Côte d'Ivoire

8H50-9H00

Abdoul Karim SANGARÉ

Centre d'Infectiologie Charles Mérieux, Bamako, Mali

Microorganisms in Patients with Acute Respiratory Infections in Bamako, Mali

09h10-09h20:

Anne Rebecca KEMOAGNA

Institut Pasteur Côte d'Ivoire

Bioinformatic assisted discovery of novel antimicrobial candidates from natural peptide sources

09h20-09h40:

Yeperi Marina COULIBALY- DIALLO

Service de Biologie Médicale, CHU Angré

Detection and characterization of extended-spectrum beta-lactamase-producing Enterobacteriaceae during human infections at the University Hospital of Angré in 2020

09h40-09h50:

Syndou MEITÉ

UFR Sciences Médicales Université Félix Houphouët Boigny

Etiologies and level of resistance to antibiotics of bacteria from surgical site infections (SSI) in the orthopedic surgery and traumatology department of the University Hospital of Angré

09h50-10h00:

Konan Bertin TIEKOURA

Institut Pasteur, Côte d'Ivoire

Genetic support of ceftazidime resistance of *Pseudomonas aeruginosa* strains isolated from patients from 2018 to 2020 in Abidjan

10H00-10h10:

Allépo Innocent ABE,

Université Félix Houphouët Boigny

Impact of the genetic diversity of uropathogenic strains of *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae* on the dissemination of genes for resistance to betalactamines with extended spectrum in Côte d'Ivoire

10h20-10h40:

Gnalegue Rachelle GNÉGOURI

Centre National d'Oncologie et de Radiothérapie Alassane Ouattara de Côte d'Ivoire

Digestive carriage of multiresistant bacteria in neutropenic patients followed in 2021 at the Alassane Ouattara National Oncology and Radiotherapy Center (CNARO) in Côte d'Ivoire

10h40-10h50 :

Colombe LOHORÉ

Centre National d'Oncologie et de Radiothérapie alassane ouattara de Côte d'ivoire

Antibiotic resistance level of bacteria isolated from biological products of patients in the CNRAO laboratory from March to September

11h10-11h20 :

Kouadio Fernique KONAN

Institut Pasteur Côte d'Ivoire

Resistance to aminoglycosides in strains of *Escherichia coli* isolated from patients with urinary tract infections

11H20-11h40

ASSEH Tatiana Kangah-N'goran

Institut Pasteur Côte d'Ivoire

Apport d'un système automatisé de cytométrie en flux à fluorescence pour la cytométrie urinaire: Expérience de l'unité de bactériologie clinique de l'IPCI

11h40-11h50 : **Discussion**

11h50-12h00: **Coffea Break**

12h00-13h20: Workshop 9 Emerging diseases

President: Prof. Adolphe ZEZE
Moderator: Dr Amenan Clémentine KOUAKOU
Reporter : Dr Yeperi Marina COULIBALY-DIALLO

12h00-12h10 : **Abdoulaye DIARRASSOUBA**
Université Alassane Ouattara
Molecular detection of viruses associated with fevers of undetermined causes in central and western Côte d'Ivoire

12h10-12h20 : **Caroline Mélanie ADOMBI**
Université Pelefero Gon Coulibaly
Study by high-throughput sequencing of samples from a patient chronically infected with the hepatitis E virus treated with ribavirin

12h20-12h40 : **Solange KAKOU-N'GAZOA,**
Institut Pasteur Côte d'Ivoire
Development of Molecular Diagnostic Tools in the Pandemic Period in Côte d'Ivoire for the Surveillance of SARSCOV-2

12h40-12h50: **Moussa DOUMBIA**
Institut Pasteur, Côte d'Ivoire
Evaluation of the performance of antigenic and serological screening tests for sars-cov-2 carried out at the Institut Pasteur in Côte d'Ivoire

12h50-13h00 **Edgard Valery ADJOGOUA**
Institut Pasteur, Côte d'Ivoire
Investigation around the first human case of Crimean-Congo hemorrhagic fever in Akeikoi Abobo Côte d'Ivoire

13h00-13h20 : **Discussion**

13h20-14h45: Workshop 10 : Animal health

President: Dr Solange KAKOU-N'GAZOA
Moderator: Dr Ama Antoinette ADINGRA
Reporter : Dr Moumouny TRAORE

13h20-13h40 : **Idrissa SYLLA**
Université Jean Lorougnon Guédé
Parasitology of giant African snails (*Achatina achatina*) marketed in Daloa (Côte d'Ivoire)

13h40-13h50 : **Christiane You ESSOH**
Université Pelefero Gon Coulibaly
Characterization of ESBL-producing Enterobacteriaceae from the digestive carriage of chickens from Korhogo farms

13h50-14h00: **Kouamé Rivière ASSANDI**
Université Félix Houphouet Boigny
Use of the ethanolic extract of the plant *Kalanchoe crenata* in the prevention of Salmonellosis and coccidiosis in broiler chickens in Côte d'Ivoire

14h00-14h20 : Discussion

14h20-14h45 **Closing Remarks, President SIM**

14h45 **Breakfast**

20H : **DINER GALA**

COMMUNICATIONS ORALES

- **Opening Conference**

Pr. Nick Wheelhouse

Leader, Microbiology research group, Edinburg Napier University, UK

Theme: Microbiology and sustainable development

Sustainable development is an approach to development that balances the different needs of today's society against an awareness of the environmental, social and economic limitations we face. From food-security, to combatting emerging and endemic disease and climate change microbiologists are key in finding solutions to these urgent problems that societies face.

In this paper we will discuss experiences of working within the fields of food production, veterinary and human health and demonstrate how these seemingly disparate yet intimately intertwined areas of research relate to some of the key global issues. We will demonstrate examples of the potential of technical innovation to develop microbiological solutions to specific challenges. The importance of basic and molecular microbiological knowledge to help develop societal solutions will be highlighted along with the need to engage with a range of disciplines (including economics, human anthropology and epidemiology) to provide the context to much of the research and ultimately societal impact.

Aperçu du microbiome bactérien caractéristique des sols de Côte d'Ivoire et sa distribution à travers les régions du pays par un séquençage haut débit d'amplicon

Chiguié Estelle Raïssa-Emma AMON¹, Adolphe ZEZE¹

¹Laboratoire de Biotechnologies Végétales et Microbiennes, UMRI Sciences Agronomiques et Génie rural, Institut National Polytechnique Félix Houphouët-Boigny, BP 1313 Yamoussoukro, Côte d'Ivoire

Résumé

Les bactéries les plus abondantes et/ou prévalentes dans les sols pourraient influencer significativement leurs propriétés. Pour cela, leurs diversité et fonctions sont de plus en plus évaluées dans différents écosystèmes du monde, dans un but d'optimisation des systèmes agricoles en l'occurrence. En Côte d'Ivoire cependant, on en sait peu sur cette communauté souterraine. Le but de cette étude était donc d'identifier le microbiome bactérien commun à 45 échantillons de sols de forêt et de savane du pays en ciblant la région hypervariable V4-V5 du gène de l'ARN ribosomal 16S. Les propriétés physicochimiques du sol et les données bioclimatiques ont été utilisées pour relier les facteurs environnementaux à la structure et la diversité des communautés bactériennes. L'analyse a permis l'identification de 47 embranchements, 90 classes, 152 ordres, 347 familles et 1206 genres de bactéries. Un noyau bactérien commun à tous les sols a été identifié et était composé de dix genres classés comme suit par ordre d'abondance totale : Gp6, Gaiella, Spartobacteria_genera_incertae_sedis, WPS-1_genera_incertae_sedis, Gp4, Rhodoplanes, Pseudorhodoplanes, Bradyrhizobium, Subdivision3_genera_incertae_sedis et Gp3. Certains de ces genres, dont Gaiella et Gp6, étaient inégalement répartis entre les zones de forêt et de savane, tandis que Bradyrhizobium et Rhodoplanes étaient invariablement détectés dans tous les biomes, révélant ainsi des schémas contrastés de répartition des principaux taxons bactériens dans les sols ivoiriens. Leur distribution était influencée par des facteurs tels que la latitude, le pH, le Ca et le Na. Il est à noter que les moteurs de la répartition des bactéries dans les sols sont aussi nombreux que variés, rendant complexe la compréhension du monde souterrain. De plus, toutes les variables qui pourraient avoir un impact encore plus significatif sur ces communautés microbiennes restent non identifiées à ce jour. Cependant, les efforts déployés dans ce domaine permettent d'avoir plus de visibilité et une meilleure approche en ce qui concerne les études d'écologie microbienne. Ce travail, qui est la première étude de ce genre jamais entreprise en Côte d'Ivoire à cette échelle, pose les bases d'une investigation sur sa biodiversité bactérienne.

Mots clés : Métagénomique, NGS, ARNr 16S, microbiome bactérien commun, biomes ivoiriens

Mise en évidence de la diversité du mycobiome de la rhizosphère de cinq arbres indigènes d'Afrique de l'Ouest

Kassim Tchan Issifou¹, Armel Boris Olou¹, Basile Gbètondji Hounwanou¹, Peter Meidl², Nourou Soulémame Yorou¹

¹Unité de Recherche en Mycologie Tropicale et Interactions Plantes-Champignons du Sol (MyTIPS), Laboratoire d'Ecologie, Botanique et Biologie

²Département d'écologie et de génétique, biologie évolutive, Université d'Uppsala, Norbyvägen 18D, Uppsala, 752 36, Suède

Email : kassimtchan@gmail.com

Résumé

Les communautés microbiennes du sol jouent un rôle vital dans le fonctionnement de l'écosystème en améliorant la nutrition minérale et en protégeant les arbres forestiers des agents pathogènes par le biais de la symbiose mycorrhizienne. Cependant, nos connaissances sur la diversité et l'assemblage des communautés fongiques souterraines associées aux arbres hôtes indigènes en Afrique tropicale sont encore très limitées. Ici, nous avons appliqué le séquençage à haut débit pour étudier les communautés fongiques du sol de la rhizosphère de cinq arbres ectomycorrhiziens (EcM) en Afrique de l'Ouest (*Isoberlinia doka* Craib & Stapf, *Isoberlinia tomentosa* (Harms) Craib & Stapf, *Uapaca togoensis* Pax, *Monotes kertingii* Gilg et *Berlinia grandiflora* (Vahl) Hutch. & Dalziel.). Nous avons collecté quatre-vingt-dix échantillons de sol sur neuf sites dans cinq pays (Bénin, Burkina faso, Mali, Guinée et la Côte d'Ivoire) ouest africain. L'ADN du sol a été extrait, les régions ITS et LSU de l'ARNr ont été amplifiées puis séquencées à l'aide de la technologie PacBio. Une analyse multidimensionnelle non métrique (nMDS) avec distance de Bray-Curtis a été utilisée pour classer les espèces d'arbre EcM en fonction de la diversité fongique souterraine. Nous avons effectué le test ANOSiM pour évaluer la similarité entre la composition de la communauté fongique associée aux arbres EcM. Au total, 90 espèces appartenant à 84 genres, 71 familles, 40 ordres et 04 phyla ont été identifiées. Les communautés fongiques du sol se sont avérées spécifiques à l'hôte ($P = 0,001$). Les Basidiomycota étaient plus fréquemment observés dans la rhizosphère des Fabaceae, tandis que les Ascomycota étaient plus abondants dans la rhizosphère des Phyllanthaceae (*U. togoensis*) et des Dipterocarpaceae (*M. kerstingii*). Le genre *Sebacina* est principalement associé à *M. kerstingii* et *I. tomentosa*, tandis que *Russula* est dominant sous *B. grandiflora* et *Inocybe* avec *I. tomentosa*. Cette étude est l'une des premières à explorer les communautés fongiques du sol dans la rhizosphère des arbres forestiers indigènes d'Afrique de l'Ouest, et les résultats soulignent la nécessité de recherches futures.

Mots clés : Micro-organismes du sol, métabarcodage d'ADN, espèces moléculaires, arbre ectomycorrhiziens, Afrique de l'Ouest

Ecologie des rhizobia associés au soja en Côte d'Ivoire

Marie Ange Akaffou¹, Romain Fossou Kouakou¹, Chantreuil Clémence², Adolphe Zézé¹

¹Laboratoire de Biotechnologies Végétales et Microbienne/UMRI Sciences Agronomiques et Génie Rural, Institut National Polytechnique Félix H. Boigny

²IRD, France

Email : akaffoumarieange@gmail.com

Résumé

La situation de la sécurité alimentaire est alarmante en Afrique et est aggravée par la crise sanitaire due à la covid-19. Il est alors judicieux, voire impératif, de fournir à la population une alimentation nutritive et saine tout en adoptant un comportement écologique. C'est dans ce contexte que s'inscrit notre étude, dont l'objectif est d'augmenter la productivité du soja (*Glycine max* L.) via les microorganismes fixateurs d'azote spécifiques au soja et indigènes au sol ivoirien en vue de réduire considérablement l'apport d'engrais chimiques dans les champs de soja. En clair, l'étude porte sur l'analyse de la diversité et la compréhension de l'écologie des rhizobiums associés au soja dans le sol de la Côte d'Ivoire. Nous recherchons les partenaires bactériens les plus efficaces dans l'interaction symbiotique avec cette légumineuse, avec comme visée de sélectionner les couples symbiotiques les plus efficaces permettant l'ingénierie d'inocula compatibles avec une gamme d'hôtes plus large. Nous avons fait un échantillonnage de sol couvrant toutes les zones agroécologiques. Le piégeage bactérien et la caractérisation moléculaire en ciblant l'internal Transcribed Spacer (ITS), les gènes *glnII*, *atpD*, *recA*, *gyrB*, *nifH* et *nodC* ont été entrepris. Ensuite, l'efficacité des bactéries indigènes a été évaluée en mesurant entre autres la biomasse et la teneur en chlorophylle des plantes inoculées en comparaison avec l'inoculum commercial IRAT-FA3. Les résultats sur le piégeage bactérien ont révélé que 34 sols sur les 38 échantillonnés étaient capables de noduler, révélant un potentiel énorme des sols de Côte d'Ivoire. De plus, l'étude phylogénétique des gènes a permis de caractériser 105 bactéries regroupées en 2 clades de *Bradyrhizobium* que sont *Bradyrhizobium elkanii* et *Bradyrhizobium japonicum*. Au total 75% des bactéries appartiennent à *Bradyrhizobium brasiliense*. De plus l'analyse de l'efficacité bactérienne a permis de déterminer 4 bactéries plus efficaces que l'IRAT-FA3.

Mots clés : Soja (*Glycine max* L.), rhizobia, fixation d'azote, inoculum

Metagenomic investigation of the soil of the forestry area of Côte d'Ivoire reveal a domination of *Nitrososphaera* and *Bradyrhizobium* in the common core microbiome

Anicet Ebou, Dominique Koua, Romain Kouakou Fossou, Chiguié Estelle Raïssa Amon, Adolphe Zézé

Abstract

Although archaea and bacteria play essential roles in nutrient cycles and plant phenology in forest ecosystems, limited information is currently available on the community composition of archaea and bacteria in tropical forests. Few studies have investigated the archaeal and bacterial community diversity, core microbiota composition, and edaphic drivers in tropical forest areas, which is known for its major contribution to atmospheric carbon sequestration and has seen its surface dramatically reduced over increasing agricultural land use. In this study, we leveraged high-throughput amplicon sequencing of the 16S ribosomal RNA gene to survey the soils of the forest area of Côte d'Ivoire. We found that the observed richness of bacteria outnumbered those of archaea in all soils, nevertheless, archaean ammonia-oxidizing genus *Nitrososphaera* were found more abundant in the core microbiota, especially in the soils of the east and western center area. Considering the core microbiota, *Nitrososphaera* represented 2.08% of all amplicon sequence variants while *Bradyrhizobium* represented 1.59%. Interestingly, concerning the edapho-climatic drivers, *Nitrososphaera* abundance was positively driven by pH, Mn, and C while *Bradyrhizobium* abundance was negatively driven by those same variables. This observation is perhaps due to the fact that *Nitrososphaera* abundance was inversely correlated to the abundance of *Bradyrhizobium* in the forestry area of Côte d'Ivoire. These results provide an updated status on the state of the microbial diversity in the forest area of Côte d'Ivoire. Moreover, with *Nitrososphaera* and *Bradyrhizobium* as signature microorganisms for land use, it also informs us on the increasing conversion of natural forest area into agricultural land in Côte d'Ivoire.

Caractérisation du phytomycobiome pathogène des sols agricoles à Yamoussoukro en Côte d'Ivoire

KOUADJO-ZEZE Claude, EBOU Anicet, KOUADIO Aka Niangoran Marie-Stéphanie, ZEZE Adolphe

Laboratoire de Biotechnologies, Centre National de Recherche Agronomique, Côte d'Ivoire

Résumé

Les champignons phytopathogènes, sont considérés comme les micros organismes ayant le plus d'impact économique sur les cultures. On les trouve partout dans le monde, sur tous types de culture, et les dommages qu'ils causent peuvent mener à une perte totale de la production. Certains de ces champignons sont présents dans le sol et infectent les racines, ou bien s'introduisent par les parties souterraines des plantes dans les systèmes vasculaires, et colonisent donc toute la plante en remontant les vaisseaux du xylème, provoquant des maladies telles que les pourritures racinaires, les fontes de semis et les flétrissements vasculaires chez plusieurs plantes cultivées. La diversité génétique des champignons leur confère une capacité adaptative remarquable, ce qui rend leur lutte spécifique très difficile. Il est donc nécessaire de mettre en place des mesures culturales préventives efficaces afin de lutter contre l'installation et la prolifération des champignons phytopathogènes. Cela implique une recherche accrue dans l'étude de leur diversité, une maîtrise des processus biologiques des cycles infectieux de ces organismes ravageurs, et dans l'étude des pratiques culturales défavorables à leur installation et leur développement. Notre étude se situe en amont de cette méthodologie par la caractérisation du phytomycobiome pathogène des sols agricoles à Yamoussoukro en Côte d'Ivoire. Nous avons évalué la taxonomie, la diversité et la distribution des genres et espèces de champignons pathogènes, dans 18 échantillons de sol collectés sur les sites de Zambakro, Seman et Logbakro dans une zone agro écologique de savane humide à Yamoussoukro, au centre de la Côte d'Ivoire. L'ADN génomique extrait des échantillons a été analysé en séquençant la région ITS par la plateforme MiSeq d'Illumina. Des analyses bioinformatiques et phylogénétiques sur les données générées ont montré que ces sols abritaient 11 genres et 27 espèces de champignons phytopathogènes. Ces données pourraient servir d'indicateurs pour les futures explorations du phytomycobiome pathogène des sols dans la zone de Yamoussoukro, et pour une orientation en matière de lutte contre les pathogènes des plantes..

Mots clés : Phytomycobiome, pathogène, Caractérisation, lutte, Analyse illumina

Décryptage du microbiome de rhizobia des sols de savane du nord de la Côte d'Ivoire par la métagénomique

Sara Laetitia Elphège GNANGUI¹, Kouakou Romain FOSSOU¹, Anicet EBOU¹, Chiguié Estelle Raïssa AMON¹, Dominique Kadio KOUA¹, Claude Ghislaine Kouadjo², Adolphe Zézé¹

¹Laboratoire de Biotechnologies Végétale et Microbienne (LBVM), Unité Mixte de Recherche et d'Innovation en Sciences Agronomiques et Génie Rural, INPHB

²Laboratoire Central de Biotechnologies, CNRA

Résumé

Le projet africain de recherche en microbiologie connu sous le nom de African Soil Microbiome project (AfSM) a été lancé en 2016 à travers plusieurs pays africains pour décrypter, pour la première fois, la composition du microbiome des sols de divers biomes africains, y compris ceux des zones de savane. Il a été mis en oeuvre pour fournir de nouvelles données sur la présence et la distribution de groupes clés de bactéries du sol, dont les rhizobia, en utilisant la technologie de séquençage d'amplicons à haut débit (NGS). Dans cette étude conduite en Côte d'Ivoire, sous les auspices du projet AfSM, nous avons évalué la taxonomie, la diversité et la distribution des genres de rhizobia dans les sols des zones de savane du nord de la Côte d'Ivoire. L'ADN génomique extrait de sept sols échantillonnés a été analysé par séquençage de la région variable V4-V5 de l'ADNr 16S en utilisant la plateforme MiSeq d'Illumina. Des analyses bioinformatiques et phylogénétiques ont ensuite été réalisées sur les données de séquençage. L'ensemble de ces analyses a montré que les sols de savane situés dans le nord de la Côte d'Ivoire abritent 12 des 18 genres de rhizobia validement publiés à ce jour. Ces analyses ont également révélé pour la première fois que le genre *Bradyrhizobium* (alpha-rhizobia) domine dans les sols de savane tropicale, en compagnie des genres *Microvirga* (alpha-rhizobia) et *Paraburkholderia* (beta-rhizobia). De plus, des comparaisons in silico de différentes régions variables du gène de l'ARNr 16S ont suggéré que la région V5-V7 est appropriée pour mieux différencier les rhizobia au niveau du genre, et elle constituerait un substitut à l'utilisation de la région V4-V5. Ces données confirment que le continent africain est un point chaud des communautés de bradyrhizobia, et celles-ci pourraient servir d'indicateurs pour les futures missions d'exploration du microbiome de rhizobia ainsi que pour la prise de décision concernant l'utilisation durable des terres en Côte d'Ivoire.

Mots clés : Projet AfSM, *Bradyrhizobium*, Métagénomique, régions variables de l'ADNr 16S, Côte d'Ivoire

Incidence, sévérité et distribution spatiale de Sugarcane Streak Mosaic Virus (SCSMV) dans les Unités Agricoles Intégrés de Zuénoula et Borotou-Koro, Côte d'Ivoire

Migninlbin Marcel OUATTARA¹, Konan Didier KOUAME¹, Alexandra SCHOENY², Daouda KONE¹, Fatogoma SORHO¹

¹Université Félix Houphouët Boigny/Centre d'Excellence Africain sur le Changement Climatique, le Biodiversité et l'Agriculture Durable

²INRAE, Pathologie Végétale, F-84140 :

Email : ouattaramign@gmail.com

Résumé

La mosaïque en tirets de la canne à sucre est une maladie virales émergente causée par Sugarcane Streak Mosaic Virus (SCSMV), qui sévit principalement en Asie. Cette virose a été signalée récemment dans les zones de production sucrière ivoiriennes. L'objectif de cette étude était de connaître l'état phytosanitaire des plantations cannières en Côte d'Ivoire Plus spécifiquement il s'agissait de déterminer l'incidence, la sévérité et la distribution spatiale de SCSMV dans les complexes sucriers de Zuénoula et Borotou-Koro. Les évaluations se sont déroulées pendant 3 périodes sur chaque site. A Zuénoula sur des variétés commerciales, 67 parcelles ont été évaluées en 2018, ensuite 22 en 2020 et 25 en 2021. A Borotou-Koro sur des variétés commerciales, 27 parcelles ont été évaluées en 2019, ensuite 22 en 2020 et 23 en 2022. Un dispositif en « M » a été adopté et 5 placettes ont été échantillonnées sur chaque parcelle. Chaque placette était de 100 m² avec 7 lignes. Une note de sévérité comprise entre 0 et 4 a été attribuée à chaque plante choisie sur la base du pourcentage de surface foliaire symptomatique. A Zuénoula la prévalence de la maladie était de 98,17% en 2018, de 100% en 2020 et 98,47% en 2021. Les variétés M2580/95, Co997, R579, M1176/77, SP711406, Co449 ont été les plus sensibles et les autres ont été modérées. Concernant Borotou-Koro la prévalence de la maladie était de 20,69% en 2019, de 48,33% en 2020 et de 61,39% en 2022. Sur ce deuxième site il n'y avait que des variétés modérées et résistantes à l'exception de Co449 qui était sensible à la troisième année d'évaluation. Cette étude a montré que SCSMV à une incidence forte sur le site de Zuénoula mais faible la première année d'évaluation sur celui de Borotou-Koro. L'étude a révélé qu'il y a des variétés sensibles, modérées et résistantes. La réduction légère des taux d'incidence et des sévérités moyennes la troisième année sur le site de Zuénoula est due à la prophylaxie adoptée telle que l'élimination des variétés sensibles et la régénération variétale.

Mots clés : SCSMV, incidence, sévérité, canne à sucre, Côte d'Ivoire

Isolement et identification des agriphages dans les cultures maraîchères en Afrique de l'ouest (côte d'ivoire)

Akoua emmanuella adioumani¹, Solange kakou-ngazoa²

¹Université Félix Houphouet Boigny

²Institut Pasteur, Côte d'Ivoire

Email : emanuelaak@gmail.com

Résumé

Les agriphages ou virus bactériens sont omniprésents dans l'environnement qui peuvent être utilisés pour améliorer la croissance des cultures. En Afrique, de nombreuses phytobactéries telles que *Ralstonia solanaceum*, *Clavibacter michiganensis* et *Xanthomonas campestris* ont été signalées dans plusieurs régions. L'objectif de cette étude était d'évaluer les agriphages pour le biocontrôle des phytobactéries en Côte d'Ivoire. Des échantillons de feuilles et de sols ont été prélevés sur des plants sains et malades. Les prélèvements ont été faits dans trois champs situés dans les villes d'Anyama, Abidjan et Bingerville. L'isolement des agriphages a été réalisé sur des milieux spécifiques avec *Xanthomonas campestris* comme hôte bactérien. L'activité lytique a été testée sur milieu gélosé pour cinq souches bactériennes. Après extraction de l'ADN à l'aide du kit Qiagen, une amplification aléatoire de l'ADN a été effectuée. De cette étude, cinq (5) agriphages ont été isolés du sol et des feuilles. Ces agriphages ont tous été isolés de *Xanthomonas campestris* et ont un large spectre d'activité lytique. La caractérisation moléculaire par RAPD-PCR a montré que trois de ces agriphages sont des phages à ADN. Le dendrogramme a montré que les phages XanS1, XanS2 ont 93% de similarités. Alors que XanS1 et XanS2 sont similaires à 62% à XanF1. Cette étude est la première rapportée sur les agriphages en Afrique de l'Ouest pouvant être utilisés comme agents de biocontrôle d'infections bactériennes en agriculture.

Mots clés : Agriphages, Cultures maraîchères, RAPD-PCR, Afrique de l'Ouest, phytobactéries

Symptomatologie d'anomalies de croissance associées à la panachure de maraichers (gombo, oseille, aubergine, piment et tomate) cultivés dans le Nord de la Côte d'Ivoire

NAHOUA KONE¹, Adou Mireille Anicette SEKA¹

¹Université Peleforo GON COULIBALY de Korhogo/UFR des Sciences Biologiques, Département de Biologie Végétale

Email: konenahoua06@gmail.com

Résumé

Les légumes représentent de véritables sources de fibres et de vitamines pour l'alimentation humaine et constituent une source de revenus pour les maraîchers. Cependant, les maladies virales auxquelles sont soumis ces légumes constituent une menace très importante pour leur production dans le Nord et de façon générale pour l'agriculture en Côte d'Ivoire. A ce jour, le niveau d'apparition de ces maladies en milieu paysan n'a pas fait l'objet d'une évaluation précise. Le but de ce travail est de faire un diagnostic au champ sur la base de la symptomatologie des maladies présentes. A cet effet, des prospections ont été conduites à Korhogo et dans les localités environnantes de juillet à Novembre 2021 puis de Juin à Septembre 2022. Un total de 158 échantillons de plantes malades, de sols et de semences distribuées pendant la saison culturale a été obtenu. Toutes les parcelles visitées présentent 100% d'attaque comme incidence de la maladie en plein champ. Une carte sanitaire montrant les lieux de collecte et la distribution de la maladie a été élaborée. Plusieurs symptômes sur les feuilles comme un rabougrissement des plants, des feuilles recroquevillées vers l'intérieur et gaufrées, les déformations foliaires et réduction de la surface foliaire, des mosaïques, la présence de bandes chlorotiques alternées de bandes vertes (panachure), la nécrose des parties chlorotiques. Au niveau des racines, ce sont des renflements sous forme de nodules qui sont observés. Ce travail est une étude préliminaire sur la situation actuelle des viroses de légumes dans le nord du pays. Les informations produites soulignent la présence réelle d'une menace sur l'approvisionnement future des populations en ces légumes. Cependant, cette étude n'est pas exhaustive. Les études de caractérisation biologique, sérologique et moléculaire seront menées en complément.

Mots clés : Viroses, Cultures maraichères, Nord de la Cote d'Ivoire

L'invasion des milieux par *Chromolaena odorata* (L.) k&R contribue à améliorer le potentiel mycorhizogène des sols.

Touré Tphanguy Guy-Pacome², Wowo Armand Koné², Nandjui Jacob¹ Anicet Ebou¹, Kouadjo Claude Ghislaine³

¹Institut National Polytechnique Félix Houphouët-Boigny, Côte d'Ivoire

²Université Nangui Abrogoua, Côte d'Ivoire

³Laboratoire de Biotechnologies, Centre National de Recherche Agronomique

Email : jacobnandjui@gmail.com

Résumé

Chromolaena odorata est une plante invasive qui est perçue comme une menace en milieux agricoles en Afrique centrale et de l'ouest. Bien qu'agissant sur la biologie et le cycle des nutriments, son impact sur les microorganismes, en particulier sur les champignons est très peu documenté. La présente étude a été réalisée au centre de la Côte d'Ivoire dans le but d'évaluer les changements induits par *C. odorata* sur les communautés des champignons mycorhiziens à arbuscules (CMA) aussi bien en milieux forestiers qu'en savane. Pour cela, les sites forestiers envahis par *C. odorata* (COF) ont été comparés avec la forêt naturelle adjacente et les sites de savane envahis (COS) ont été comparés avec la savane naturelle. Les prélèvements de sol dans la strate de 0 à 20 cm ont permis de déterminer les caractéristiques physico-chimiques des sols et la densité des spores de CMA. L'analyse par métabarcodage de la région 18S de l'ARN ribosomal a été effectuée pour caractériser la diversité des communautés de CMA. De plus, une évaluation de l'infectivité des sols a été effectuée en serre en utilisant des plants de niébé. Il en ressort que la composition taxonomique des CMA dans les milieux envahis par *C. odorata* était similaire à celle des milieux naturels. Toutefois, l'invasion des forêts par *C. odorata* a conduit à l'accroissement de l'abondance relative des genres *Glomus* et *Claroideoglomus* et à la baisse de celle de *Paraglomus* et *Ambispora* et plus encore du genre *Scutellospora* (baisse de 90%). Quant à l'invasion des savanes, elle a conduit à l'augmentation de l'abondance de *Archaeospora* et à une réduction de celle d'*Ambispora*. La densité des spores, de même que la capacité d'infection des sols étaient plus importantes dans les milieux envahis par *C. odorata* aussi bien en forêts qu'en savane. Cette étude est la première du genre qui montre le caractère mycotrophe de *C. odorata*. Elle contribue ainsi à accroître les connaissances sur les changements dus à l'invasion des milieux *C. odorata*. Sa valorisation en tant que plante naturelle associée à des cultures pourrait être envisagée en agroécologie.

Mots clés : *Chromolaena odorata*, Champignons mycorhiziens à arbuscules, infectivité des sols, analyse par métabarcodage

Etude comparative de trois bioréacteurs pour la production de conidies fongiques par fermentation en milieu solide à des fins de biocontrôle

Ynoussa MAIGA¹, Quentin CARBOUE², Yassine BEN MENADI³, Aboubakar Sidiki OUATTARA¹, Sevastianos ROUSSOS²

¹Laboratoire de Microbiologie et de Biotechnologies Microbiennes, Université Joseph KI-ZERBO

²Aix Marseille Univ, Avignon Université, CNRS, IRD, IMBE

³Intrans

Email : ynoussa.maiga@gmail.com

Résumé

L'utilisation des biopesticides conventionnels augmente considérablement dans le monde entier. Bien qu'ils soient bénéfiques pour la production agricole, leur utilisation intensive peut avoir de graves conséquences en raison de leur biomagnification et de leur nature persistante (Curl et al., 2020). Il est donc nécessaire de trouver des produits nouveaux et respectueux de l'environnement. Dans cette optique, un grand bioréacteur pilote a été développé pour la production de conidies fongiques. Cependant, le fonctionnement de grands bioréacteurs est souvent associé à plusieurs problèmes qui peuvent réduire les rendements. Par conséquent, un agent de biocontrôle, *Trichoderma Asperellum* a été utilisé dans diverses conditions de fermentation en milieu solide (FMS) pour comparer l'efficacité de production de conidies par deux petits bioréacteurs de laboratoire (flacons et colonnes de Raimbault) et le nouveau bioréacteur. Les résultats ont montré que l'application de l'aération ou du stress hydrique n'a pas amélioré la production de conidies. En outre, malgré son grand volume, le nouveau bioréacteur a bien fonctionné correctement et a produit des conidies à des concentrations similaires à celles obtenues avec de petits bioréacteurs de laboratoire. Compte tenu des résultats obtenus, le nouveau bioréacteur ouvre des perspectives pour la production à grande échelle de conidies pour des applications de biocontrôle dans l'agriculture.

Mots clés : Agriculture, Biofertilisants, conidies, FMS, *Trichoderma asperellum*

Quantifying Rhizobacteria and Foliar Bio-fertilizer Influence on Maize Crop in an Arid Soil in Northern Côte d'Ivoire using ROC and R fitting curve

Dougba Dago Noel¹, Nafan Diarrassouba¹

¹Université Pélefero Gon Coulibaly

Email : dgnoel7@gmail.com

Résumé

The aim of this study was to perform nonlinear R fitting curve statistical models to establish maize growth parameters (i.e. diameter, height, leaves number and length) that fit well to rhizobacteria treatment as well as to foliar bio-fertilizer treatments. In addition, we performed ROC curve analysis to assess the performance in terms of sensitivity of rhizobacteria + foliar bio-fertilizer treatments applied to maize crop with the purpose to improve selectively maize growth parameters. It was shown that rhizobacteria + foliar bio-fertilizer treatment as a significant parameter for predicting maize height growth parameter as opposite to others analyzed treatments and as well soil standard condition ($p < 0.05$). The same statistical models suggested significant predicting aptitude with regard maize leaves length parameter by rhizobacteria combined to foliar bio-fertilizer treatment ($p < 0.05$). Rhizobacteria+ foliar bio-fertilizer treatment significantly predict both maize height and leaves length agro-morphometric parameters improvement when compared to maize standard growing condition. ROC curve analysis attributed acceptable performance in term of sensitivity to rhizobacteria+ foliar bio-fertilizer treatment in improving maize crop in arid soil respectively by their components maize plant height and leaves length. Considering as a whole the present study through R fitting nonlinear statistical models and ROC curve surveys highlighted rhizobacteria activities, associated to foliar bio-fertilizer treatment, as selectively improve maize crop development.

Keywords : Rhizobacteria, Foliar Bio-fertilizer, Maize, ROC survey, R fitting curve.

Promotion de l'activité microbienne pour le stockage de carbone dans les sols de plantations forestières et de jachères par l'association de plantes à traits fonctionnels différents

Armand W. Koné¹, Michel K. Yao², Hervé K. Kouadio¹, Patrice G. Zingbé¹

¹Université NANGUI ABROGOUA

²Université Jean Lorougnon Guédé

Email : konearmand@yahoo.fr

Résumé:

Autant le secteur agricole contribue au changement climatique (CC) à travers les 30% des émissions globales de CO₂, il peut jouer un rôle clé dans l'atténuation de ce CC. En effet, les sols agricoles ont la capacité de stocker des quantités importantes de CO₂ atmosphériques, pourvu que des pratiques dites séquestrantes soient adoptées. L'un des leviers de ce stockage est l'intensification écologique des sols dans laquelle les microorganismes jouent un rôle central. Cette contribution fait une synthèse sur l'effet bénéfique de l'association d'espèces végétales à traits de litières différents sur l'activité microbienne et le stockage de carbone dans le sol relativement aux parcelles monospécifiques. Les expérimentations ont eu lieu dans deux contextes et deux zones agroécologiques différentes de Côte d'Ivoire: en plantation forestières à Oumé (centre-ouest, zone de forêt semi-décidue) et en jachères à Taabo (centre-sud, zone de transition forêt-savane). A Oumé, le taux de minéralisation du carbone (C_{min}) et le stock de carbone organique (SCOS) du sol (profondeur 0-10 cm) dans les plantations mixtes de Teck (*Tectona grandis*), *Terminalia ivoriensis*, *T. superba* et *Gmelina arborea* étaient proches de ceux dans l'écosystème de référence, la forêt et significativement plus élevés que les valeurs dans les plantations monospécifiques de teck et de Cacao. Ahérou-2 (Taabo), il est ressorti des travaux conduits sur des espèces de légumineuses herbacées que le taux de C_{min} après 6 mois et le SCOS (profondeur 0-10 cm) après 12 mois étaient plus élevés dans les parcelles mixtes que dans les parcelles pures de *Mucuna pruriens*, *Pueraria phaseoloides* et *Lablab purpureus*. Dans la même zone, l'intégration de l'espèce de légumineuse ligneuse *Cajanus cajan* dans la jachère de *Chromolaena odorata*, une herbacée, a conduit à un effet additif (ni antagoniste, ni synergique) sur la décomposition des litières et a augmenté la teneur en COS par rapport aux jachères pures de *C. cajan* et *C. odorata*. La combinaison d'espèces de plantes prenant en compte la dissimilarité ou la complémentarité des traits des litières permet la coexistence d'une diversité de microorganismes avec une activité plus intense aboutissant à un transfert plus intense du CO₂ de l'atmosphère vers le sol.

Mots clés : Activité microbienne, Intensification écologique, Traits des litières, Diversité fonctionnelle, Stockage du carbone, Initiative 4 pour mille

Etude de l'arrière effet des légumineuses alimentaires sur la Productivité des légumes : cas de la tomate (*Solanum Lycopersicum* L.), cultivée en contre saison dans la localité de Bouaké

Noupé Diakaria Coulibaly¹, Christian-Landry Ossey¹, André Gabazé Gadjji¹, Mako FDP NGBesso¹, Lassina Fondio¹

¹Centre National de Recherche Agronomique (CNRA)

Email: noupediakaria@gmail.com

Résumé

Dans le but de proposer des méthodes agroécologiques pour améliorer non seulement la qualité et la quantité de production des légumes et aussi pour préserver l'environnement de l'utilisation abusive des intrants de synthèse, l'exploitation de l'arrière effet des légumineuses a été entreprise. Cette étude a donc pour objectif d'évaluer l'effet des légumineuses alimentaires sur la productivité de la tomate. Trois légumineuses alimentaires (arachide, niébé et soja) ont été mises en avant culture de la tomate à Bouaké localisée au centre de la Côte d'Ivoire. Après la récolte des légumineuses, un essai de fertilisation de la tomate a été mis en place selon un dispositif en blocs randomisés complets avec trois répétitions. Les antécédents culturaux des légumineuses ont été utilisés comme source de fertilisation de la tomate. Deux témoins dont un sans aucune source de fertilisation et un autre témoin de référence qui est la pratique habituelle utilisant des engrais de fond (NPK) et de couverture (urée et sulfate de potasse). Les résultats obtenus ont montré que les paramètres de croissance, de développement végétatif et des stades phénologiques ont évolué indépendamment des sources de fertilisation. Par contre, la plupart des composantes du rendement ont été sources de variabilité entre les traitements. En effet, l'antécédent niébé a généré les rendements brut et net les plus élevés (7,38 t/ha) par rapport autres traitements. Les traitements Témoin (T0), la référence (T1), les antécédentes culturales arachides et soja ont obtenu respectivement 2,85 ; 5,31 ; 4,80 et 2,35 t/ha. Le niébé pourrait être recommandé pour la culture de la tomate, vu la performance de son antécédent cultural.

Mots clés : Légumineuse, Tomate, Arrière Effet, Agroécologie, Rendement

Identification génomique des Rhizobactéries Promotrices de la croissance des Plantes et Effets de leur Inoculation sur la culture du maïs.

Adoukè Nadège Agbodjato¹, Ayansina Segun Ayangbenro¹, Adolphe Adjanohoun², Lamine Baba-Moussa³, Olubukola Oluranti Babalola¹,

¹North-West University (NWU), South Africa

²Institut National des Recherches Agricoles du Bénin (INRAB)

³Université d'Abomey-Calavi (UAC), Bénin

Email : nadegeagbodjato@gmail.com

Résumé

L'agriculture durable devient un enjeu majeur pour assurer la sécurité alimentaire et la protection de l'environnement. L'objectif de l'étude était d'identifier le génome de quatre souches de rhizobactéries isolées de sols de maïs et d'évaluer leurs efficacité sur la croissance du maïs. Pour ce faire, les bibliothèques d'ADN ont été séquencées en utilisant la plateforme Illumina NovaSeq 6000. Les séquences ont été analysées sur la plateforme Kbase et les données ont été enregistrées sur la plateforme NCBI. D'autre part, les semences de maïs ont été inoculées avec 10 ml de suspension bactérienne avec une concentration d'environ 10⁸ UFC/ml, dans des pots contenant des sols stériles. Les données ont été collectées pendant 30 jours. Les résultats ont montré que la taille de l'assemblage génomique des quatre souches : *Bacillus cereus* ADO11, *Stenotrophomonas maltophilia* NAA11, *Acinetobacter pittii* LAM11 et *Serratia marcescens* NSA15 était de 4,476,462 bp, 4,731,402 bp, 4,080,870 bp et 4,959,740 bp respectivement, avec un contenu GC de 35,4%, 66,4%, 38,8% et 59,8%, respectivement. Les résultats des tests de croissance ont montré une amélioration des paramètres de croissance des plants de maïs par les souches. Les valeurs les plus élevées de hauteur et du nombre de feuilles ont été obtenues avec les plantes traitées avec *Stenotrophomonas maltophilia* NAA11, avec des augmentations respectives de 22,4% et 43,7% par rapport aux témoins. *Serratia marcescens* NSA15 a eu les valeurs les plus élevées en diamètre au collet des plants avec une augmentation de 21%. Cette étude montre la possibilité d'utiliser ces rhizobactéries comme biofertilisants pour améliorer la productivité agricole tout en réduisant la surutilisation des engrais chimiques pour une agriculture durable respectueuse de la santé et de l'environnement.

Mots clés : Agriculture durable, Biofertilisants, Maïs, Rhizobactéries PGPR, Génome.

Effets de biofertilisants à base de Rhizobia locaux sur la nodulation et la productivité de différents cultivars de soja (*Glycine max*) dans le département de Daloa, Centre-Ouest Côte d'Ivoire

KOUADIO AMANI¹

¹Centre National de Recherche Agronomique

Email : kouadioamani58@gmail.com

Résumé

Le soja (*Glycine max*) est une légumineuse à graine riche en protéine (40 %) et en lipide (20 %). Il a aussi la capacité de restaurer la fertilité des sols grâce à son aptitude à fixer l'azote moléculaire en symbiose avec les rhizobia. Son introduction dans une nouvelle zone nécessite l'apport de bactéries exogènes comme inoculum pour s'assurer d'une bonne productivité. Sa culture en Côte d'Ivoire est tributaire de la souche exotique *Bradyrhizobium japonicum* IRAT FA3 dont l'efficacité varie en fonction des cultivars de soja et des zones agro-écologiques. La présente étude a été entreprise pour évaluer les performances symbiotique et agronomique des rhizobia locaux sur deux (02) cultivars de soja (Canarana et Doko) en condition de champ à Daloa. La nodulation a été vérifiée à la floraison, puis les rendements en gousses et en graines de soja ont été déterminés à la récolte. Aussi, l'impact des bactéries sur la qualité du sol a-t-il été évalué un mois après la récolte du soja. Résultats : Les essais au champ ont montré que le rhizobium local RSC119, a induit le plus la formation de nodosités (46 et 60 nodules/plant) avec Canarana et Doko. Les rhizobia locaux RSC119 et RSC508 ont accru de 24 à 296 %, le nombre de gousses par plant et de 250 à 766 %, le rendement en graine à l'hectare des cultivars testés par rapport au témoin non fertilisé. Les résultats d'analyse de sols ont montré que la bactérie RSC119 a amélioré les teneurs en M.O, en N et en P. Aussi, les bactéries locales RSC309, RSC324, RSC502 et RSC508 inoculées à Canarana et RSC119 inoculée à Doko se sont-elles distinguées par leur capacité à rehausser le pH des sols un mois après la récolte du soja. Conclusion : Les rhizobia locaux identifiés comme les plus performants pourraient être recommandés pour accroître la productivité des systèmes de culture impliquant le soja et restaurer la fertilité des sols sous de courtes durées.

Mots clés : Soja, rhizobia locaux, phosphore, azote, fertilité des sols

Utilisation d'agents de biocontrôle dans la lutte contre les altérations post-récolte des mangues (*Mangifera indica* L.) destinées à l'exportation

Yao Fulgence KOFFI1, Wazé Aimée Mireille ALLOUE-BORAUD2

¹Université Gon Pelefero Coulibaly

²Univeristé Nangui Abrogoua

Email: fulgencekoffi85@yahoo.fr

Résumé

La Côte d'Ivoire est le premier pays Africain et le troisième pays au niveau mondial, fournisseur de mangues (*Mangifera indica* L.) sur le marché Européen. Cependant, la filière mangue est confrontée à de nombreux problèmes dont les altérations post-récoltes. Pour pallier ces problèmes, des pesticides de synthèse sont utilisés. Pourtant l'utilisation abusive de ces produits chimiques représente un danger pour l'environnement et le consommateur. L'objectif de cette étude a donc été de sélectionner des souches de *Bacillus* et *Pseudomonas* capables d'inhiber les germes d'altération fongiques des mangues de Côte d'Ivoire destinées à l'exportation. Pour ce faire, isolement des germes responsables de l'altération des mangues exportables provenant du nord du pays a été faite à partir de 18 échantillons de mangues altérées suivi d'une identification moléculaire. Des agents de biocontrôle isolés de 18 échantillons de mangues saines et de 54 échantillons de sol issus de la rhizosphère de manguiers ont été identifiés en amplifiant le gène 16S rDNA (1,5 Kb) suivi d'un séquençage. Des composés antifongiques ont été produits, caractérisés et leur capacité à inhiber les germes d'altérations a été testée in vitro. Les souches d'altérations identifiées étaient au nombre de neuf avec majoritairement *Lasiodiplodia theobromae*, *Curvularia senegalensis*, *Penicillium expansum* et *Penicillium polonicum*. Dix-huit (18) agents de biocontrôle ayant montré des pourcentages d'inhibition variant entre 50 % et 81 % (in vitro) et allant jusqu'à 100 % (in vivo) selon le germe d'altération avec lequel elles étaient confrontées ont été identifiés. Cependant, les espèces *Bacillus velezensis*, *Bacillus subtilis*, *Pseudomonas gessardii*, *Pseudomonas synxantha* et *Pseudomonas fluorescens* ont été les plus performantes et ont permis de prolonger le temps de conservation de 3 à 12 jours. Ces différentes espèces sont de potentiels agents de biocontrôle et pourraient être utilisées pour la mise en place de biopesticides dans la conservation des mangues en Côte d'Ivoire.

Mots clés : Côte d'Ivoire, *Bacillus*, *Pseudomonas*, biopesticide, Mangues

Utilisation du chitosane pour une agriculture durable en Côte d'Ivoire

Mohamed CISSE¹

Université Gon Pelefero Coulibaly

Email : cissem01@yahoo.fr

Résumé

Face aux problèmes posés par l'utilisation abusive d'engrais chimiques et de pesticides, il est important de trouver des solutions alternatives pouvant garantir une agriculture durable et respectueuse de l'environnement. L'objectif de cette étude était d'évaluer les effets protecteurs, biostimulants et éliciteurs du chitosane et ses dérivés dans l'agriculture en Côte d'Ivoire. Nos travaux portaient sur l'effet bénéfique du chitosane sur, la conservation post-récolte des fruits (mangue et tomate), la conservation des semences de maïs, le rendement de production de la tomate, la pourriture brune du cacao et la clarification et stabilisation du jus d'anacarde. Les résultats ont montré que le chitosane à 1 % (p/v) inhibait efficacement les souches fongiques responsables de l'altération post-récolte de la mangue et la tomate, et retardait le murissement rapide de ces fruits. Les semences de Maïs enrobées à 0.5 % de chitosane résistaient aux attaques de charançons lors de leur conservation et présentaient un taux de germination plus élevé que les semences non enrobées. Le rendement de production des semences de tomate enrobées était deux fois élevé. Une solution de chitosane à 0.02 % a permis de préserver à 80 % les plants de cacao contre la pourriture brune. Quant à la clarification, le chitosane avec 13.8 NTU contre 184 NTU pour la gélatine, représentait le meilleur clarifiant. Ces études montrent les effets bénéfiques du chitosane pour une agriculture durable

Mots clés : Chitosane, Conservation, fruits biopesticide, environnement

Caractérisation des paramètres physicochimiques et microbiologiques au cours du compostage de son de riz à Daloa (Côte d'Ivoire)

Bi Rosin Don-Rodrigue VOKO1, Kouakou Awa Fazia LOUKOU1,

¹Université Jean Lorougnon Guédé

Email : rosinrodrigue@gmail.com

Résumé

Le riz après décorticage génère une grande quantité de déchets dont le son de riz. Ces déchets sont une source de matières organiques pouvant être valorisés. Une étude a été menée à Daloa (Côte d'Ivoire) afin d'effectuer le suivi de l'évolution des charges des microorganismes et son impact sur les différentes phases du compostage du son de riz. Trois bacs de compostage ont été constitués à partir du son de riz comme substrat organique principal, de la bouse de vache, de la fiente de poulet et de sols provenant de cacaoculture de la région comme adjuvants microbiens. Le bac 1 a contenu le sol de Zépréguhé, le bac 3 celui de Toroguhé et le bac 2 un mélange des deux sols. Trois périodes de compostage ont été obtenues. Une période d'élévation de la température de 30 à 45 °C caractérisée par la baisse de la charge de presque tous les types de microorganismes à l'exception de la charge des GAT, une baisse du pH, de l'humidité mais une augmentation de la densité du compost. Une période de refroidissement jusqu'à 29 °C et une période de stabilisation de la température au cours desquelles les charges en *Escherichia coli*, coliformes et streptocoques s'annulent, tandis que la charge des GAM connaît une augmentation et celles des GAT et de *Pseudomonas* une baisse. La densité augmente, le pH se stabilise à 7 pour le bac 2 et à 6 pour le bac 1 et le bac 3, l'humidité baisse jusqu'à 35 %. Le rapport C/N reste en constante baisse jusqu'à 30. Quelle que fut l'origine du sol, l'évolution des paramètres microbiens et physicochimiques ont été similaires. Le son de riz semble être le facteur prépondérant pour l'évolution de l'ensemble des paramètres.

Mots clés : Remarque : compostage, son de riz, microorganismes, matière organique, Côte d'Ivoire

Susceptibilité aux antibiotiques de bactéries potentiellement pathogènes isolées des lacs artificiels de Yamoussoukro, Côte d'Ivoire.

YEBOUET Ahou Cinthia Inès^{1*} ; FOSSOU Kouakou Romain¹ ; OKOH Anthony² et ZEZE Adolphe¹

¹UMRI 28, Sciences Agronomiques et Génie Rural, Laboratoire de Biotechnologie Végétale et Microbienne, Institut National Polytechnique Félix Houphouët Boigny, Yamoussoukro

²Microbial Water Quality Monitoring Centre, SAMRC

*Email : cinthia.yebouet21@inphb.ci

Résumé

La ville de Yamoussoukro est dotée d'un système lacustre qui est la principale source d'eau d'irrigation des cultures maraîchères produites autour de celui-ci. Une évaluation antérieure de la qualité microbiologique des eaux de quatre lacs de ce système a mis en évidence la présence de bactéries indicatrices de pollution fécale, laissant entrevoir l'hypothèse de la potentielle présence de bactéries pathogènes dans ces lacs. Ainsi, l'objectif de ce travail était d'identifier les bactéries potentiellement pathogènes présentes dans les lacs artificiels de Yamoussoukro et de déterminer leur susceptibilité aux antibiotiques. L'approche méthodologique a consisté d'abord à isoler les bactéries à partir des échantillons d'eau de quatre lacs du système lacustre. Ensuite, les isolats obtenus ont été identifiés par des méthodes microbiologiques et moléculaires. Enfin, le test de susceptibilité aux antibiotiques a été réalisé dans les conditions standards de l'antibiogramme selon la méthode de Kirby-Bauer. Au total, 104 bactéries réparties en 6 genres différents ont été isolées. Parmi ces isolats, la prévalence d'isolats présentant au moins une résistance à un antibiotique testé était de 73,07% (n = 76). Le taux le plus élevé de résistance a été observé avec l'Ampicilline (50 %) tandis que le taux le plus faible a été observé avec la Gentamicine (2,88 %). Aussi, 14 isolats présentant une résistance à au moins 3 antibiotiques de catégories différentes, donc multirésistants selon la définition de Magiorakos *et al.* (2012), ont été obtenus. Cette étude a permis de mettre en évidence une grande diversité de bactéries présentant des résistances multiples aux antibiotiques et vivant dans les lacs artificiels de Yamoussoukro. Etant donné que les eaux de ces lacs sont toujours utilisées pour l'irrigation des cultures maraîchères, il est possible de penser que l'activité de production et de consommation des légumes frais irrigués à Yamoussoukro pourrait constituer une voie de dissémination de bactéries pathogènes résistantes aux antibiotiques.

Mots-clés : Pollution des eaux, maladies hydriques, antibiorésistance, santé humaine & des écosystèmes

Profil de résistance aux antibiotiques marqueurs des souches d'*Escherichia coli* isolées des effluents liquides de l'abattoir et des matières fécales des bovins, dans le département de Korhogo, Côte d'Ivoire

Wognin Affou Séraphin^{1,2*}, Adingra Ama Antoinette³, Ouattara Mohamed Baguy⁴, Traoré Fatoumata¹, Guessenn Kouadio Nathalie⁴;

¹Département de Biochimie-Microbiologie, Université Peleforo Gon Coulibaly, B.P. 1328 Korhogo, Côte d'Ivoire ;

²Département de Microbiologie, d'Ecotoxicologie et de Radioécologie, Centre Ivoirien Anti-Pollution (CIAPOL), 20 BP 650 Abidjan 20, Côte d'Ivoire ;

³Département Environnement, Centre de Recherches Océanologiques, BP V 18 Abidjan, Côte d'Ivoire.

⁴Institut Pasteur de Côte d'Ivoire (IPCI).

Résumé

L'objectif de cette étude était de réaliser le profil de résistance des souches d'*Escherichia coli* isolées des matières fécales des bovins et effluents liquides d'abattoirs. L'échantillonnage a été effectué sur la période d'août à octobre 2021 dans les localités de Napolédougou, Karakoro, Komborodougou et Korhogo à raison de deux campagnes par mois. Un total de 204 échantillons dont 12 effluents liquides et 192 matières fécales ont été prélevés et analysés. Les souches d'*Escherichia coli* ont été isolées grâce à la gélose Mac Conkey supplémentée de 2 mg/L de ceftazidime. Les tests de sensibilité ont été réalisés avec les antibiotiques marqueurs des familles de bêta-lactamines, fluoroquinolones, aminosides, phénicolés et autres familles (Fosfomycine). L'identification a permis d'isoler 72 souches d'*Escherichia coli* multirésistantes dont 27 proviennent des effluents liquides et 45 des matières fécales des bovins. Les résultats ont révélé des taux de résistances similaires avec les souches de *Escherichia coli* isolées des effluents liquides et des matières fécales dans les localités de Korhogo, Napolédougou et Komborodougou. Des taux de résistances de 100% ont été observés avec les bêta-lactamines à l'exception de l'Imipenème avec des taux quasi nuls. Aussi, des taux de résistances élevés ont-ils été observés avec les fluoroquinolones (94 à 100%) sur les souches de *Escherichia coli* isolées. Concernant les aminosides, les souches d'*Escherichia coli* ont montré des niveaux de résistances allant de 18 à 50%. Toutes les souches d'*Escherichia coli* testés ont montré une résistance de 100% à la Fosfomycine. Aucune souche d'*Escherichia coli* résistante n'a été observée dans les matières fécales de Karakoro. La présence des souches d'*Escherichia coli* multirésistantes dans les matières fécales des bovins et dans les effluents des abattoirs pourrait causer un véritable problème de santé publique.

Mots clés : Multirésistance, matières fécales, effluents liquides, abattoirs et *Escherichia coli*.

Biotypes de vibrio en milieu aquacole de la lagune Ebrié

Aubin Cyrille TOULE¹, Ama Antoinette ADINGRA¹, Marina Koussemon²

¹CENTRE DE RECHERCHES Océanologiques (CRO)/Laboratoire de Microbiologies, Centre de Recherches Océanologiques, BP V18 Abidjan, Côte d'Ivoire

²UNIVERSITE NANGUI ABROGOUA/Laboratoire de Biotechnologie et Microbiologie des Aliments, UFR des Sciences et Technologies des Aliments, Université Nangui Abrogoua

Email : toulenco@gmail.com

Résumé

Les *Vibrio* spp. représentent une menace sérieuse pour la santé humaine. Trois espèces, *V. cholerae*, *V. parahaemolyticus* et *V. vulnificus*, sont plus particulièrement impliquées en pathologie humaine. Ces bactéries sont considérées comme natives des écosystèmes aquatiques lagunaires, marins et estuariens et représentent une fraction importante de la population bactérienne dans les eaux utilisées pour des élevages aquacoles. Cette étude vise à déterminer la diversité des biotypes de *Vibrio* isolés du milieu aquacole de la lagune Ebrié. Au total, 228 échantillons ont été prélevés dont 48 échantillons d'eaux et 180 échantillons de poissons appartenant à 5 espèces à savoir *Oreochromis niloticus*, *Tilapia guineensis*, *Tylochromis jentinki*, *Mugil cephalus* et *Chrysichthys nigrodigitatus*, provenant tous des stations aquacoles de Layo et de Jacquerville ainsi que du milieu lagunaire Ebrié. Les souches de *Vibrio* ont été isolées selon la technique des membranes filtrantes et la technique de stries, puis identifiées à l'aide de tests biochimiques et de galeries API 20E. Les résultats obtenus montrent qu'un total de 135 souches de *Vibrio* est isolé dans l'ensemble des échantillons analysés avec une prévalence de 34,1 % dans les eaux et 65,9 % dans les poissons. Les souches de *Vibrio* isolées appartiennent à 6 espèces (*V. cholerae*, *V. mimicus*, *V. fluvialis*, *V. alginolyticus*, *V. parahaemolyticus* et *V. vulnificus*) regroupées en 23 biotypes différents, avec une prédominance *V. cholerae* (9 biotypes). La présence d'une diversité de biotypes de *Vibrio* dans l'environnement lagunaire indique un risque sanitaire aussi bien pour les activités aquacoles que pour le consommateur.

Mots clés : Lagune Ebrié, station aquacole, *Vibrio*, biotypes

Risque de transmission de *Vibrio* lié aux eaux dans les zones endémiques du choléra au Bénin

Bawa BOYA1, Haziz Haziz1, Ahoyo Théodora A1, Lamine Saïd Baba Moussa1

1Laboratoire de Biologie et de Typage Moléculaire en Microbiologie [LBTMM]. Université d'Abomey-Calavi

Email: boyabawa@gmail.com

Résumé

Les infections à *Vibrio* ont augmenté au Bénin, et ce phénomène devrait s'accroître en raison du changement climatique, de l'augmentation de la consommation d'eau contaminée et du nombre de personnes immunodéprimées. L'objectif de cette étude était de rechercher les *Vibrio* pathogènes liés aux eaux dans les zones endémiques du choléra au Bénin. Méthodologie : Des échantillons d'eau [n = 220] ont été analysés pour isoler les souches de *Vibrio* en utilisant leurs caractéristiques biochimiques et culturelles. Les espèces ont été identifiées par la technique de Polymerase Chain Reaction en contrôlant la recherche des gènes codant la toxine cholérique de *Vibrio cholerae* [ctxA et ctxB] et les hémolysines directes thermostables et thermostables liées à *Vibrio parahaemolyticus* [tdh et trh]. Résultats : Parmi les 220 échantillons collectés, les tests biochimiques ont révélé 86 souches de l'espèce *Vibrio* ; *Vibrio cholerae* [35%], *Vibrio parahaemolyticus* [18,60%] et *Vibrio alginolyticus* [13,95%] ont été identifiés à l'aide de l'outil moléculaire. Le taux de résistance au Triméthoprime/sulfaméthoxazole est de 90% des souches de l'environnement testées. La résistance à la doxycycline est de 100% pour les souches de l'environnement testées. 49% des souches testées sont Multi-résistantes. La présence de gènes codant pour les principaux facteurs de virulence des souches étudiées. Ainsi 6,67%, 10% et 3,33% des souches de *Vibrio cholerae* contiennent respectivement les toxines ctxA, ctxB et le couple ctxA et ctxB. De même, les souches de *Vibrio parahaemolyticus* contiennent 12,5% de toxines tdh et 31,25% de [tdh et trh]. La recherche des gènes [tdh et trh] chez *Vibrio alginolyticus* est également négative. La possibilité d'échange génétique dans l'environnement permettrait l'émergence potentielle de nouveaux clones toxigènes. Ce mécanisme de transfert horizontal de gènes joue un rôle important, en augmentant la variabilité génétique des espèces bactériennes et confère également de nouveaux phénotypes, tels que la virulence. Conclusion : Les épidémies peuvent être déclenchées par un changement climatique qui contamine l'eau potable ou compromettent l'accès à l'eau potable et à l'assainissement.

Mots clés : Eau ; espèces *Vibrio* ; réaction en chaîne par polymérase ; gènes de virulence ; résistance bactérienne.

Evaluation de la qualité parasitologique des eaux de canalisation de la ville d'Abidjan (Côte d'Ivoire)

ATTOUNGBRE CLEMENT KOFFI¹

1Institut Pasteur, Côte d'Ivoire

Email : attoungbreclémentkoffi@gmail.com

Résumé

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. 400 échantillons ont été collectés dans trois communes 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 commune de Yopougon était la commune la plus parasité 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 commune et le site. La présence de ces groupes de parasites et cette 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 canalisation, Protozoaires, Helminthes, Abidjan

Plenary Keynote & Discussion

Professeur Yaovi AMEYAPOH Université de Lomé, Laboratoire de Microbiologie et de Contrôle de qualité des Denrées Alimentaires (LAMICODA)

Exigences pour une chaîne de valeur agro-industrielle durable en Afrique »

Résumé

L'Afrique abrite une grande variété de conditions climatiques qui favorise une large gamme de production agricole. Cependant, elle importe encore une grande quantité de produits agricoles et alimentaires qui pourraient être produites sur le continent. On prête généralement peu d'attention à la chaîne de valeur qui achemine les denrées et les produits agricoles jusqu'au consommateur final dans le pays et à l'étranger. Cette négligence coûte très cher en termes de pertes considérables de valeur ajoutée et de possibilités d'emploi.

Les recherches de la littérature ont été effectuées en se servant des bases de données telles que Research Gate, AGORA, PubMed, Inrae, livres et autres en ligne sur les 5 continents. Des mots clés ont été utilisés tels que : agro-industrie, secteurs agricole, chaîne des valeurs de l'agro-industrie, performance de la chaîne agro-industrielle, chaîne de valeur agro-industrielle durable. La recherche a été étendue sur l'aspect pratique de la chaîne de valeur en agroalimentaire en Afrique subsaharienne et les données en 2010 (FAO/ONUDI 2010) de la FAO sur l'Etat des lieux ou défis de l'agriculture africaine. Des articles ont été éliminés en fonction de leur non-pertinence technique. Au total 12 références ont été retenues pour cette synthèse.

Il ressort de ces investigations que les multiples goulets d'étranglement que crée la pauvreté, le changement climatique, la faible productivité, l'infrastructure déficiente et les marchés insuffisamment intégrés ont été les contraintes de l'existence d'une chaîne de valeur agro-industrielle durable en Afrique.

L'Afrique dispose de 65% des terres arables du monde. Malgré ces potentiels elle peine à se nourrir et de plus apparait comme un paresseux dont la nature lui a tout donné mais refuse de l'exploiter. Transformer l'agriculture africaine par une maîtrise et vulgarisation des nouvelles technologies culturales, de la construction des infrastructures routières, ferroviaires et industrielles et surtout la formation des agriculteurs et des ouvriers et ingénieurs agricoles devient une nécessité. Il est temps pour l'Afrique de se réveiller. Il est aussi temps aux différents gouvernements et les banques de jouer leur rôle respectif de garant et protecteurs des agriculteurs et financier des agricultures et tous les maillons impliqués dans la chaîne de valeur agro-industrielle africaine.

Mots-clés : Agro-industrie, chaîne de valeur, agro-industrielle durable, Afrique.

Diversité génétique du microbiote impliqué dans la fermentation du cacao ivoirien, et profilage des espèces à forte production d'arôme, pouvant directement impacter le potentiel qualité des fèves fermentées et du chocolat.

Ouattara G. Honoré¹, Niamke L. Sebastien¹

¹Université Félix Houphouët Boigny

Email : kidou1212@gmail.com

Résumé

La variabilité et l'inconstance de la qualité du cacao demeure une préoccupation majeure aussi bien chez les paysans producteurs que chez les transformateurs et producteurs de chocolat. La complexité et l'hétérogénéité de la flore microbienne fermentaire sont connues comme un des facteurs responsables de cette variabilité. L'objectif de cette étude était d'identifier le groupe microbien le plus diversifié parmi les espèces majeures de la fermentation du cacao en Côte d'Ivoire, mais également les espèces microbiennes ayant la capacité de production d'arômes notoirement présent dans le chocolat. Les souches microbiennes ont été isolées du cacao fermenté de façon traditionnelle en milieu paysan dans les douze régions productrices. Les isolats ont été identifiés par séquençage des gènes ribosomaux et leur typage moléculaire a été réalisé par RFLP (Polymorphisme de Longueur des Fragments de Restriction). La détection et le dosage de la production d'arômes des souches ont été réalisés par chromatographie en phase gazeuse couplée à un système de spectroscopie de masse. Au total, ont été obtenus 1241 isolats de bactéries lactiques (BL) repartis en 10 espèces dont l'espèce majeure *Lactobacillus plantarum* (70,50 % des isolats de BL). Les arômes produits par *Lactobacillus plantarum* étaient essentiellement le méthyl butanol (3,190 g/L) et le 1,3-butanediol (2,582 g/L) respectivement responsables d'arômes fruité et chocolat. Quant aux bactéries acétiques (BA), 1042 isolats ont été obtenus regroupés en 5 espèces avec *Acetobacter pasteurianus* comme espèce majeure (45,02 % des isolats de BA) chez laquelle on n'a observé aucune production majeure d'arôme en dehors de l'acide acétique. Par contre, un plus grand nombre de levures a été obtenu, avec 1661 souches isolées représentant 22 espèces, dont *Pichia kudriazevii*, l'espèce majeure (47,68 %) prédominante. Cette espèce a produit une diversité d'arômes notamment l'éthanol (63,165 g/L), le phényle éthanol (1,005 g/L), le méthyl butanol (0,138 g/L), l'acétate d'éthyle (0,037 g/L) et l'acétate d'isoamyle (0,032 g/L). Les levures possèdent la plus grande variabilité génétique des espèces microbiennes impliquées dans la fermentation du cacao. Les arômes sont produits par les levures et les bactéries lactiques, en concentration au-delà de leur seuil de perception, ce qui montre leur potentiel impact direct sur la qualité aromatique des fèves et du chocolat.

Mots clés : Diversité génétique, qualité cacao, arômes, chocolat, GC-MS

Characterization of the genetic potential of quorum sensing systems in *Pseudomonas aeruginosa*

Comoé Koffi Donatien BENIE ^{1,2,3}, N'zebo Désiré KOUAME ^{1,2}, Koua ATOBLA ^{1,2}, Adjéhi DADIÉ ^{2,3} and Mireille DOSSO ^{1,3}

¹University of Félix Houphouët Boigny, 01 BP V4 Abidjan 01, Côte d'Ivoire.

²University of Nangui-Abrogoua, 02 BP 801 Abidjan 02, Côte d'Ivoire.

³Institut Pasteur of Côte d'Ivoire (IPCI), 01 BP490 Abidjan 01, Côte d'Ivoire.

Abstract

The quorum sensing (QS) detection system plays an essential role in the pathogenicity of *Pseudomonas aeruginosa*. Despite the importance of this bacterial communication system, the genetic determinants are not characterized at the food strain. This study aimed to characterize the genetic potential of quorum sensing in *P. aeruginosa* isolated from animal products. In total, forty-five (45) strains of *P. aeruginosa* characterized by phenotypic, biochemical and molecular methods from the phylogenetic marker 16S and oprL were the subject of this study. The bacterial pheromones 3-oxo-C12-HSL and C4-HSL were demonstrated respectively from *Chromobacterium violaceum* VIR24 and *Chromobacterium violaceum* CVO26. The quorum sensing genes (LasI and LasR) were detected by the PCR method. The detection frequency of 3-oxo-C12-HSL ranged from 67.0% to 82.7%, while that of C4-HSL ranged from 78.0% to 94.2%. The prevalence of Las and Rhl genes was 67.2% and 47.2% respectively in *P. aeruginosa*. Knowledge of the molecular mechanisms of QS offers the opportunity to develop new therapeutic targets whose objective will be to attenuate the virulence of strains during infection.

Keywords: Quorum sensing, *P. aeruginosa*, *Chromobacterium violaceum*, gene, smoked fish

Entérobactéries et bactéries lactiques productrices d'amines biogènes dans l'*adjuevan*, un poisson fermenté traditionnel utilisé comme condiment en Côte d'Ivoire

Amenan Clémentine KOUAKOU-KOUAME¹

¹Université Nangui Abrogoua

Email: kclementine24@yahoo.fr U

Résumé

En Côte d'Ivoire, le poisson fermenté, communément appelé *adjuevan*, est fréquemment utilisé comme condiment dans les plats pour sa flaveur. Cependant, le processus traditionnel de fermentation et les conditions de stockage peuvent conduire à la production d'amines biogènes dont une consommation excessive peut induire des effets toxicologiques graves. Les microorganismes producteurs de ces amines seraient principalement les entérobactéries et les bactéries lactiques (LAB). Ces bactéries ont été recherchées dans des échantillons d'*adjuevan* produit à partir des espèces de poissons *Chloroscombrus chrysurus*, *Galeoides decadactylus* et *Thunnus thynnus*, prélevés auprès de producteurs locaux à Abidjan puis stockés à température ambiante (28-30°C) et dans un réfrigérateur (4°C) sur une période de huit semaines. L'évolution de la flore lactique et des entérobactéries a été suivie à intervalle régulier. Les LAB disparaissent après quatre semaines de stockage à la Température ambiante mais sont présentes tout le long du stockage au réfrigérateur chez les espèces de poisson *G. decadactylus* et *T. thynnus* contrairement aux entérobactéries, qui ont plutôt disparu après quatre semaines de stockage au réfrigérateur dans l'*adjuevan* issu de *C. chrysurus* et *T. thynnus*. Les souches productrices d'amines biogènes révélées à partir du milieu de Niven, ont été identifiées par séquençage du gène de l'ARNr 16S. Il ressort que les bactéries productrices d'amines biogènes étaient majoritairement présentes lors du stockage à la température ambiante (TA) avec une dominance des entérobactéries à des proportions allant de 20% à 66,67%. L'identification a montré un total de 22 espèces productrices d'amines biogènes dont 14 espèces d'entérobactéries et 8 espèces de LAB. variant selon la température de stockage et l'espèce de poisson utilisées.

Mots clés : Amine biogène, Bactéries lactiques, Entérobactéries, Poisson fermenté, Stockage

Sélection de bactéries lactiques à potentialités probiotiques pour le biocontrôle de microorganismes pathogènes aviaires en Côte d'Ivoire

AKPA E. Essoh^{*}, DJOMAN C. Suzanne, GOUALIE G. Bernadette, N'GUESSAN Delphine Yevi

Unité Pédagogique et de Recherche en Biotechnologie; Laboratoire de Biotechnologie, Agriculture et Valorisation des Ressources Biologiques; Unité de Formation et de Recherche en Biosciences, Université Félix Houphouët-Boigny, Abidjan, 22 BP 582 Abidjan 22, Côte d'Ivoire.

*Auteur Correspondant; +2250708619516 ; akpae@yahoo.fr

Résumé :

En Côte d'Ivoire, l'aviculture constitue une importante source de revenus pour la population. Cependant, ce secteur reste fragile en raison des contraintes sanitaires causées par plusieurs sources de contamination des poulets d'élevage dont les aliments. Par ailleurs, l'utilisation non contrôlée d'antibiotiques au cours de l'élevage contribuerait à l'augmentation de souches bactériennes résistantes aux antibiotiques conduisant à un échec thérapeutique dans le traitement des pathologies tant chez l'animal que chez l'homme. La présente étude a pour objectif d'évaluer la qualité microbiologique des aliments destinés à ces volailles et d'explorer l'utilisation de bactéries lactiques comme alternatives aux antimicrobiens en aviculture. Ainsi 164 échantillons d'aliments destinés aux poulets d'élevage ont été collectés dans cinq communes du District d'Abidjan pour l'isolement de microorganismes potentiellement pathogènes notamment *Salmonella* sp., *Escherichia coli* (APEC) et *Aspergillus* sp. Les isolats obtenus ont été confirmés par PCR sur colonies. Deux souches de chacun de ces genres microbiens isolés ont subi des tests d'activité antimicrobienne face à des souches de bactéries lactiques issues de produits locaux fermentés. Les tests d'antagonisme ont été réalisés par la méthode des puits et les diamètres d'inhibition ont été mesurés après incubation. Les résultats ont montré que parmi les échantillons analysés, 15 (10,33 %) étaient positifs à *Salmonella* sp., 89 (54,26 %) à *E. coli* et 48 (29,26 %) à *Aspergillus* sp. Par ailleurs, sur 263 isolats de bactéries lactiques testées, cinq ont montré des caractéristiques de potentiels probiotiques avec une forte activité antimicrobienne contre *Salmonella* sp., APEC, et *Aspergillus* sp. présentant des diamètres d'inhibition respectifs compris entre 18±4,24 à 24±2,82 mm, 21,5±4,94 à 23,5±4,24 mm et 36±4,73 à 65±7,91 mm. En somme, cette étude a relevé une qualité hygiénique médiocre des aliments destinés aux poulets d'élevage et la possibilité d'utiliser des bactéries lactiques issues de produits locaux comme des probiotiques alternatifs aux antimicrobiens utilisés chez la volaille pour la réduction des pathologies aviaires comme les salmonelloses, colibacillooses et aspergillooses.

Mots clés : Pathologies aviaires, Bactéries lactiques, Probiotiques, Aviculture, Côte d'Ivoire.

Enquête de consommation de la viande porcine et impact de l'Algo-Bio® (alternative aux antibiotiques) dans l'alimentation porcine sur la qualité nutritive de la viande produite en Côte d'Ivoire

TADIOGO NATY AMINE KONE BOKO¹, AHUA RENE KOFFI¹, YAKOURA KARIDJA OUATTARA²

¹Université Nangui Abrogoua

²Institut Pasteur, Côte d'Ivoire

Email: natykone@yahoo.fr

Résumé

L'objectif de cette étude était de déterminer l'impact de l'administration d'un complément alimentaire à base d'algues aux porcs sur la qualité nutritive de la viande. Une enquête de consommation a été réalisée et les propriétés biochimiques de la viande issue de porcs témoins et de porcs traités avec l'Algo-Bio® ont été déterminées selon les méthodes d'analyse standard. Sur 400 consommateurs de viande porcine interrogés, une majorité de 110 personnes préfèrent les côtes, faisant de cette partie du porc la plus prisée. Les muscles intercostaux (*Longissimus thoracis*) des porcs ont donc été utilisés pour la détermination des caractéristiques physico-chimiques. Chez les porcs traités avec l'Algo-Bio®, les taux de cendre (1,1%) et de protéines (23,6%) ont été relativement élevés par rapport à ceux observés chez les porcs témoins (0,7% et 14,9% respectivement). Cependant, les taux de matières grasses n'ont pas été significativement différents (6,1% pour les témoins et 6,9% pour ceux traités avec l'Algo-Bio®). La viande des porcs traités avec l'Algo-Bio® a été la moins humide avec 66,5% de poids frais. Le potassium, le phosphore, le fer, le zinc, et le sélénium ont été trouvés en quantité élevée dans la viande du porc traité à l'Algo-Bio®. Les muscles *Longissimus thoracis* des porcs dont l'alimentation a été complétée avec le complément alimentaire à base d'algues ont présenté de bonnes caractéristiques nutritives.

Mots clés : porcs, Algo-Bio®, *Longissimus thoracis*, viande, qualité é

INFLUENCE DE L'HUILE DE SOJA SUR LE POIDS ET LA TAILLE DES OEUFES DES POULES PONDEUSES « WARREN »

KINONTON CLARISSE KONE YELAKAN^{1,2}, AHUA RENE KOFFI^{1,2}, LOUIS GUICHARD BOHOUA³

¹Centre de Recherche en Ecologie (CRE)

²Laboratoire de Microbiologie et Biotechnologie, Université Nangui Abrogoua Abidjan (Côte d'Ivoire)

³UFR des Sciences et Technologie des Aliments ; Laboratoire de Biochimie et Technologies Alimentaires, Université Nangui Abrogoua Abidjan

Email : kinonton@yahoo.fr

Résumé

La qualité des aliments de ponte est l'élément le plus important duquel dépendent les caractéristiques physiques et nutritionnelles des œufs. L'incorporation d'huiles végétales dans l'alimentation des poules confère à cette alimentation, un apport en acides gras essentiels tel que l'acide linoléique. L'huile de soja est une huile végétale riche en acides gras polyinsaturés et a une forte concentration en acide linoléique, essentiel au bon fonctionnement de la ponte. Ce présent travail se propose d'évaluer les effets de la supplémentation des aliments ponte à l'huile de soja sur le poids et la taille des œufs de poules pondeuses Warren. L'expérience a porté sur 150 Warren de 20 semaines d'âge, scindés en 3 lots de 50 poules chacun. L'huile de soja a été introduite dans les aliments à raison de 0% (Lot 1 : Témoin), 2% (Lot 2) et 4% (Lot 3). Les aliments ainsi fabriqués ont été distribués quotidiennement aux poules. Les premières données de l'expérience ont été recueillies après un mois de ponte (25e semaine). Ces données ont permis de déterminer le poids et la taille des œufs collectés. Après 7 mois d'expérience, les résultats ont montré qu'une supplémentation de 2% et 4% d'huile de soja a permis d'améliorer le poids respectivement de 2,49 g et 1.36 g. Pour la taille des œufs, l'incorporation d'huile de soja à 2% et 4% donne des valeurs similaires mais supérieures à celles du lot témoins (0%). L'huile de soja se présente donc comme un outil d'amélioration du rendement des productions avicoles. Une application de l'utilisation de cette huile dans l'alimentation des volailles serait un atout pour le secteur avicole et permettra une amélioration du revenu des producteurs.

Mots clés : Aliments de ponte, huile de soja, acide linoléique, œufs

Impact de la cendre de deux bois de chauffe sur la stabilisation microbiologique de *Saccharomyces cerevisiae* et *Leuconostoc sp*, deux microorganismes impliqués dans l'altération de la tomate fraîche en vue d'accroître sa durée de conservation

Jean-Luc Aboya MOROH¹, Detto KARAMOKO¹, Aya Philomène KOKORA Epouse TAKI¹, Enikan Brigitte Maryse KOUAME¹, Pelefo Inza COULIBALY¹

¹Université Peleforo GON COULIBALY

Email : jlamoroh@gmail.com

Résumé

Produit à haute valeur commerciale et nutritive, la tomate fraîche est un produit très périssable à cause des activités enzymatiques, chimiques et microbiologiques influencées par sa forte teneur en eau. Cette étude initiée pour sa conservation a pour objectif d'évaluer l'impact de la cendre de deux bois de chauffe (anacardier et manguier) sur la stabilité microbiologique de deux variétés de tomate fraîche (tomate africaine côtelée et la tomate de salade). Le dénombrement et la description des germes ont été effectués selon les méthodes conventionnelles de la microbiologie. L'influence des deux types de cendre sur la charge microbienne des tomates a été évaluée pour *Leuconostoc sp.* et *Saccharomyces cerevisiae*. Le dénombrement microbien des deux variétés de tomate a montré que la tomate africaine côtelée possède une charge microbienne supérieure à celle de la tomate de salade. Des charges bactériennes (*Leuconostoc sp.*) de $1,31.10^7$ UFC/g et $2,82.10^6$ UFC/g ont été obtenues respectivement pour la tomate africaine et la tomate de salade. Concernant les champignons (*Saccharomyces cerevisiae*), les charges sont de $3,09.10^6$ UFC/g pour la tomate africaine et $2,1.10^6$ UFC/g pour la tomate de salade. Les tests de l'impact de la cendre sur la stabilité microbiologique ont montré que le temps nécessaire pour une réduction de la charge en *Saccharomyces cerevisiae* varie de 10,79h à 4,47h et de 7,4h à 5,1h avec des concentrations de 0,03mg/ml à 0,2mg/ml de cendre issues respectivement du bois d'anacardier et du bois de manguier. Avec *Leuconostoc sp.* ce temps varie de 8,63h à 5,2h et de 8,33h à 5,97h avec les mêmes concentrations de cendre de bois d'anacardier et de manguier dans le même ordre. Ces variations de temps de réduction de la charge microbienne en fonction de la concentration de cendre montrent que la cendre de bois d'anacarde présente des valeurs de temps de réduction de la charge microbienne inférieures à celles du bois de manguier. Par ailleurs, Les deux variétés de tomate saupoudrées avec de la cendre de bois d'anacardier et de manguier pendant 8 jours ont présenté des charges microbiennes à près de 10 fois inférieures à celle du témoin sans traitement. La stabilisation microbiologique induite par la cendre de bois d'anacarde est meilleure à celle du bois de manguier.

Mots clés : Tomate fraîche, altération, *Leuconostoc sp.*, *Saccharomyces cerevisiae*, cendre de bois.

Diversité génétique et toxigénique des espèces du groupe *Bacillus cereus* isolées des farines infantiles de production artisanale en Côte d'Ivoire

Kouadio Florent N'Guessan¹, Amenan Fabienne Anne-Julie N'Zi¹, Amenan Clémentine Kouakou-Kouamé^{1,2}, Corinne Teyssier², Didier Montet²

¹Université NANGUI ABROGOUA, UFR-STA, Laboratoire de Biotechnologie et Microbiologie des Aliments ? 02 BP 801 Abidjan

²Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement (CIRAD), UMR Qualisud, 34398 Montpellier, France

Email : genie_ci@yahoo.fr

Résumé

Les farines infantiles de production artisanale sont de plus en plus utilisées comme aliment de complément dans la nutrition des nourrissons et des jeunes enfants en Côte d'Ivoire. Aussi, ces farines peuvent-elles être contaminées par les bactéries du groupe *Bacillus cereus* qui sont des pathogènes alimentaires responsables de toxi-infection alimentaire diarrhéique et émétique chez l'homme. Cette étude avait donc pour objectif d'appréhender le risque sanitaire lié à *B. cereus* auquel sont exposés les consommateurs de ces farines. Pour ce faire, 106 échantillons de farines de maïs, de mil, de riz, de soja, de sorgho et leur mélange appelé multicéréale ont été achetés auprès des productrices artisanales dans les centres de santé publics et les marchés des villes d'Abidjan, de Bouaké et de Daloa. Au total, 295 isolats de *B. cereus* présomptifs ont été identifiés par amplification des gènes *cspf* et *gyrB*. Par ailleurs, la diversité génétique des isolats a été étudiée par le séquençage du gène *panC*. En outre, les gènes impliqués dans la synthèse des entérotoxines responsables du syndrome diarrhéique (*hblA*, *hblC*, *hblD*, *nheA*, *nheB*, *nheC*, *cytK1*, *cytK2* et *BceT*), et le gène *ces* impliqué dans la synthèse de la céréulide, responsable du syndrome émétique ont été recherchés. Les résultats ont montré que la prévalence en *B. cereus* des farines commercialisées dans les centres de santé était de 33,33% (farine de sorgho) à 75% (farine de multicéréale) avec des charges comprises entre 0,87 et 2,65 log (UFC/g). Quant aux farines commercialisées dans les marchés, elles étaient contaminées à 71,43-78,57% et les charges étaient de 2,21-2,67 log (UFC/g). L'analyse moléculaire a confirmé l'appartenance au groupe *B. cereus* de 269 isolats, soit un taux de 91,19%. *B. anthracis* était l'espèce majoritairement rencontrée (55,92%). Elle était suivie de *B. cereus sensu stricto* (40,82%) et de *B. thuringiensis* (3,26%). Par ailleurs, ces isolats, dans leur très grande majorité, portaient les gènes *hblC* (59,16% des isolats), *hblD* (63,87%), *nheA* (81,15%), *nheB* (52,88%), *cytK2* (84,63%) et *BceT* (69,11%) impliqués dans la synthèse des entérotoxines responsables du syndrome diarrhéique. Cependant, un seul isolat (0,52%) portait le gène *ces* produisant la céréulide responsable du syndrome émétique.

Mots clés : *Bacillus cereus*, Céréulide, Entérotoxine, Farine infantile artisanale, Identification moléculaire

Caractérisation physico-chimique, microbiologique et sensorielle de farines infantiles à base de maïs (*Zea mays* L.) enrichie aux produits locaux

MODESTE KOFFI¹

¹Université Gon Pelefero Coulibaly

Email : modestekoffi04@gmail.com

Résumé

Le problème de la malnutrition se pose avec acuité dans les pays en voie de développement et plus particulièrement en Afrique subsaharienne. Les conséquences de la prévalence élevée de retard de croissance qui en résulte sont très graves sur le plan tant individuel que collectif conduisant à de lourdes pertes en capital humain et à une faible productivité économique, freinant le développement des générations futures. Le but de ce travail est de contribuer à la valorisation et la transformation locale d'une part de la noix de cajou et d'autre part des grains de soja par la formulation de farines infantiles de bonne qualité à base de produits locaux. La méthode utilisée dans cette étude, consiste à étudier l'effet de l'incorporation de la farine d'amande de cajou et du soja sur la composition physico-chimique, nutritionnelle, microbiologique et sensorielle de la farine de maïs. Les résultats obtenus montrent une augmentation significative des teneurs en protéines, en fibres, en cendres et en lipides des farines composites, lorsqu'on incorpore respectivement des taux de 5%, 10%, 15% et 20% de farine d'amande de cajou à respectivement (95%, 90%, 85% et 80%) de la farine de maïs. Cette augmentation est aussi observée au niveau des teneurs en matières sèches 4,71% (FM5FA) à 5,47% (FM20FA) et en densités énergétiques 394,36 kcal/ 100g à 406,07 kcal/100g. Les teneurs en protéines, en cendres, en fibres et en lipides varient respectivement de 9,58 (FM5FA) à 12,01% (FM20FA), 1,4 (FM5FA) à 2,01% (FM20FA), 3,04 (FM5FA) à 3,85 (FM20FA) et 3,76 (FM5FA) à 7,11 (FM20FA). Les résultats ont montré que la teneur en protéine des farines composites enrichies en 15 et 20% de farines d'amande de cajou sont conformes aux normes recommandées par l'OMS, relatives aux farines infantiles. Les caractéristiques (odeur, texture et goût) des bouillies de ces farines ont été les plus acceptées par le panel de dégustation. L'incorporation de la poudre de soja à la farine de maïs a amélioré significativement les paramètres biochimiques notamment la teneur en protéines (11,93±0,41% à 15,12±0,21%) des différentes farines composées. Sur le plan hygiénique, les farines formulées ne renferment pas de germes pathogènes

Mots clés : farine infantile, produits locaux, valeur nutritionnelle, qualité hygiénique et organoleptique

Qualité microbiologique et nutritionnelle des grenouilles sèches commercialisées sur les marchés de la ville de Man (Côte d'Ivoire)

Affoué Carole KOFFI¹

¹Université de Man

Résumé

La grenouille représente une importante ressource alimentaire pour les peuples de la ville de Man ville située à l'Ouest de la Côte d'Ivoire. Pour un besoin de conservation, les grenouilles passent très souvent par une étape de fumage-séchage avant d'être mises sur le marché. L'objectif principal de ce travail est d'évaluer la qualité microbiologique et les potentialités nutritionnelles de ces grenouilles séchées. Les normes NF V08-010, ISO 4833, NF ISO 6888, NF V 08-054, et NF V08-060 ont été utilisées pour les tests microbiologiques. Au niveau des analyses biochimiques, les méthodes A.O.A.C.2008, Munson et Walker (1906) ont été utilisées pour la teneur en eau, lipide et glucide. Les minéraux ont été déterminés au spectromètre à fluorescence X. Les résultats montrent au niveau des tests microbiologiques la présence, dans les échantillons, de flore aérobie mésophile totale, de *Staphylococcus* sp., de coliformes totaux, de *Escherichia coli* et de *Salmonella* sp. avec des charges moyennes respectives de $4,8 \cdot 10^6$ UFC/g, $5 \cdot 10^5$ UFC/g, $1,23 \cdot 10^6$, $1,79 \cdot 10^4$ UFC/g, $4,97 \cdot 10^4$ UFC/g. La teneur en eau moyenne des échantillons analysés est de 5,5%. La teneur en lipides totaux est de 6,66g/100g et les glucides sont à l'état de traces. Les résultats révèlent la présence de Fer, de Manganèse, de Potassium, de Zinc, de Calcium, de Phosphore dans les échantillons. Les valeurs microbiologiques obtenues excèdent les normes requises, et cela est dû aux mauvaises conditions d'entreposage, et au manque d'hygiène des commerçants.

Mots clés : Grenouille, qualité microbiologique, potentialités nutritionnelles, minéraux

Evaluation du portage de Coliformes, *Staphylococcus sp.*, et *Salmonella sp.* chez le personnel de restauration collective dans quelques communes de la ville d'Abidjan, Côte d'Ivoire.

K Bertin TIEKOURA¹, Fernique KONAN¹, NEVRY Rose Koffi², Nathalie Kouadio GUESSENND¹

¹Institut Pasteur of Côte d'Ivoire (IPCI), 01 BP490 Abidjan 01, Côte d'Ivoire

²Université NANGUI ABROGOUA, Laboratoire de Biotechnologie et Microbiologie des Aliments, UFR des Sciences et Technologies des Aliments (UFR-STA), 02 BP 801 Abidjan 02, Côte d'Ivoire

Email : Konantiekoura@yahoo.fr

Résumé

La restauration collective constitue une importante activité visant à assurer la prise en commun de nourriture par un ensemble de personnes. Cependant, les préoccupations concernant la sécurité de ces aliments augmentent. En effet, le manque d'hygiène dans des espaces urbains offre des conditions bioécologiques favorables au développement de bactéries potentiellement pathogènes, responsables de nombreuses maladies, particulièrement les gastroentérites. Cette étude a pour objectif d'identifier les sources de contaminations des repas, en particulier, la part de responsabilité du personnel des restaurants. Au cours d'une enquête semi-structurée, à l'aide de questionnaire, huit (8) restaurants de services sanitaires, établissements scolaires et établissements militaires ont été visités en vue de récolter des informations sur les conditions d'hygiène, notamment, des locaux, du matériel et du personnel dans quatre (4) communes du grand Abidjan. Au total, 311 personnes ont été interrogées et 216 échantillons ont été prélevés chez le personnel après leur consentement éclairé pour des analyses microbiologiques, par la méthode de bactériologie classique. Il ressort que les restaurants des entreprises privées sont mieux équipés et ont un niveau d'hygiène nettement supérieur à ceux des services publics. Par ailleurs, 75% des cuisines ne sont pas dotées d'un lave-mains avec du savon, ni de papier serviette. La marche en avant n'est pas respectée et les toilettes sont peu praticables. Le taux de portage manuel est de 100% pour *Staphylococcus sp.*, 91% pour les coliformes totaux et 38% pour *Salmonella sp.* Le portage nasal de *Staphylococcus sp.*, a été estimé globalement à 99%. Les prélèvements digestifs révèlent que tous les individus prélevés (100%) sont porteurs de coliformes et *Staphylococcus sp.*, et 64% de Salmonelles. La prévalence de ces germes potentiellement pathogènes s'avère inquiétante. Le risque de contamination des repas est très élevé. Il y a une urgence à développer les mesures d'hygiène et une formation du personnel en hygiène alimentaire.

Mots clés : Personnel, restauration collective, bactéries, portage.

Qualité microbiologique et risque sanitaire à *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus* et *Salmonella* liés à la consommation des poissons fumés à Abidjan

Kouamé N'Zébo Désiré¹, Koua ATOBLA¹, Comoé Koffi Donatien BENIE¹, Kouassi A Séverin KRA¹, Kouassi A Séverin KRA¹, Thomas Adjéhi DADIE²

¹Université Félix Houphouët-Boigny, UFR Biosciences, Laboratoire de Biotechnologie, Agriculture et Valorisation des Ressources Biologiques

²Université NANGUI ABROGOUA, Laboratoire de Biotechnologie et Microbiologie Alimentaire, Département des Sciences et Techniques Alimentaires (UFR-STA), 02 BP 801 Abidjan 02, Côte d'Ivoire

Email :

Résumé

Les poissons fumés traditionnellement de type Maquereau (*Scomber scombrus*), Chinchard (*Trachurus trachurus*), Thon (*Thunnus sp.*), Carpe (*Cyprinus spp.*) et Magne (*Sardinella spp.*) constituent une source importante de protéines animales. Cependant leurs procédés de transformation et de commercialisation demeurent encore artisanaux et affectent souvent leur qualité microbiologique et/ou nutritionnelle, pouvant ainsi nuire à la santé du consommateur. L'objectif visé était d'évaluer la qualité microbiologique et le risque sanitaire à *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus* et *Salmonella* lié à la consommation des poissons fumés traditionnellement sur les marchés d'Abobo (grand marché), de Cocody (marché d'Anono), d'Adjamé (Marché de Williamsville), d'Attécoubé (marché d'Abobodoumé) et de Yopougon (marché de Siporex) de la ville d'Abidjan. Ainsi, *Escherichia coli* a été dénombré selon la norme NF ISO 16649-2. Juillet 2001, *Staphylococcus aureus* suivant la norme ISO 6888-1 (V 08-014). Octobre 1999 et la recherche de *Salmonella* a été réalisée selon la norme NF EN ISO 6579/A1 (octobre 2007). Dans la présente étude, le taux de contamination de *E. coli* était de 68% et de 84% pour *S. aureus*. Par contre, aucune souche de *Salmonella* n'a été isolée des échantillons de poissons fumés analysés. L'évaluation de la qualité microbiologique des poissons fumés a révélé que globalement les poissons fumés analysés issus des marchés étaient de qualité microbiologique satisfaisante avec une variation des charges microbiennes dans ces poissons fumés. Une attention particulière doit être accordée pour une réduction de la contamination microbienne des poissons fumés à cause de la présence de *E. coli* et *S. aureus* qui sont des germes sécrétant des entérotoxines et pouvant contenir des pathovars responsables d'intoxication alimentaire. L'application rigoureuse des règles d'hygiène durant la chaîne de transformation réduirait de façon significative la flore de contamination des poissons et permettrait d'augmenter leur durée de conservation. Les consommateurs devraient éviter de consommer les poissons fumés sans une autre forme de cuisson préalable.

Mots clés : Poissons fumés, risque sanitaire, *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, *Salmonella*

Étude de la qualité hygiénique des grillades de mouton vendues dans la ville de Korhogo

SERI SERGE GUEDE¹

¹Univerité Gon Pelefero Coulibaly

Email: sguede2017@gmail.com

Résumé

À Korhogo, il existe une prolifération des lieux de vente des grillades. Aussi, la maîtrise des contaminations de la viande par les germes pathogènes et les composés toxiques est un défi majeur pour les acteurs de la filière. C'est dans ce contexte qu'une étude a été conduite avec pour objectif d'évaluer la qualité hygiénique des grillades de mouton vendues dans la ville de Korhogo. Pour ce faire, une enquête a été conduite auprès des vendeurs pour décrire les modes de cuisson et de conservation des grillades de mouton. Ensuite, sur les lieux de vente, des observations des 5M (Milieu, Matériel, Matière première, Méthodes et Main d'œuvre) ont été faites pour évaluer les conditions d'hygiène de préparation. Après cela, la qualité microbiologique des grillades de mouton a été évaluée par la recherche de la FAMT, des coliformes fécaux, *Staphylococcus aureus* et *Salmonella* spp. Enfin, la teneur en benzo[a]pyrène (BaP) dans les grillades de mouton a été estimée à travers un test de cuisson. Les résultats ont montré que la majorité des vendeurs de grillades de mouton (60 %) faisait cuire la viande à feu braisé et conservait les grillades invendues dans des cuvettes. Dans la plupart des lieux de vente visités (83,33 %), les vendeurs ne respectaient pas le principe de la séparation des zones « propres » et des zones « sales ». Les analyses microbiologiques ont montré que les grillades de mouton non emballées avaient la meilleure qualité microbiologique par rapport aux grillades de mouton emballées dans du papier ciment. Cependant, la qualité globale des grillades était en majorité non satisfaisante avec un taux de 66,67 %. Les principaux microorganismes incriminés dans la qualité non satisfaisante des grillades étaient *S. aureus* et les coliformes fécaux. Par ailleurs, le test de cuisson a révélé que les viandes de mouton cuites à feu braisé avaient une teneur en BaP supérieure à la limite maximale recommandée (2 µg/kg). En définitif, eu égard à ce qui précède, les grillades de mouton vendues dans la ville de Korhogo présenteraient un risque de toxi-infection et d'intoxication alimentaires pour les consommateurs. Ces résultats doivent être pris en compte afin de mener des actions préventives, tels que la sensibilisation et la formation des vendeurs de grillades sur les bonnes pratiques d'hygiène.

Mots clés : Grillades de mouton, Hygiène, Qualité microbiologique, Benzo(a)pyrène (BaP), Korhogo

Evaluation de la qualité sanitaire de la bouillie de semoule de mil produite et vendue dans deux communes d'Abidjan (Yopougon et Attécoubé), en période de jeûne

Koffi Ahua René¹, Kinonton Clarisse KONE YELAKAN¹, Affoué Carole KOFFI², Koua ATOBLA³, Mamadou TOURE⁴

¹Laboratoire de Microbiologie et Biotechnologie du Centre de Recherche en Ecologie (CRE) de l'Université NANGUI ABROGOUA

²Laboratoire Central d'Analyses, UFR Agronomie Foresterie et Environnement de l'Université de MAN

³ UFR Biosciences de l'Université Félix Houphouët Boigny

⁴ UFR des Sciences et Technologie des Aliments ; Laboratoire de Microbiologie et de Biotechnologie de l'Université NANGUI ABROGOUA

Email : koffirene.cre@univ-na.ci

Résumé

La bouillie de semoule de mil est un aliment traditionnel très prisé par les populations surtout en période de jeûne. Sa production, sa vente et sa consommation se font très souvent dans les rues. Au regard de l'intérêt et de l'importance que revêt cet aliment, sa qualité sanitaire nécessite une approche scientifique permettant de garantir la santé du consommateur. Ainsi, l'objet de ce travail était d'évaluer la qualité hygiénique de la bouillie de mil. La méthode utilisée a consisté à la réalisation d'une enquête, à la détermination de quelques paramètres physico-chimiques et microbiologiques (recherche de bactéries responsables de contamination fécale, par l'usage de normes standard de microbiologie) d'échantillons de bouillie de mil prélevés dans deux communes (Yopougon et Attécoubé) de la ville d'Abidjan. Les résultats ont montré que la vente de bouillie de semoule de mil est essentiellement effectuée par des femmes dont l'âge varie entre 15 et 35 ans ; son pH est en moyenne de 3,41. Le dénombrement de colonies caractéristiques de staphylocoques et de *E. coli* dans les échantillons prélevés, indique respectivement une présence moyenne de $2,8.10^3$ UFC/mL et $3,3.10^4$ UFC/mL. La présence de germes caractéristiques de contamination fécale (*E. coli*) dans cet aliment de grande consommation témoigne de sa qualité d'hygiène peu satisfaisante et nécessite des solutions palliatives.

Mots clés : bouillie semoule de mil, contamination fécale, qualité sanitaire, alimentation de rue

Caractérisation microbiologique et détermination du taux de Cadavérine dans des échantillons de poissons

MOUMOUNY TRAORE¹, Yao Fulgence KOFFI¹, Khemesse KITAL², Marina KOUSSEMON³, Alphonse TINE²

1. Université Gon Pelefero Coulibaly, Korhogo, Côte d'Ivoire

2. Université Cheick Anta Diop, Dakar, Sénégal

3. Université Nangui Abrogoua, Abidjan, Côte d'Ivoire

Email : traoremoumouny@yahoo.fr

Résumé

Les poissons frais sont très périssables. Pendant la période post mortem, ils constituent un terrain favorable à la multiplication des germes et à la production d'amines biogènes. Pour toutes ces raisons, de nombreux pays et organismes en charge de la sécurité alimentaire sont attentifs aux problèmes de sécurité sanitaire des poissons frais à travers une caractérisation microbiologique, la détermination des taux d'amines biogènes et du pH comme indicateurs pour évaluer le degré de fraîcheur du poisson. La présente étude a été ainsi entreprise pour évaluer le niveau de contamination microbienne et les teneurs en cadavérine (une amine biogène) de quelques poissons tropicaux. Ainsi 93 poissons frais, dont 31 carpes, 31 machoirons et 31 maquereaux, ont été échantillonnés directement auprès des vendeurs. Les germes d'altération tels que les coliformes thermo-tolérants dont *E. coli*, la flore aérobie mésophile, les anaérobies sulfito-réducteurs, les Staphylocoques de type aureus et des germes pathogènes (*Salmonella* et *Vibrio*) ont été recherchés. Par ailleurs, les gènes de virulences (*bfpA*, *eae*, *stx*, *aggR*, *elt* et *est*) ont été recherchés à partir des souches de *E. coli* isolées. Les taux de cadavérine ont été déterminés par voie spectrofluorimétrique dans la chair des poissons conservée à -10 °C, +4 °C, +22 °C et +32 °C. L'analyse microbiologique indique une polycontamination des échantillons. Cependant, les germes potentiellement pathogènes tels que *Vibrio* et *Salmonella* n'ont pas été détectés dans les échantillons analysés. Les taux moyens de récupération de la cadavérine étaient supérieurs à 87,9 %. Le taux de cadavérine a pratiquement triplé en seulement trois jours de conservation des poissons à +22 °C et +32 °C. De faibles variations du pH ont été observées à -10 °C pendant 32 jours et pendant 18 jours à +4 °C. Au-delà, les valeurs du pH augmentaient sensiblement. Toutefois, le pH de la chair des poissons a fortement augmenté au cours de la conservation à +22 °C et +32 °C. L'étude de corrélation selon le traitement de Pearson a indiqué une forte corrélation positive (0,81 et 0,93) entre le taux de cadavérine et le pH de la chair du poisson pour tous les échantillons conservés respectivement à +22 °C et +32 °C.

Mots clés : Poisson, Polycontamination, Cadavérine, pH, Altération, Conservation

Prevalence of *mecA* gene in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) biofilms isolated from animal products

Comoé Koffi Donatien BENIE^{1,2,3}, N'zebo Désiré KOUAME^{1,2}, Koua Toussaint ATOBLA^{1,2}, Adjéhi DADIÉ^{2,3} and Mireille DOSSO^{1,3}

1. University Félix Houphouët Boigny, 01 BP V4 Abidjan 01, Côte d'Ivoire.
2. University Nangui Abrogoua, 02 BP 801 Abidjan 02, Côte d'Ivoire.
3. Institut Pasteur of Côte d'Ivoire (IPCI), 01 BP490 Abidjan 01, Côte d'Ivoire.

Abstract

Staphylococcus aureus is an important opportunistic pathogen involved in biofilms formation. This study aims to detect the molecular supports involved in biofilms formation in *S. aureus* methicillin-resistant isolated from smoked fish. A total of forty (40) *S. aureus* strains characterized by phenotypic, biochemical and molecular methods from the phylogenetic marker 16S were analyzed. The resistance profile was determined by the diffusion method on Muller Hinton agar. Resistance gene (*mecA*) and biofilms formation genes (*pelA*, *pslA* and *ppvR*) were detected by PCR method. *Staphylococcus aureus* strains were resistant to oxacillin (6.62 %), ceftiofur (30 %), cefuroxime sodium (27.22 %) and imipenem (30 %). These strains also resisted to erythromycin (56.64 %), tetracycline (45 %) and vancomycin (43.33 %). The prevalence of the *mecA* gene in methicillin-resistant *S. aureus* was 46.33%. Molecular carriers of *pelA* (22.17%) and *pslA* (15.76%) involved in biofilms formation were detected. The epidemiological and molecular data concerning these strains in both the human and animal populations require an improvement in the health management of the food chain of the products analyzed.

Key words: *S. aureus*, Biofilms, *mecA* gene, resistance, smoked fish

Activité antibactérienne des souches de bactéries lactiques isolées au cours de la fermentation du fruit du tamarinier (*Tamarindus Indica*) cultivé à Korhogo, Côte d'Ivoire

NOKA LAHISSA BAKAYOKO^{1,2}, KONAN BERTIN TIECOURA², DAOUDA TOURE³, NATHALIE GUESSENND², MARINA KOUSSEMON-CAMARA¹

1. UFR Sciences et Technologies des Aliments, Université Nangui Abrogoua,
2. Institut Pasteur, Côte d'Ivoire,
3. UNIVERSITE PELEFORO GON COULIBALY KORHOGO,

Email : lahissabakayoko9@gmail.com

Résumé

En Côte d'Ivoire, les fruits du tamarinier, arbre poussant dans le nord du pays, sont utilisés à diverses fins alimentaires (assaisonnement de mets, production de boisson acidulée), généralement après un processus de fermentation. Ces fruits fermentés pourraient ainsi représenter une source de microorganismes fermentaires ayant des propriétés utiles pour le bien-être de l'homme. Une étude a donc été entreprise afin de déterminer le pouvoir antibactérien des souches de bactéries lactiques isolées au cours de la fermentation des fruits du tamarinier, en vue de la valorisation de ce produit. A cet effet, 150 échantillons de fruits de tamarinier en fermentation ont été prélevés dans différents marchés de la ville de Korhogo et les bactéries lactiques ont été recherchées et dénombrées sur milieu MRS dans ces échantillons, puis soumises à une identification phénotypique. Le pouvoir antibactérien des souches obtenues a par la suite été évalué sur des pathogènes humains grâce à la méthode de diffusion en puits sur gélose Muller Hinton. Les six bactéries pathogènes suivantes ont été testées : *Staphylococcus aureus* ATCC/29213, *Pseudomonas aruginosa* ATCC/27853, *Escherichia coli* ATCC/25922, *Proteus mirabilis*, *Klebsiella pneumoniae*, et *Salmonella sp.* Les charges en bactéries lactiques des échantillons analysés variaient entre $3,57 \cdot 10^4$ et $5,6 \cdot 10^6$ UFC/g. Les bactéries lactiques retrouvées dans les échantillons appartenaient aux genres *Pediococcus*, *Weisselia*, et *Lactobacillus*, les lactobacillus représentant le genre prédominant. Parmi les 80 souches de bactéries lactiques testées pour leur potentiel antibactérien, deux souches ont présenté de forts effets inhibiteurs sur certains pathogènes. En effet, la souche LAB4 appartenant au genre *Lactobacillus* a présenté l'effet inhibiteur le plus élevé sur les souches *Escherichia coli* ATCC/25922 et *Klebsiella pneumoniae* avec des diamètres d'inhibition respectifs de 26 mm et 25 mm. La souche LAB50 identifiée comme l'espèce *Lactobacillus fermentum* a montré le plus fort pouvoir bactéricide sur la souche *Staphylococcus aureus* ATCC/29213, avec un diamètre d'inhibition de 20 mm. Ces résultats suggèrent la possibilité d'une utilisation de ces souches lactiques comme starters ou biopréservateurs pour des préparations alimentaires.

Mots clés : fruit du tamarinier, bactéries lactiques, *Lactobacillus*, activité antibactérienne

Evaluation de l'effet antibactérien de l'extrait aqueux des feuilles de *Alchornea cordifolia* (Euphorbiaceae) sur la croissance *in vitro* de souches de *Salmonella sp.* d'origine aviaire multi résistantes et toxicité sur les mammifères, cas du rat Wistar

Konan Bertin YAO¹, Kouadio Fernique KONAN¹, Konan Bertin TIEKOURA¹, Fatou shcherazade OUATTARA², Kouadio Natalie GUESSENND¹

1. INSTITUT PASTEUR DE COTE D'IVOIRE
2. UNIVERSITE FELIX HOUPHOUET BOIGNY

Résumé

Face à l'émergence de la résistance des bactéries d'origine aviaire aux antibiotiques de synthèses et du transfert de gènes de résistance de l'animale à l'homme, de nouvelles stratégies de contrôle des maladies aviaires sont proposées. Parmi ces alternatives, l'utilisation de plante sous forme singulière, semble prometteuse. Le but de cette étude est d'évaluer l'effet antibactérien d'un extrait de plante sur 3 souches de *Salmonella sp.* d'origine aviaire multi résistantes aux antibiotiques et de sa toxicité sur un mammifère. Les méthodes de diffusion en milieu solide et de dilution en milieu liquide de Muller Hinton ont été utilisées pour évaluer l'effet antibactérien de l'extrait aqueux des feuilles de *A. cordifolia* sur les souches de *Salmonella sp.* La dose unique de 2000 mg/Kg de poids corporel (Pc) d'extrait a été administrée par voie orale à des rats de souches Wistar pour l'évaluation de la toxicité aigüe. Le témoin utilisé a été l'eau distillée. Les résultats ont montré que les trois souches de *Salmonella sp.* testées sont sensibles à l'extrait de *A. cordifolia* avec les diamètres des zones d'inhibition allant de $13,33 \pm 0,33$ à $16,67 \pm 0,33$ mm à la concentration de 200 mg/mL. Les concentrations minimales inhibitrices (CMI) et les concentrations minimales bactéricides (CMB) ont varié respectivement de 6,25 à 12,50 mg/mL et de 50 à 100 mg/mL. Aucune mortalité, ni anomalie hématologique, biochimique et structurale n'a été observée chez les rats 14 jours après administration orale de l'extrait à la dose unique de 2000 mg/kg de Pc par rapport aux témoins. Cet extrait de plante a un pouvoir bactériostatique sur les souches de *Salmonella sp.* multirésistantes et n'est pas nocif pour les mammifères ; il pourrait constituer un espoir pour la mise au point de nouvelles thérapies contre les résistances bactériennes en aviculture et il est sans danger pour l'homme. Toutefois, une étude *in vivo* est recommandée pour une vue globale sur l'activité antibactérienne.

Mots clés : *A. cordifolia*, *Salmonella sp.*, Antibactérien, Toxicité, souches multirésistantes

DÉTERMINATION DES NIVEAUX DE CONTAMINATION EN HYDROCARBURES AROMATIQUES POLYCYCLIQUES DES PALMISTES DE LA REGION DU TONKPI

KOUAKOU Privat¹, KOFFIE Cédric Désiré Arnaud¹

¹ Laboratoire de Biochimie et Sciences des Aliments (LaBSA), 22 BP : 582 Abidjan 22

Email : privatkouakou2004@gmail.com

*Pour Correspondance **KOUAKOU Privat**

Résumé

L'amande de palmiste revêt une grande importance en Côte d'Ivoire. En dépit de leur importance socio-économique, les amandes de palmiste sont, comme tous les aliments, exposées aux multiples polluants rejetés dans l'environnement, parmi lesquels les hydrocarbures aromatiques polycycliques (HAPs). Une contamination avérée par ces molécules pourrait, à des taux élevés, constituer un risque sanitaire non négligeable et même impacter l'économie en réduisant l'accès au marché international. L'objectif de cette étude est d'évaluer la teneur en HAPs des amandes de palmiste. Les méthodes utilisées ont permis, après validation, de déterminer les teneurs en HAPs de 18 échantillons d'amandes de palmiste collectés dans la région du Tonpki. Ces analyses montrent que les teneurs en HAPs de 16,66% des échantillons collectés sont supérieures à la limite maximale fixée par la réglementation (UE) No 835/2011. De fait, la consommation locale des amandes de palmiste et leur utilisation en industrie agroalimentaire présente un risque sanitaire.

Mots clés : HAPs, Côte d'Ivoire, amande de palmiste, risque sanitaire

CARACTERISATION PHYSICO-CHIMIQUE DU BEURRE DU NOYAU DE LA MANGUE DE LA REGION NORD DE LA CÔTE D'IVOIRE

KOUAKOU Privat¹, BILEY Kroha Samuel¹

¹ Laboratoire de Biochimie et Sciences des Aliments (LaBSA), 22 BP : 582 Abidjan 22

Email : privatkouakou2004@gmail.com

*Pour Correspondance **KOUAKOU Privat**

Résumé

Chaque année la côte d'ivoire produit plus de 180 000 tonnes de mangues fraîches, et exporte environ 10% de cette production. Les pertes post récolte se situent entre 30 et 40% et le noyau des mangues représente la plus grande partie de ces pertes, puisqu'il n'est pas consommé. Ainsi l'objectif général de ce travail est la caractérisation physico-chimique du beurre du noyau de la mangue (*Mangifera Indica*) en vue de sa valorisation sur le plan alimentaire. La variété retard est utilisée dans cette étude. Les valeurs des paramètres physico-chimiques et des facteurs antinutritionnels évalués sont : humidité du noyau 58,8% ; rendement en beurre 7,5% ; point de fusion 29°C ; indice de saponification 186,53 ; indice d'acide 1,68 ; indice d'iode 38,91 ; indice de peroxyde 3 ; tanins 0,45 ; phytates 42,5 ; oxalate 11. Ce beurre contient des acides gras insaturés considérables pour être utilisés pour lutter contre les radicaux libres dans l'organisme. En somme, le beurre du noyau de *Mangifera Indica* présente une similarité au beurre de cacao et au beurre de Karité. Les valeurs d'indice d'acide et de peroxyde sont conformes à la norme fixée par le Codex Alimentarius, et ce beurre contient des quantités modérées de facteurs antinutritionnels. Le beurre du noyau de *Mangifera Indica* pourrait donc être recommandé pour une valorisation dans l'alimentation.

Mots clés : *Mangifera Indica*, Noyau de mangue, Beurre, Caractéristiques physico-chimiques.

Tri phytochimique et activités antimicrobiennes des extraits de *Baphia nitida* (Fabaceae) sur *Shigella* spp. et *E. coli*, deux entérobactéries impliquées dans les diarrhées infantiles, à Daloa, Côte d'Ivoire

Djako Sosthène Thierry AKRE¹, Kan Benjamin KOUAME¹, Allali Eugène KOFFI¹, Jacques Auguste B. A. ACKAH¹, Djaman Allico Joseph²

1. Université Jean Lorougnon Guédé

2. Université Félix Houphouët Boigny

Email : st_akredjako@yahoo.fr

RESUME

Dans le but de contribuer à une prise en charge efficiente des diarrhées infantiles et des troubles gastrointestinaux, nous avons évalué les activités antibactériennes des extraits des organes (feuilles, tiges et racines) de *Baphia nitida*, une plante de la pharmacopée ivoirienne. Ainsi, un tri phytochimique des extraits hydroacétoniques d'organes de *B. nitida* à partir des réactions de précipitations et de colorations suivi des tests de sensibilité antimicrobienne sur *Shigella* spp. et *E. coli* ATCC 25922 ont été réalisés. Les résultats obtenus ont montré que les trois organes de plante étaient riches en polyphénols, flavonoïdes, alcaloïdes et tanins cathéchiques. En plus, les extraits des feuilles de *B. nitida* ont présenté une plus grande diversité d'autres métabolites secondaires faiblement représentés. Les extraits de *B. nitida* se sont révélés bactéricides pour les deux souches testées. Ces actions seraient dose -dépendantes avec une inhibition maximale à une concentration de 200 mg/mL. Les extraits des feuilles ont montré une activité antibactérienne plus efficace que les extraits de tiges, eux mêmes plus actifs que les extraits de racines. Les souches d'*E. coli* testées se sont révélées plus sensibles que celles de *Shigella* spp. pour les trois types d'organes de *B. nitida*. Les extraits des organes de *B. nitida* (en particulier les feuilles) pourraient constituer une alternative pour le traitement des diarrhées et une nouvelle source de molécules naturelles anti-infectieuses.

Mots clés : Tri phytochimique, *Baphia nitida*, Activité antibactérienne, *E. coli*, *Shigella* spp.

Activité antimycosique et screening phytochimique des différents extraits de *Terminalia catappa* Linne un antifongique de source naturelle

Jacques Auguste Alfred Bognan ACKAH¹, Yapi Guillaume YAYE¹, Adou Koffi Mathieu KRA²

1. UFR Agroforesterie, Filière Biochimie-Microbiologie, Université Jean Lorougnon Guédé (UJLoG), BP 150 Daloa, Côte d'Ivoire

2. Laboratoire de Biologie et Santé, UFR-Biosciences, Université Félix Houphouët-Boigny Abidjan, 22 BP 582 Abidjan 22, Côte d'Ivoire

Résumé

Malgré le nombre relativement considérable de médicaments antimycosiques, les échecs thérapeutiques sont nombreux. Très peu sont les molécules commerciales existantes qui montrent une activité certaine et effective. Dans le but d'apporter sa contribution dans la lutte contre ces pathologies, notre équipe de recherche a testé les extraits les plus actifs (extrait aqueux « Xaq », extrait hydroéthanolique « X0 », extrait hexanique « X1.2 ») et la fraction la plus active F12 issue de l'extrait hexanique de la plante *Terminalia catappa* Linne sur la croissance *in vitro* de la levure *Candida albicans*. L'inoculum a été préparé comme suit : une jeune colonie de *Candida* prélevée à l'aide d'une anse a été homogénéisée dans 10 mL d'eau distillée stérilisée. On obtient ainsi la suspension mère (100) concentrée à 10^6 cellules/mL. A partir de cette suspension, une seconde suspension (10^{-1}) a été préparée par dilution au 1/10^{ème} de la première. Elle porte une charge de 10^5 cellules/mL. Pour chacun des tubes à essais de chaque série des dix extraits (sauf le tube de contrôle de stérilité du milieu de culture), la culture des germes a été faite sur les milieux précédemment préparés par l'ensemencement de 10 μ L de la suspension 10^{-1} en stries transversales jusqu'à épuisement. Cela correspond à 1000 cellules ensemencées. Les cultures ainsi réalisées ont été incubées à 30°C pendant 48 heures. Après 48 heures d'incubation, les colonies de *Candida* ont été dénombrées par comptage direct à l'aide d'un stylo compteur de colonies (N° de série 23382 de marque Scinceware de Bel-Art). Les résultats montrent que *Candida albicans* est sensible aux extraits testés. L'extrait le plus actif est la fraction F12 (CMF = 5 μ g/mL) et l'extrait le moins actif est l'extrait aqueux « Xaq » (CMF = 780 μ g/mL). Le screening phytochimique de *T. catappa* Linne a permis de mettre en évidence la présence des composés appartenant au groupe des saponosides triterpeniques qui seraient responsables de l'activité antifongique de la fraction F12.

Mots clés : *Terminalia catappa*, phytochimique, *Candida albicans*

Utilisation de l'extrait éthanolique de la plante *Kalanchoe crenata* dans la prévention de la salmonellose et la coccidiose chez le poulet de chair en Côte d'Ivoire

Kouamé Rivière ASSANDI¹, Aya Carole BONNY¹, Tago Germain KAROU¹

¹Laboratoire de Biotechnologie, Agriculture et Valorisation des Ressources Biologiques, de l'Unité de Formation et de Recherche en Biosciences, Université Félix Houphouët Boigny

Email : riviereassandi@gmail.com

Résumé

Au vu de la propagation du phénomène de la résistance aux molécules antibiotiques, la découverte d'alternatifs aux antimicrobiens est devenue indispensable. L'objectif de ce travail est d'évaluer l'efficacité de l'extrait éthanolique de la plante *Kalanchoe crenata*, issue de la pharmacopée ivoirienne, contre la salmonellose et la coccidiose chez le poulet de chair Cobb 500. A cet effet, une conduite d'élevage de trente (30) poussins est réalisée sur une période de 42 jours. Des poussins d'un (01) jour ont été répartis en deux (02) lots de 15 poussins. Les sujets du lot test ont reçu tout au long de la pratique, de l'eau fraîche incorporée d'extrait à 200 mg/L. Les poulets du lot témoin ont reçu un traitement à base d'antibiotique (covit) dans la prévention contre la salmonellose. Au 10^e, 21^e, et 38^e jour d'expérimentation, une analyse microbiologique des échantillons de fèces a été réalisée pour la recherche de *Salmonella* selon le protocole de l'ISO 6579-2002. Au 21^e jour, des échantillons de 3 g de fèces ont également fait l'objet d'analyse pour le dénombrement d'oeufs (ookystes) d'*Eimeria Tenella*, par la méthode de Mac Master. Les résultats des différentes analyses montrent une efficacité de l'extrait éthanolique de la plante *Kalanchoe crenata* sur *Salmonella* au niveau des sujets du lot test, contrairement aux sujets du lot témoin. Cependant, un niveau d'infestation élevé (plus de 40 000) par *Eimeria Tenella* a été observé au niveau des deux lots. La dose de 4g/L de l'extrait éthanolique de la plante de *Kalanchoe crenata*, proposée pour l'élimination des parasites. Après 5 jours de traitement, l'extrait a montré son efficacité par une réduction de plus de 95 %. Quant au lot témoin, c'est l'anticoccidien (vetacox) qui a été utilisé. Une réduction de plus de 95 % des oeufs du même parasite a été observée. Au vu des résultats obtenus, ce présent travail permettrait d'envisager la perspective de l'utilisation de l'extrait de la plante *Kalanchoe crenata* issue de la pharmacopée ivoirienne, comme alternatif aux antibiotiques, pour lutter contre la salmonellose et la coccidiose dans le secteur avicole ivoirien

Mots clés : Résistance aux antibiotiques, *Kalanchoe crenata*, *Salmonella*, *Eimeria Tenella*, poulet de chair

Evaluation de la contamination microbienne des farines de mil (*Pennisetum glaucum*) vendues dans les marchés publics de Daloa (Côte d'Ivoire)

KOUASSI CLEMENT KOUASSI¹, Nanouman Marina Christelle ASSOHOUN-DJENI¹

¹Université Jean Lorougnon Guédé

Email : clemankoici@yahoo.fr

Résumé

La vente de la farine de mil est répandue dans les marchés publics de la ville de Daloa. Cette farine est utilisée dans les ménages pour la confection de divers mets. Cette étude avait a pour objectif d'évaluer le risque microbiologique de la farine de mil vendue dans les marchés publics de Daloa. Une enquête a été menée pour cerner les caractéristiques de la vente de cette farine dans les marchés publics. Elle révèle que la vente de la farine de mil est exclusivement exercée par des femmes majoritairement analphabètes (72 %). L'hygiène et l'environnement de la vente étaient inappropriés (79 %). Des caractéristiques physico-chimiques déterminées indiquaient que les teneurs en eau des farines variaient de 17 à 39 % et les pH oscillaient de 4,7 à 6,7. Des flores de contamination en certaines espèces bactériennes potentiellement pathogènes ont été retrouvées pour 15 échantillons de farine prélevés dans les 5 marchés publics que compte la ville de Daloa. Les analyses ont en effet indiqué que la farine de mil vendue dans les marchés est fortement contaminée par des microflores traduisant un déficit de bonnes pratiques d'hygiène, notamment les germes aérobies mésophiles, les levures et les moisissures, les entérobactéries, les coliformes fécaux et les streptocoques fécaux. Parmi ces germes les espèces *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus* et *Bacillus cereus* ont été identifiées. Les charges de tous les germes retrouvés étaient supérieures aux normes microbiologiques recommandées pour les farines. La farine de mil vendue sur les marchés représenterait ainsi un risque pour la population consommatrice.

Mots clés : Farine, Mil, *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, *Bacillus cereus*.

Plenary Keynote :Dr Sam Duodu

University of Ghana

Title: Bacterial infections and human health: opportunities for improved diagnostics

Abstract: Clinical data and research advances on infectious diseases, depicts bacterial infections and its predicament as one of the major challenges pestering humanity. The urge to combat this menace has brought into existence different treatment and diagnostic models. Current diagnostic methods may yield false and missed diagnosis, contributing to the global problem of antimicrobial resistance. More accurate, sensitive and reliable diagnostic methods with a point of care rapidity will be appropriate to inform better patient management. As diverse bacterial species are presently becoming humanly adaptable, there is the earnest opportunities to ensure that we modernize our current technology to cover these range of new emerging or re-emerging species, notwithstanding the cost effectiveness to facilitate its patronization for translational utility in our local settings. This talk will cover the most recent approaches for the accurate diagnosis and treatment of bacterial infections causing fever, a common illness associated with children visiting hospitals in many developing countries.

Caractérisation moléculaire des souches de *Bacillus cereus* isolées des patients présentant une bactériémie au Centre Hospitalier et Universitaire de Bouaké

Oby Zéphirin Wayoro¹, Klee Sikle², Juste Olivier Nekker Tadet¹, Susann Dupke², Chantal Akoua-Koffi¹

¹Centre Hospitalier et Universitaire (CHU) de Bouaké / Université Félix Houphouët Boigny (UFHB) de Cocody

²Robert Koch Institute, Centre for Biological Threats and Special75 Pathogens (ZBS2)

Email: obywayoro@gmail.com

Résumé

Bacillus cereus est un agent pathogène responsable de toxi-infection émétique et diarrhéique, souvent associée à des septicémies. Cependant, peu de données existent sur les gènes de virulence expliquant la pathogénicité de cette bactérie en Côte d'Ivoire. L'objectif de cette étude était de décrire les profils génotypiques de souches de *B. cereus* isolé chez des patients hospitalisés ou vus en consultation du CHU de Bouaké. Matériel et méthodes : Il s'agissait d'une étude transversale réalisée de juillet 2019 à août 2021. Elle a porté sur les souches de *B. cereus* isolées des hémocultures. Les échantillons ont été analysés selon les techniques bactériologiques classiques et moléculaires. Le typage des séquences multilocus (MLST) et la détection des gènes de virulence du groupe *panC* ont été réalisés à partir des séquences du génome entier des isolats. Résultats : Sur 209 hémocultures analysées, 49 souches de *B. cereus* ont été isolées et identifiées. Les taux de résistance aux antibiotiques les plus élevés ont été observés avec la pénicilline G (100%) et le céftriaxone (85,71%). Le typage MLST des isolats de *B. cereus* a généré 17 profils alléliques ST-1246, ST-2149, ST-2153, ST-1074, ST-2334, ST-19, ST-177, ST-179, ST-76, ST-75, ST-2486, ST-422, ST-1311, ST-1597, ST-1620, ST-2187, ST-2188 avec deux complexes clonaux CC ST-142 et CC ST-365. Sur un total de 40 gènes de virulence du groupe *panC* recherchés, 20 gènes ont été détectés et 13 gènes ont été identifiés dans l'ensemble des isolats. Les gènes *nheABC*, *cerAB*, *inhA1A2*, *hblABCD*, *nprAB*, *clo*, *hlyII*, *bla1*, *bla2*, *plcA*, *entFM*, *cytk-2*, étaient les plus détectés dans les isolats. Les séquences du gène *panC* ont révélé que les isolats appartenait aux groupes phylogénétiques III et IV. Conclusion : La caractérisation de *B. cereus* pose problème dans les laboratoires cliniques qui les considèrent comme des contaminants d'origine alimentaire et /ou environnementale. Cependant, les résultats de cette étude permettront d'alerter les cliniciens sur la menace émergente que peut représenter l'infection à *B. cereus* en milieu hospitalier

Mots clés : *Bacillus cereus*, Génotypage, Virulence, Bouaké, Côte d'Ivoire

Mécanisme de régulation de l'activateur de transcription ManR chez *Listeria monocytogenes*

Zebre Arthur Constant¹, Eliane Milohanic², Moussan Francine Aké³, Rose Koffi-Nevry³, Josef Deutscher⁴

¹Université Jean Lorougnon Guédé/Département de Biochimie-Microbiologie, Laboratoire d'Agrovalorisation

²INRAE/Laboratoire de Microbiologie de l'Alimentation au Service de la Santé Humaine, UMR1319, Jouy en Josas, France

³Université Nangui Abrogoua, Laboratoire de Biotechnologie et Microbiologie des Aliments

⁴INRAE/Laboratoire Microbiologie de l'Alimentation au Service de la Santé Humaine, UMR1319

Email : zebre.arthur@gmail.com

Résumé

Listeria monocytogenes est un bacille Gram positif responsable d'intoxication alimentaire. Chez cette bactérie, l'expression des gènes de virulence est fortement réprimée en présence de glucose contrairement au glycérol. Le glucose est transporté principalement chez cette bactérie par le système phosphoénol pyruvate phosphotransferase (PTS). Il a été montré que *L. monocytogenes* transporte le glucose par deux PTS : le PTSMpo et le PTSMan, codés respectivement par les opérons mpo et man. Le PTSMan, le système principal de transport du glucose est contrôlé par l'activateur de transcription ManR appartenant à la famille des LevR-like. L'un des composants du PTSMpo est nécessaire à l'activation du ManR. L'objectif du présent travail était de monter comment est régulé l'activateur transcriptionnel ManR. Au terme de cette étude, il ressort tout d'abord que le régulateur ManR possède trois histidines conservées qui sont : l'histidine 506 située dans le PRD1, l'histidine 585 située dans le domaine EIIMan et l'histidine 871 située dans le PRD2. Deux de ces trois histidines, sont phosphorylées par les protéines du PTS. L'histidine 585 est phosphorylée par l'enzyme I (EI) et la histidine-containing protein (HPr). L'histidine 506, bien qu'elle ne soit pas phosphorylée par les protéines du PTS, joue un rôle important dans la régulation de ManR. Sa substitution par une alanine, tout comme celle de l'histidine 585 entraîne une inhibition de l'expression de l'opéron manLMN. Quant à l'histidine 871, elle est phosphorylée par l'EIIMpo. Cette seconde phosphorylation a lieu en absence de l'inducteur et inhibe le régulateur. L'histidine 871 est donc le site d'inactivation de ManR. Sa substitution par une alanine entraîne une expression constitutive de l'opéron manLMN. L'EIIMpo, en plus d'inactiver le régulateur ManR par phosphorylation en absence de l'inducteur, participe aussi à son activation en interagissant en forme non-phosphorylée avec les domaines fusionnés EIIGat-PRD2 du régulateur ManR. Le régulateur ManR est doublement contrôlé par l'EIIMpo. En présence de l'inducteur l'une des histidines (H585) est déphosphorylée et le P~EIIMpo transfère le phosphate au sucre entrant dans la cellule. Ensuite le composant EIIMpo sous forme déphosphorylée interagit avec ManR. Cette interaction est nécessaire à l'activation de ManR.

Mots clés : *Listeria*, Virulence, gènes, ManR, PTS

***Mycobacterium tuberculosis* infection is associated with ZINC deficiency in multidrug-resistant pulmonary tuberculosis (MDR-TB)**

Lydie Boyvin¹, Gnogbo Alexis Bahi¹, Jean-Luc N'Guessan², Guillaume Yaye³, Allico Joseph Djaman¹

¹Institut Pasteur, Côte d'Ivoire

²UFR Biosciences/ Université Félix Houphouët Boigny

³Université Jean Lorougnon Guédé

Email : ydieboyvin@gmail.com

Abstract

In Côte d'Ivoire, multidrug-resistant tuberculosis (MDR-TB) is a serious public health problem with a prevalence estimated at 9% in 2018. Zinc and copper are essential trace elements needed to strengthen the immune system and also useful in the fight against tuberculosis. The Cu / Zn ratio is a good indicator of oxidative stress. The principal aim of this study was to evaluate the serum concentration of some trace elements and determine the Cu / Zn ratio in patients with multidrug resistant pulmonary tuberculosis (MDR-TB) before and after second line treatment of TB. Methods: Blood samples were obtained from 100 MDR-TB patients after confirmation of their status through the microscopic and molecular diagnosis of resistance to Isoniazid and Rifampicin by GeneXpert. The concentration level of zinc and copper were determined using flame air / acetylene atomic absorption spectrometer (AAS) type Varian SpectrAA-20 (Victoria, Australia). Results: A significant decrease in zinc levels ($p < 0.05$) and an increased Cu / Zn ratio ($p < 0.05$) was observed in MDR-TB patients when compared to TB free controls. During treatment, a significant reduction in Cu / Zn ratio ($p < 0.05$) was observed when compared to the initial result. Conclusion : The decrease in serum zinc level and the high Cu / Zn ratio could explain the immune system dysfunction and the high level of oxidative stress in patients with MDR-TB. Therefore the evaluation of the zinc and copper status could represent essential parameters in monitoring of TB second line treatment for better treatment management.

Keywords : Abidjan, Trace elements, Cu/Zn Ratio, MDR-TB, Second-line anti-TB drug

Diversité des plasmides hébergés par les entérobactéries d'origine humaine productrices de bêta-lactamases à spectre élargi

Mohamed Baguy Ouattara¹

¹Institut Pasteur de Côte d'Ivoire, Département de Bactériologie et de Virologie, Centre National de Référence des Antibiotiques

Email : mohamedbaguy@yahoo.fr

Résumé

La résistance des entérobactéries aux antibiotiques est en constante évolution. Les plasmides jouent un rôle majeur dans le transfert horizontal des gènes de résistance entre différents genres et espèces. L'identification des caractéristiques des plasmides et leur présence chez différents hôtes bactériens fournissent des connaissances cruciales qui sont essentielles pour comprendre la contribution et l'implication des plasmides dans la transmission des déterminants de la résistance. L'objectif de cette étude était de déterminer certaines caractéristiques telles que la taille et le nombre des plasmides présents chez les entérobactéries multirésistantes. 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 d'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. Quatre-vingt-quinze pour cent (95 %) des souches d'*Escherichia coli* issues de la plupart des services avaient le phénotype BLSE FQ et hébergeaient un ou deux plasmides de tailles moyennes comprises entre 750 et 1000 pb. Toutes les souches hébergeaient au moins un plasmide dont la taille était comprise entre 1200 et 1500 pb. 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

Importance de la RT-PCR dans la confirmation des cas cliniques de lèpre paucibacillaire

Aby Christiane Amon¹, Bahou Roger Dehe¹, Henri Kouakou²

¹Institut Pasteur Côte d'Ivoire

² Institut Raoul Follereau

Email: abychristiane@gmail.com

Résumé

La lèpre est une maladie infectieuse due à *Mycobacterium leprae* qui provoque des affections cutanées plus ou moins sévères avec atteinte nerveuse. Cette maladie constitue un problème de santé publique dans certains pays du monde. En Côte d'Ivoire, on observe une recrudescence des cas de lèpre de degré 2. Le diagnostic de la lèpre dans le pays est essentiellement basé sur l'examen microscopique qui permet de détecter les cas de lèpre multibacillaire (MB) mais qui détecte difficilement les formes paucibacillaires (PB). Ainsi, la PCR, plus sensible et plus spécifique que les méthodes conventionnelles pourrait être utilisée à défaut pour confirmer les cas d'infection à *M. leprae* quand l'examen microscopique est négatif. Cette étude visait à montrer l'efficacité de la PCR en temps réel (qPCR) dans la confirmation des cas cliniques de lèpre chez les patients PB. Méthodes : Cette étude a été réalisée sur 30 patients cliniquement suspects de lèpre. L'examen microscopique a été réalisé sur tous les échantillons et a permis de classer les patients selon les formes pauci- et multibacillaires. Pour les analyses de biologie moléculaire, l'extraction de l'ADN de *M. leprae* a été réalisée avec le kit Qiagen (QIAamp® 51306), et la détection de *M. leprae* a été réalisée par qPCR sur Quantstudio5 (thermofisher), ciblant les séquences répétées de type RLEP. Résultats: L'examen microscopique a permis de déceler 20 patients PB dont la microscopie n'a pas pu révéler de BAAR et 10 patients MB avec un index bacilloscopique variant de 1+ à 4+. Soixante (60)% des patients PB à microscopie négative et tous les patients MB étaient positifs en qPCR. Conclusion : Le test qPCR a permis la détection de *M. leprae* chez des patients PB à microscopie négative. Ce test pourrait être une alternative au diagnostic microscopique pour la confirmation des cas de lèpre PB.

Mots clés : *M. leprae*, PCR, RLEP, Lèpre paucibacillaire

***Klebsiella pneumoniae* productrice de Bêta-Lactamases à Spectre Elargi (Kpn-BLSE) dans les septicémies et bactériémies néonatales : prévalence et profil de résistance aux autres antibiotiques**

Sidjè Arlette Afran^{1,2}, Gbonon Valérie Carole M'Bengue¹, Assanvo Simon-Pierre N'Guetta², Nathalie Guessennd¹

¹Institut Pasteur, Côte d'Ivoire

²Université Félix Houphouët Boigny

Email : sidjearletteafran05@gmail.com

Résumé

Klebsiella pneumoniae est l'une des causes les plus fréquentes de septicémies. Sa multirésistance caractérisée principalement par la production de Bêta-Lactamases à Spectre Elargi (BLSE) est associée à de forts taux de mortalité et de morbidité liés aux difficultés thérapeutiques. C'est dans le cadre de la surveillance des bactéries multirésistantes (BMR) que la prévalence des souches de *K. pneumoniae* productrices de BLSE et leurs taux de résistance vis-à-vis des antibiotiques ont été déterminés. Matériel et méthodes : Les nouveau-nés hospitalisés dans les Centres Hospitaliers et Universitaires (CHU) de Cocody et de Treichville et présentant une suspicion de bactériémie ou de septicémie d'origine bactérienne ont été inclus dans cette étude. Les prélèvements de sang ont été collectés en vue de la réalisation d'hémocultures sur une période de 10 mois (de septembre 2020 à juin 2021). Les méthodes bactériologiques classiques ont été utilisées et l'antibiogramme effectué selon les recommandations du référentiel EUCAST/CASFM, versions 2020 et 2021. Résultats : Sur un total de 150 hémocultures réalisées, 70 ont été positives parmi lesquelles 22,8% (16/70) à *K. pneumoniae*. La prévalence des souches de Kpn-BLSE parmi les isolats a été de 56,2% (9/16). Ces souches BLSE présentaient un niveau de résistance de 14,3% (1/7) à l'imipénème et de 16,7% (1/6) à l'amikacine. Conclusion : La résistance aux antibiotiques peut mener à une véritable impasse thérapeutique particulièrement avec ce type de mécanisme (BLSE) car souvent associé à d'autres mécanismes de résistance rendant ainsi les souches multirésistantes.

Mots clés : *Klebsiella pneumoniae*, BLSE, Infections néonatales

Détection rapide par LAMP-PCR de *Treponema pallidum ssp. pertenue* et de *Haemophilus ducreyi* responsables d'ulcérations de type pian chez les enfants en milieu rural, Côte d'Ivoire

Sylvie Mireille Kouamé-Sina¹, Solange N'Gazoa Kakou¹, Aboubacar Sylla¹, Aboh Hugues Kouadio², Becca L. Handley³

¹Institut Pasteur de Côte d'Ivoire

²Programme National d'Élimination de la Trypanosomiase Humaine Africaine

³Faculty of Infectious Diseases, London School of Hygiene & Tropical Medicine, London, United Kingdom

Email: kouamesylviemireille@yahoo.fr

Résumé

Le pian est une Maladie Tropicale Négligée (MTN) causée par *Treponema pallidum subsp. pertenue*. Elle touche majoritairement les enfants entre 2 et 15 ans et se manifeste par des ulcères cutanés chroniques indolores, évoluant vers la destruction des os et des tissus mous. Son éradication voulue par l'OMS d'ici 2030 est rendu difficile par le manque de méthodes de diagnostic rapides et précis. C'est ainsi qu'un test d'amplification isotherme à médiation en boucle (TPHD-LAMP) permettant la détection simultanée de *T. pallidum* (TP) et *Haemophilus ducreyi* (HD), agents causant le pian, a été développé par Becherer *et al.* (2020). En Côte d'Ivoire, certaines régions sont endémiques pour l'ulcère de Burili et la lèpre. Par contre pour le pian, les données sont peu disponibles. L'objectif de ce projet était de contribuer à la lutte contre le pian en évaluant le test rapide TPHD-LAMP associé à la sérologie comme outil de diagnostic utilisable par les programmes de surveillance et d'éradication des MTNs. Quatre districts sanitaires ont été choisis suivant les recommandations du PNLUB depuis avril 2021. Il s'agissait des districts sanitaires de Yamoussoukro, Divo, Tiassalé et Daloa. L'étude s'est déroulée en 5 étapes : (i) l'identification des communautés potentiellement endémiques ; (ii) la formation des agents de santé communautaires et des techniciens de laboratoire ; (iii) le recrutement des participants et le prélèvement d'échantillons ; (iv) l'analyse des échantillons au laboratoire des districts ; et (v) le traitement des données. Lors des campagnes, 338 enfants présentant des ulcères de type pian ont été recrutés dans les villages et les écoles. Quatre-vingt-sept enfants ont été testés positifs aux deux tests sérologiques SD Bioline et DPP. L'analyse des écouvillons d'ulcérations par le test TPHD-LAMP a permis la détection rapide de *T. pallidum subsp. pertenue* et de *H. ducreyi*. Ces microorganismes responsables du pian circulaient dans les districts sanitaires, le plus touché étant celui de Tiassalé. La détection des cas de pian dans ces communautés rurales a été suivie de campagnes de traitement de masse à l'Azithromycine par le PNLUB et permis une belle avancée dans l'objectif d'éradication du Pian en Côte d'Ivoire.

Mots clés : Pian, LAMP, *Treponema pallidum*, MTN, Côte d'Ivoire

Micro-organismes chez les patients atteints d'infections respiratoires aiguës à Bamako, Mali

Zichun Xiang¹, Abdoul Karim Sangare², Bourema Kouriba³

¹NHC Key Laboratory of Systems Biology of Pathogens and Christophe Mérieux Laboratory, IPB, CAMS-Fondation Mérieux, Institute of Pathogen Biology

²Centre d'Infectiologie Charles Mérieux, Bamako BP E 2283, Mali

Email : abdoul.sangare@cicm-mali.org

Résumés

Les infections aiguës des voies respiratoires (IRAs) sont la deuxième cause de consultation au Mali. Cependant, peu d'études ont démontré l'association des micro-organismes avec la pneumonie chez les enfants de moins de 5 ans. Cette étude avait pour objectif de décrire pour la première fois le spectre des microorganismes associés aux IRAs dans toutes les tranches d'âge au Mali. Méthodologie : 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'une polymérase chain réaction multiplexe en temps réel (qPCR). Les taux de positivité dans les différents sous-groupes ont été comparés à l'aide du test du chi carré (test du χ^2). Les valeurs de $p < 0,05$ ont été considérées comme statistiquement significatives. Résultats : Au total, 600 patients ont été enrôlés, dont 512 (85,3 %) 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 %). Parmi les échantillons positifs pour *S. pneumoniae*, 182 ont été typés en 18 sérotypes, le sérotype 11A/11D étant prédominant. 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. Des co-détectations virus-bactéries ont été trouvées dans 291 échantillons (48,5%). Conclusion : *S. pneumoniae* et les entérovirus étaient les bactéries et les virus les plus fréquemment détectés chez les patients maliens atteints d'IRAs. Un sérotype non PCV13, le 11A/11D, était le premier sérotype de *S. pneumoniae* détecté au Mali, nécessitant la prise de mesures appropriées. >En tenant compte du taux de détection de *S. pneumoniae* et des principaux sérotypes prévalents, l'administration systématique du PCV13 en série avec le PPSV23 serait la bonne stratégie au Mali.

Mots clés : *Streptococcus pneumoniae*, Infections respiratoires, Mali

Bioinformatic assisted discovery of novel antimicrobial candidates from natural peptide sources

Kemoagna Anne Rebecca¹, Ediman Theodore Anicet Ebou², Ameyoh Yayra Audrey Addablah¹, Dominique Kadio Koua², Solange Kakou Ngazoa¹

¹Institut Pasteur de Côte d'Ivoire

²Institut National Polytechnique Félix Houphouet Boigny

Email : anne.kemoagna@gmail.com

Abstract:

Antibiotic-resistant bacterial infections are now considered a leading cause of death worldwide. Indeed, an estimated 1.2 million people died in 2019 from multidrug-resistant bacteria. It is therefore urgent to design novel therapeutics that can efficiently control multidrug-resistant bacteria. Animal venoms from scorpions, spiders, or snakes are a large source of biochemically active compounds like antimicrobial peptides. For example, the investigation of scorpion venom led to the discovery of Hadrurin, Scorpine, Vejovine, StCT2, Pandinin 1, and Pandinin 2, which are effective antimicrobial peptides. Similar studies also found antimicrobial peptides in snakes, spiders, bees, ants, centipedes, lugworms, wasps, and cuttlefish. All these studies have been possible through the advent of new sequencing technologies and higher computational capacities. Here we propose a full pipeline from sample to candidate peptide using transcriptomics and proteomics both coupled with bioinformatics. The proposed pipeline is based on the current state of the art analytical methods applied to crude or milked venom. We also discuss how antibacterial activity assay can be implemented for fostering antimicrobial peptides. Moreover, an innovative profile Hidden Markov model-based approach to annotate transcriptomes is applied in this pipeline. This pipeline, will help is handy and should speed up the discovery of potentially active antimicrobial peptides.

Keywords : Antimicrobial peptides, Bioinformatics, Analysis pipeline

Détection et caractérisation des entérobactéries productrices de beta lactamase à spectre étendu isolées d'infection humaine au CHU d'Angré en 2020

Yeperi Marina Coulibaly-Diallo¹, Ivanne Alexia Dechy Yapi¹, Sarahtou Mariana Kamara¹, Gninnissemet Armel Joel Bahan¹, Aristide Berenger Ako²

¹Service de Biologie Médicale, CHU Angré

²UFR Sciences Médicales, Université Félix Houphouët Boigny

Résumé

L'usage croissant des antibiotiques est à l'origine de l'émergence des bactéries résistantes dont les entérobactéries productrices de beta lactamases à spectre étendu. L'objectif de cette étude était de détecter les principaux gènes de résistances chez les entérobactéries productrices de beta-lactamases à spectre étendu (EBLSE) isolées au CHU d'Angré. Matériel et Méthodes : Il s'agit d'une étude transversale effectuée d'Août à Décembre 2020 au service de biologie médicale du CHU d'Angré. Elle a porté sur les souches d'entérobactéries provenant de divers produits biologiques issus de malades hospitalisés et ambulatoires. L'identification s'est faite selon les techniques bactériologiques standards. La détection des souches productrices beta lactamase s'est fait d'une part à l'aide des méthodes phénotypiques, et d'autre part grâce à l'automate VITEK[®]2 Compact (bioMérieux). Une caractérisation moléculaire a été effectuée par la détection des gènes de résistance aux beta-lactamines TEM, SHV et CTX-M. Résultats : Sur 111 souches d'entérobactéries isolées, 36 étaient productrices de bêta-lactamases soit une prévalence de 32,43%. *Escherichia coli* était l'espèce majoritaire (58%) suivi de *Klebsiella pneumoniae* (22%). Les isolats provenaient surtout des urines et des pus dans respectivement 36% et 33% des cas. Les EBLSE présentaient des résistances associées à d'autres familles d'antibiotiques. Ainsi, 77% avaient une résistance associée aux sulfamides, 70% aux aminosides et 88% aux fluoroquinolones. Par ailleurs les bactéries multi-résistantes (BMR) représentaient près de 86% des isolats. Le gène TEM était présent chez 11,42% des isolats notamment chez *E. coli* et *K. pneumoniae*. Les gènes SHV et CTX-M n'ont pas été détectés. Conclusion : Bien que la fréquence du gène TEM détecté soit relativement faible, il apparaît important de poursuivre la caractérisation génotypique des isolats de BLSE.

Mots clés : Entérobactéries, BLSE, gène TEM, Abidjan.

Etiologies et niveau de résistance aux antibiotiques des bactéries des infections du site opératoire (ISO) au service de chirurgie orthopédique et traumatologie du CHU d'Angré

Syndou Meité^{1,2}, Mohamed Tohe³, Alexia Yapi⁴, Alidou Traoré^{1,5}, N'Douba Adèle Kacou^{1,4}

¹UFR Sciences Médicales, Université Félix Houphouet Boigny

²Institut Pasteur de Côte d'Ivoire

³Service de chirurgie orthopédique et traumatologie du CHU d'Angré

⁴Laboratoire bactériologie virologie CHU d'Angré

⁵Service de chirurgie orthopédique et traumatologie du CHU d'Angré

Email : meitesynd@yahoo.fr

Résumé

Les bactéries sont les premières causes des infections du site opératoire (ISO). Ces infections en chirurgie constituent aujourd'hui une préoccupation constante dans la pratique hospitalière. Ces ISO sont des complications infectieuses postopératoires relativement graves. L'implication de plus en plus croissante de bactéries résistantes aux antibiotiques complique la prise en charge des ISO en milieu hospitalier. Objectifs : identifier les bactéries responsables des ISO et déterminer leur profil de résistance aux antibiotiques. Une veille microbiologique post-opératoire pendant un an de 187 patients a été réalisée. Les données épidémiologiques et cliniques ont été collectées. Trente-deux (32) prélèvements de suppurations ont été effectués chez les patients présentant une ISO. Les méthodes de bactériologie classique ont été utilisées pour l'analyse des pus et l'étude de la sensibilité des germes aux antibiotiques a été faite par la méthode de diffusion en milieu gélosé. Résultats La proportion de patients ayant une ISO était de 23%. Le sex-ratio (H/F) était de 3 et l'âge moyen des patients présentant une ISO était de 42,63 ans avec des extrêmes de 18 ans et 86 ans. Il a été observé que 65,6% des sujets avaient une fracture ouverte et 78% ont bénéficié d'une chirurgie dans un contexte de contamination du site de fracture. Par ailleurs, 79,1% avaient un score ASA de 1. Au plan bactériologique, 97% des cultures étaient positives et 51,1% des germes étaient des entérobactéries avec 36,9% des bactéries de groupe KES et 14,2% d'*Escherichia coli*. Les cocci Gram positif (28,7%) étaient essentiellement représentés par *Staphylococcus aureus*. *Pseudomonas aeruginosa* était retrouvé dans 20% des cas. En ce qui concerne la résistance aux antibiotiques, 27% des entérobactéries produisaient BLSE, 40% des souches de *S. aureus* étaient résistants à la méticilline (SARM) et 38% de celles de *P. aeruginosa* étaient résistantes aux carbapénèmes. Conclusion : *K pneumoniae*, *E coli*, *E cloacae*, *P aeruginosa* et *S. aureus* multirésistantes aux antibiotiques constituaient les étiologies principales des ISO. Les fractures ouvertes et la chirurgie sale sont des facteurs favorisant la survenu des ISO.

Mots clés : Infection du site opératoire, Bactéries multirésistantes, Antibiotiques

Etude de la résistance aux antimicrobiens dans les infections associées aux soins au service de réanimation du centre hospitalier universitaire (CHU) du point G:

Judicaël Ouedraogo¹

¹Centre d' infectiologie Charles Mérieux-Mali

Email : judicael.ouedraogo@cicm-mali.org

Résumé

Selon plusieurs études, les infections associées aux soins constituent l'une des principales causes de mortalité et de morbidité chez les malades hospitalisés. Ces infections sont principalement causées par des germes multi-résistants aux antimicrobiens. Le but de l'étude était d'évaluer la prévalence de ces infections et étudier la résistance aux antimicrobiens des bactéries et fongiques responsables. Matériel et méthodes : Une étude prospective a été conduite de septembre 2020 à juin 2021 dans le service de réanimation du CHU Point G. Les pathogènes ont été isolés à partir des prélèvements effectués chez les patients hospitalisés, sur le matériel médical et les mains du personnel par la méthode de bactériologie classique au Laboratoire Rodolphe Mérieux (LRM). L'identification et les tests de sensibilité aux antibiotiques ont été réalisés sur le Vitek 2 compact (bioMérieux). Des souches ATCC ont été utilisées pour les contrôles de qualité interne. Résultats : Sur 218 patients hospitalisés en réanimation, 47 patients ont développé une infection nosocomiale soit une prévalence de 21,5%. Les types d'infections étaient les bactériémies (48,4%), les infections urinaires (40,6%), les pneumopathies (15,6%), les Infections liées aux cathéters (4,6%) et les escarres (1,5%). Au total 114 souches pathogènes ont été isolées parmi lesquelles 59% de bacilles Gram négatif (BGN : *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*) ; 17% des cocci Gram positif (*Enterococcus spp*, staphylocoques à coagulase négative) et 24% de levures (*Candida spp*). Dans l'environnement il a été isolé des BGN (63,3%), et des champignons (23,3%). (*Aspergillus niger*). Dans les prélèvements de mains 66,6% étaient présents des BGN. Au total, 79% des bactéries isolées chez les patients étaient multirésistantes (BMR) dont 31,88% productrices de bêta-lactamases à spectre étendu (BLSE). Les staphylocoques à coagulase négatifs présentaient un fort taux de résistance aux différentes classes d'antibiotiques testés. Parmi les agents fongiques *Candida albicans* présentait des taux de résistance de 18%, 9% et 9% vis-à-vis respectivement du Fluconazole , de la Caspofongine et de l'Amphotéricine B. *Candida glabrata* présentait 100% de taux de résistance au Voriconazole et à la Caspofongine. Conclusion : Les infections associées aux soins étaient fréquentes chez les patients hospitalisés dans le service de réanimation du CHU Point G avec une présence des pathogènes dans l'environnement et les mains des soignants. Ces pathogènes présentaient des forts taux de résistance aux antibiotiques testés.

Mots clés : Infections, Résistance, Antibiotique, Réanimation, CHU-Point G

SUPPORT GENETIQUE DE LA RÉSISTANCE A LA CEFTAZIDIME DE SOUCHES DE *PSEUDOMONAS AERUGINOSA* ISOLEES DE 2018 A 2020 A ABIDJAN

Konan Bertin TIEKOURA¹

¹Institut Pasteur, Côte d'Ivoire

Email : konantiekoura@yahoo.fr

Résumé

Pseudomonas aeruginosa est une bactérie pathogène opportuniste. La sévérité des infections liées à cette bactérie est due à sa capacité d'acquérir de nombreux mécanismes de résistance. Plusieurs antibiotiques anti-pyocyaniques (XXXXXX) sont utilisés en thérapeutique dont les β -lactamines. Au sein de ce groupe d'antibactériens, une place de choix est faite à la ceftazidime. L'objectif de ce travail a été de rechercher la présence des gènes blaTEM et blaSHV, responsables de la résistance à la ceftazidime chez des souches de *P. aeruginosa* d'origine clinique à Abidjan. Méthodologie : Il s'agit d'une étude rétrospective et transversale portant sur l'exploitation des données émanant des antibiogrammes réalisés de Janvier 2018 à Juillet 2020 et sur la recherche des gènes de résistance aux β -lactamines blaTEM et blaSHV chez des *P. aeruginosa* résistants à la ceftazidime collectés au cours de la même période. Résultats : L'âge moyen des sujets atteints d'infection pyocyanique était de 36 ans avec une nette prédominance masculine. Le taux de résistance de *Pseudomonas* à la ceftazidime a été de 12,39%. La recherche moléculaire des gènes d'intérêt a concerné 12 souches de *Pseudomonas aeruginosa* résistant à la ceftazidime. Au total 58,33% de *P. aeruginosa* portaient le gène blaTEM et 16,67% le gène blaSHV. Conclusion : Le gène blaTEM codant pour une β -lactamase est majoritaire par rapport au gènes blaSHV. *P. aeruginosa* peut-être un réservoir caché de β -lactamases à spectre élargi. Il est donc indispensable d'avoir une surveillance rigoureuse aussi bien phénotypique que moléculaire des *P. aeruginosa* circulant en Côte d'Ivoire à travers la recherche et le séquençage des gènes blaTEM et blaSHV responsables de la de résistance aux antibiotiques chez cette bactérie. **Mots clés** : *Pseudomonas aeruginosa*, β -lactamines, ceftazidime, gènes de résistance

Impact de la diversité génétique des souches uropathogènes d'*Escherichia coli* et de *Klebsiella pneumoniae* sur la dissémination des gènes de résistance aux bêtalactamines à spectre étendu en Côte d'Ivoire

Allépo Innocent ABE^{1,2}, Flora YAO², Mathurin KOFFI², Paulin Didier SOKOURI¹, Konan Thomas KONAN²

¹Université Félix Houphouët-Boigny, UFR Biosciences, Laboratoire de génétique, 22 BP 582 Abidjan 22, Côte d'Ivoire

²Université Jean Lorougnon Guédé, Daloa, Côte d'Ivoire

Email : allepoabe@gmail.com

Résumé

L'augmentation et la propagation de la résistance bactérienne aux antibiotiques β -lactamines à spectre étendu (BLSE) sont signalées dans de nombreuses infections dans nos hôpitaux et constituent un véritable problème de santé publique dans le monde. La pression médicamenteuse qui s'observe à travers les prescriptions empiriques et probabilistes des antibiotiques ainsi que leur utilisation inappropriée corrélient l'émergence d'une population de bactéries mieux adaptées. Cette pression induite des antibiotiques ainsi que la valeur adaptative des bactéries laissent entrevoir des profils de résistance très variables entre les souches d'une même espèce bactérienne qui émanent de la diversité génétique évolutive des souches. Cette étude visait à évaluer la diversité génétique des souches d'*Escherichia coli* et de *Klebsiella pneumoniae* circulant à l'hôpital HKB d'Abobo et au centre hospitalier régional de Daloa (CHR-D) et son impact sur la dissémination des gènes de résistance aux β -lactamines à spectre étendu. Pour ce faire, un total de 39 souches isolées d'urine de patients infectés, dont 30 souches d'*E. coli* et 9 souches de *K. pneumoniae* ont été étudiées. À partir d'extraits d'ADN génomique, les gènes de résistance aux BLSE ont été amplifiés par PCR puis séquencés, en plus du typage génétique par ERIC-PCR. Les données brutes obtenues ont été soumises à des analyses génétiques et bioinformatiques. Les résultats ont révélé la présence des variants TEM-1, TEM-9 et CTX-M-15 codant pour la résistance aux BLSE. Des co-expressions des variants TEM-9 et CTX-M-15 ont été observées chez deux isolats provenant de l'hôpital HKB d'Abobo. Une diversité génétique importante a été démontrée chez *E. coli* et *K. pneumoniae* avec des indices de diversité de Simpson (SID) allant de 0,5 à 0,77. La structure génétique des espèces bactériennes étudiées a montré une distribution clonale des souches avec des clones exprimant les variants TEM-9 et CTX-M-15. Cette structure clonale a été corrélée positivement avec la propagation des gènes de résistance chez *E. coli* et *K. pneumoniae*. La propagation de clones résistants est un facteur qui pourrait limiter la lutte contre la résistance aux antibiotiques.

Mots clés : *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, BLSE, Antibiorésistance, Diversité génétique

PORTAGE DIGESTIF DES BACTERIES MULTIRESISTANTES CHEZ LES PATIENTS NEUTROPENIQUES SUIVIS AU CENTRE NATIONAL D'ONCOLOGIE ET DE RADIOTHERAPIE ALASSANE OUATTARA (CNRAO) DE COTE D'IVOIRE EN 2021

GNALEGUE RACHELLE GNEGOURI¹

¹CENTRE NATIONAL D'ONCOLOGIE ET DE RADIOTHERAPIE ALASSANE OUATTARA DE COTE D'IVOIRE

Email : rnegouri@gmail.com

Résumé

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. L'un des effets secondaires de la chimiothérapie anticancéreuse est la toxicité hématologique aboutissant à la neutropénie, dont la sévérité et la durée conditionnent la gravité de l'infection. L'objectif de la présente étude était de détecter les BMR notamment les entérobactéries productrices de beta lactamase à spectre élargi (EBLSE) et entérocoques résistants à la vancomycine (ERV) chez les patients neutropéniques. Méthodes : Cette étude transversale, a été réalisée au laboratoire médical du CNRAO de Novembre à Décembre 2021. Les patients inclus, étaient ceux suivis au CNRAO, présentant une neutropénie et ayant consenti à participer à l'étude. La recherche des EBLSE et ERV s'est faite à partir de prélèvements de selles et l'identification selon la méthode phénotypique par la technique de diffusion en milieu gélosé. L'identification des EBLSE s'est faite par le test de synergie sur une gélose Mueller Hinton avec des disques d'antibiotiques de céphalosporine de 3ème génération, Aztréonam, d'Imipénème placés à 15-20mm du disque d'amoxicilline-acide clavulanique. Celle des ERV s'est faite en mesurant la zone d'inhibition autour du disque de vancomycine sur gélose Mueller Hinton. Résultats : Les patients présentant une BMR étaient à 91,7% des femmes, âgées de 46 à 60 ans dans 75% des cas, porteuses de cancer du sein dans 50% des cas. La présence de BMR a été observée à tous les grades neutropéniques avec 41,7% pour le grade 2, et 33.3% pour le grade 3. Les patients présentant une neutropénie de grade 4 ont présenté à 100% une BMR. La prévalence des BMR était de 63% dont 37% pour EBLSE et 26% pour ERV. Les espèces des EBLSE étaient constituées de *Escherichia coli* (57%), *Enterobacter cloacae* (29%) et *Klebsiella pneumoniae* (14%). Les ERV étaient constitués à 100% de l'espèce *Enterococcus faecalis*. Conclusion : Cette étude a établi la circulation de BMR chez les patients du CNRAO. Le taux élevé de BMR suggère un dépistage systématique pour une meilleure prise en charge et une maîtrise de l'écosystème bactérien.

Mots clés : Portage digestif, Bactéries multi résistantes, Neutropénie, chimiothérapie.

Profil de résistance des germes isolés des produits biologiques chez des patients du laboratoire du CNRAO de Mars à Septembre 2022

COLOMBE LOHORE¹, RACHELLE GNEGOURI¹, ZIE COULIBALY¹, JOSIANE ACKAH¹, CHO CATHERINE BONI¹

¹LABORATOIRE DU CENTRE NATIONAL D'ONCOLOGIE ET DE RADIOTHERAPIE ALASSANE OUATTARA

bonicatc@yahoo.fr

Résumé

Les infections bactériennes sont des complications fréquentes chez les patients atteints de cancer. La chimiothérapie, la radiothérapie et l'utilisation abusive d'une antibiothérapie peuvent favoriser l'émergence de résistance bactérienne aux antibiotiques. Les infections causées par les bactéries multirésistantes (BMR) augmentent la morbidité et la mortalité. L'identification spécifique des germes par la réalisation de l'hémoculture et de l'examen cyto bactériologique des urines (ECBU) contribuent à optimiser le traitement des patients. L'objectif de ce travail est d'étudier le profil de résistance aux antibiotiques des bactéries isolées lors de l'ECBU réalisé au laboratoire du CNRAO. Méthodes : Il s'agissait d'une étude transversale descriptive de Mars à Septembre 2022, Les germes ont été identifiés par les méthodes conventionnelles et l'étude de la résistance aux antibiotiques a été réalisée par la méthode de diffusion en milieu gélosé. L'interprétation des résultats a été faite selon les directives du CA-SFM 2018. L'analyse des données s'est faite grâce aux logiciels Excel et Epi info. Résultats : Durant la période d'étude, 50 échantillons à analyser ont été reçus à l'unité de microbiologie du CNRAO, dont 49 provenaient des patients suivis au centre et un provenait d'un patient externe. Le sexe ratio était de 1,6 et l'âge moyen de 52,04 ans. Les prélèvements étaient répartis comme suit : 98 % (49/50) d'urine et 2% (1/50) d'écouvillonnage d'ulcération tumorale. Le taux de positivité des urines était de 47%. De plus, 37% (9/24) des urines avec culture positive avaient une leucocyturie non significative. Les BG- étaient isolés dans 75% des cas, avec majoritairement les entérobactéries dont *Escherichia coli* (7/17), *Klebsiella pneumoniae* (3/18) *Enterobacter cloacae* (2/17), *Proteus mirabilis* (1/17). Une seule souche d'*Enterobacter cloacae* a été isolée et était BMR. Les *E coli*, étaient des BMR (2/7), des BLSE (2/7), des céphalosporinases positives (2/7), des pénicillinases positives (1/7). Au total 50% des *Pseudomonas* spp. identifiés étaient des BLSE et BMR. La majorité des CG+ identifiés étaient des *Enterococcus* spp. résistants à la vancomycine (2/8), à la kanamicine et à la gentamicine (KTG 3 / 8). Les germes isolés des urines reçus à l'unité de microbiologie du CNRAO étaient majoritairement des BLSE et des BMR.

Mots clés : Bactéries, résistance aux antibiotiques, cancer, ECBU

Antibiorésistance aux aminoglycosides testés chez des souches d'*Escherichia coli* isolées des patients souffrant d'infection des voies urinaires

Kouadio Fernique KONAN¹

¹Institut Pasteur de Côte d'Ivoire

Résumé

L'infection urinaire à *Escherichia coli* multirésistant est un problème majeur de santé publique qui impose la surveillance continue de ce type de bactérie. Ainsi cette étude porte sur les caractéristiques phénotypiques des souches d'*Escherichia coli* associées aux infections urinaires, afin de surveiller leur émergence à Abidjan, Côte d'Ivoire. Matériel et méthodes : Deux cent quatre-vingt-quatre (284) isolats non dupliqués d'*Escherichia coli* provenant de patients atteints d'infections urinaires ont été identifiés à l'aide du système API 20E (BioMérieux). Les profils de sensibilité aux antibiotiques ont été déterminés par la méthode de diffusion sur gélose Mueller-Hinton. L'expression phénotypique des bêta-lactamases à spectre élargi (BLSE) a été déterminée à l'aide de méthodes de synergie des disques. Résultats : Les isolats présentaient de faible taux de résistance aux aminosides dans l'ensemble. Cependant les taux de résistance ont été marqués avec la gentamicine (46,7%) et la tobramycine (55,7%). L'amikacine (19,4%) a montré une très bonne activité sur les souches d'*Escherichia coli* isolées. L'expression phénotypique des BLSE a été enregistrée pour 149 (52,5%) isolats. Discussion : Les infections des voies urinaires sont fréquentes aussi bien en milieu hospitalier que communautaire. Les données de cette étude montrent l'amikacine a une bonne activité sur les souches responsables de ces infections. La production d'enzymes révélée, inactivant les antibiotiques de la classe des bêta-lactames par *Escherichia coli* représente un phénomène longtemps considéré comme limité au milieu hospitalier Conclusion : L'étude indique que les patients atteints d'infection urinaire pourraient présenter un risque élevé de résistance aux antibiotiques, ce qui suggère une surveillance et un suivi réguliers des antibiotiques.

Mots clés : Aminosides, *Escherichia coli*, Antibiorésistance, Infection urinaire

Détection moléculaire des virus associés aux fièvres de causes indéterminées dans le centre et l'ouest de la Côte d'Ivoire

Abdoulaye Diarrassouba¹, Etilé Augustin Anoh¹, Adjaratou Traoré¹, Grit Schubert², Chantal Akoua-Koffi¹

¹UFR Sciences Médicales, Université Alassane Ouattara, BP 1174 Bouaké / Centre Hospitalier et Universitaire (CHU) de Bouaké, Laboratoire de Bactériologie

²Groupe de projet "Épidémiologie des micro-organismes hautement pathogènes", Robert Koch Institute, 13353 Berlin

Email : diarrassoubaabdoul@yahoo.fr

Résumé

La fièvre constitue l'une des principaux motifs de consultation en Afrique sub-saharienne, surtout chez les enfants de 0 à 5 ans. Une fièvre d'origine indéterminée est définie comme une fièvre supérieure à 38,3°C, persistant depuis 3 semaines et pour laquelle aucun diagnostic étiologique n'a pu être posé en milieu hospitalier. La présente étude avait pour objectif d'identifier les virus associés aux fièvres d'origine indéterminée dans le centre et l'ouest de la Côte d'Ivoire. Méthodologie: Il s'est agi d'une étude transversale, menée de janvier 2018 à décembre 2020 au Centre (CHU de Bouaké, CSU de Brobo) et à l'Ouest (CHR de Guiglo et CSU de Tai). Ont été inclus dans l'étude les patients présentant une fièvre d'origine indéterminée ($T \geq 38^{\circ}\text{C}$) avec un TDR et une goutte épaisse négatifs pour la paludisme et venus en consultation dans l'un des centres de santé retenus pour l'étude. Chez tous ces patients, un prélèvement de sang veineux a été réalisé en tube EDTA. Les échantillons collectés ont été acheminés au Laboratoire du CHU de Bouaké et analysés par RT-PCR multiplex pour la détection de divers virus. Sur les 2487 échantillons de sang de patients analysés, 253 (10,77%) étaient positifs à au moins un virus. Les principaux virus identifiés étaient : Epstein-Barr virus (42,06%), Hépatite-B virus (38,49%), Enterovirus (5,16%), Hépatite-A virus (3,17%), Adenovirus (2,78%), Flavivirus genre I (2,38%), Dengue virus (1,98%), Rabies virus (1,19%), Herpes simplex virus I (0,79%), Flavivirus genre II (0,40%), Crimean Congo Haemorrhagic fever (0,40%), Cytomegalovirus (0,40%), Herpes simplex virus II (0,40%). Les taux de détection des virus étaient de 73,51% au Centre (dont 62,05% au CHU-Bouaké et 11,50% au CSU-Brobo) et de 26,08% à l'Ouest (15,02% au CHR-Guiglo et 11,11% au CSU-Tai). Les patients des tranches d'âges de 0 à 5 ans et 21 à 45 ans étaient les plus touchés par les infections virales avec des taux de détection respectifs de 34,78% et 35,17%. Cette étude a permis d'identifier les principaux virus associés aux fièvres d'origine indéterminée dans le centre et l'ouest de la Côte d'Ivoire. La connaissance de ces agents pathogènes permettra une meilleure prise en charge, par les cliniciens des fièvres non palustres.

Mots clés : Virus, fièvre d'origine indéterminée, Côte d'Ivoire

Etude par séquençage haut débit des échantillons d'un patient chroniquement infecté par le virus de l'hépatite E traité par ribavirine

Caroline Melanie ADOMBI¹, Damir Garcia-Cehic², Josep Gregori², Josep Quer²

¹Université Gon Pelefero Coulibaly

²Liver Diseases-Viral Hepatitis, Liver Unit, Vall d'Hebron Institut de Recerca (VHIR), Vall d'Hebron Hospital Universitari, Vall d'Hebron Barcelone

Email : adombicar@yahoo.fr

Résumé

L'hépatite E causée par un virus, est une maladie infectieuse émergente et négligée affectant l'homme et de nombreuses espèces animales, principalement le porc. Le virus de l'hépatite E (VHE) est la principale cause d'hépatite aiguë et d'ictère chez les humains. Il se transmet par voie féco-orale et zoonotique ainsi que par les greffes d'organes, le sang et ses dérivés. L'infection par le VHE habituellement bénigne et asymptomatique est un problème clinique de plus en plus alarmant du fait qu'elle peut évoluer vers une hépatite chronique chez les personnes immunodéprimées, et entraîner une cirrhose. La ribavirine est actuellement la seule option de traitement. Malheureusement, le traitement s'avère plus long chez les patients fortement immunodéprimés chez lesquels un échec du traitement peut survenir. L'objectif de ce travail était l'étude de la persistance du VHE chez un patient chroniquement infecté à la suite de deux transplantations rénales et ayant rechuté après 3 doses de traitement à la ribavirine. Pour ce faire, des échantillons de sang et de selles collectés pendant le traitement et quantifiés par qPCR ont été soumis à deux amplifications par PCR. Les amplicons ont été purifiés pour préparer la librairie qui a été séquencée avec le MiSeq d'Illumina. Seuls les haplotypes filtrés à 1% et 0,1% ont été analysés. Le séquençage haut débit (NGS) a montré la présence de haplotypes rares avec des fréquences plus basses que 0,1 %. A la fin du traitement à 600 mg par jour, une augmentation de la charge des haplotypes rares a été observée. La ribavirine à 800 mg a permis la diminution de la charge virale tandis que la charge des haplotypes rares a augmenté. A l'arrêt du traitement, la charge des haplotypes rares a continué à augmenter. Le séquençage haut débit montre une augmentation significative du nombre de haplotypes rares à l'arrêt précoce du traitement à la ribavirine. Ces résultats préliminaires sont intéressants et doivent être approfondis afin de mettre en place une méthode par séquençage haut débit pour étudier l'échec du traitement par ribavirine chez les patients immunodéprimés chroniquement infectés par le VHE.

Mots clés : NGS, VHE, ribavirine, haplotypes rares

Développement des outils moléculaires de diagnostic en période pandémique en Côte d'Ivoire pour la surveillance du SARSCOV-2

Solange KAKOU-NGAZOA, Aboubacar Sylla, Safiatou Coulibaly, Albert Yavo, David Coulibaly Ngolo, Serge Aoussi, Mireille Dosso

Plateforme de Biologie Moléculaire, Institut Pasteur de Côte d'Ivoire, 01 BP 490 Abidjan 01, Côte d'Ivoire.

Corresponding author: Solange Kakou Ngazoa/ Email: ngazoa_solange@yahoo.fr

Résumé

L'épidémie mondiale à coronavirus 2 (sars-cov-2), responsable du syndrome respiratoire aigu sévère a conduit à une urgence sanitaire mondiale. Depuis 2020, la maladie à coronavirus (Covid-19) aurait infecté plus de 35 millions de personnes et causé plus d'un million de décès à travers le monde. Le sarscov-2 est un virus à ARN qui présente des taux d'évolution génétique élevés en raison de la réplication fréquente sujette aux erreurs. Les mutations de la protéine S du sarscov-2 ont été signalées et confèrent au virus une virulence et une transmission plus élevées. Le diagnostic des variants est préoccupant et nécessite du séquençage à haut débit. En Afrique, les outils pour le diagnostic des virus mutants du sarscov-2 font toujours défaut. Par ailleurs, les tests de diagnostic moléculaire permettent d'éclairer les stratégies de lutte et la gestion des vagues épidémiques. Dans le contexte africain, l'utilisation d'outils moléculaires est le seul moyen de détecter et d'améliorer la surveillance dans plusieurs pays. Ce projet a pour objectif d'évaluer l'ADN recombinant des quatre gènes majeurs du sarscov 2 pour la détection de ce virus. La biocollection des souches de la surveillance nationale a été utilisée pour la sélection des souches. La RT-PCR a permis l'amplification des marqueurs viraux de la Nucléoprotéine, de l'Enveloppe, de la Membrane et de la Spike. Les gènes ont été clonés dans des plasmides bactériens. La validation des plasmides contenant les marqueurs viraux a été faite en qPCR pour déterminer leur performance de contrôle positif. Les quatre gènes viraux du sarscov-2 sont positifs sur toutes les souches. Seuls les gènes conservés de l'Enveloppe, de la Nucléoprotéine et de la Membrane peuvent être utilisés pour le diagnostic de routine. Un fragment du gène Spike a été amplifié et peut servir à la détection de mutants du Sarscov2 en Côte d'Ivoire.

Keys words: SARSCOV-2, Détection, RT-PCR, Côte d'Ivoire

EVALUATION DES PERFORMANCES DES TESTS ANTIGENIQUES ET SEROLOGIQUES REALISES A L'INSTITUT PASTEUR DE CÔTE D'IVOIRE POUR LA DETECTION DU SARS-COV-2

MOUSSA DOUMBIA¹

1Institut Pasteur Côte d'Ivoire

Email : doumce1@gmail.com

Résumé

L'apparition des tests antigéniques et sérologiques pour le dépistage du SARS-CoV-2 a connu une véritable croissance depuis la confirmation du premier cas de CoVID-19 à WUHAN en Chine en décembre 2019. Cependant une validation de ces tests reste importante avant toute utilisation comme outils de diagnostic et épidémiologiques pour non seulement compléter les approches moléculaires mais aussi déterminer la séroprévalence dans des populations données. L'objectif de cette étude est de mettre en évidence la contribution de l'Institut Pasteur de Côte d'Ivoire (IPCI) dans la lutte contre le CoVID-19 à travers l'évaluation des tests antigéniques et sérologiques utilisés en CÔTE D'IVOIRE. La méthodologie consiste à faire un « overview » sur le flux des tests antigéniques et sérologiques évalués pour leurs sensibilités et spécificités par rapport à la RT-PCR. Comme résultat, l'IPCI a évalué un total de 30 tests dont 15 tests antigéniques, 14 tests sérologiques et 1 test salivaire antigène/anticorps. Les tests rapides 95 d'orientation diagnostic (TROD) pour la détection des anticorps de type IgM avaient des sensibilités allant de 3,7% à 52% avec une moyenne de 59,34%. Leur spécificité par contre variait de 95% à 100%. Quant à la détection des anticorps de type IgG, ces TROD avaient des sensibilités comprises entre 12,9% et 99,3% et leur spécificité moyenne était de 98% (93,3-100%). La recherche des IgM via les automates était sensible à 91% (75-100%) et spécifique à 86% (67,5-100%). Les anticorps de type IgG réalisés par ces automates étaient plus sensibles avec une moyenne de 99% et une spécificité moyenne diminuée de 94%. Les tests antigéniques dans leur ensemble ont une sensibilité moyenne de 96% et une spécificité moyenne de 99%. Le test salivaire avait par contre une sensibilité insatisfaisante de l'ordre de 33,33%. En conclusion, nous dirons que depuis l'apparition du premier cas de CoVID-19 en Côte d'Ivoire en mars 2020, l'IPCI en plus de la réalisation des analyses biologiques a également contribué à la lutte contre la pandémie à travers l'évaluation d'une trentaine de tests sérologiques et antigéniques depuis avril 2020. Dans l'ensemble les TROD présentent de bonnes performances en ce qui concerne les tests antigéniques et de mauvaises performances pour les tests sérologiques. Par contre, la réalisation des tests sérologiques via les automates présente de bonnes performances pour les IgM et les IgG.

Mots clés : Evaluation, testsCoVID-19-Institut Pasteur-Côte d'Ivoire

Parasitologie des escargots géants africains (*Achatina achatina*) commercialisés à Daloa (Côte d'Ivoire)

Idrissa SYLLA¹, Kouadio Félix YEBOUE¹, Abe Innocent ALLEPO¹, Boué Ismael DIOMANDE¹

¹Université Jean Lorougnon Guédé

Email : syllaidris@gmail.com

Résumé

Une étude a été menée sur des escargots géants africains de l'espèce *Achatina achatina* commercialisés dans trois marchés à Daloa. Spécifiquement il s'agissait d'identifier les espèces de parasites rencontrés chez les escargots sur chaque site de collecte et de renseigner l'intensité d'infestation de chaque espèce de parasite. Pour ce faire nous avons analysé des matières fécales fraîchement émises par les escargots. La méthode d'analyse utilisée est la technique de flottaison. Sur l'ensemble des escargots prélevés dans les trois sites, les résultats ont montré la présence des larves et oeufs de *Strongyloides* sp., des larves de *Rhabditis* sp., et des larves de *Harpacticoida* sp.. Les prévalences parasitaires enregistrées sont respectivement de 48,9% de larves de *Strongyloides* sp., 20% pour *Rhabditis* sp. et 31,1% pour *Harpacticoida* sp. Compte tenu du fait que les maladies transmises par les mollusques gastéropodes à l'Homme sont en expansion, cette étude devrait susciter l'intérêt des professionnels des services de santé et de la communauté scientifique.

Mots clés : Parasites, escargots, larves, oeufs, Daloa

Caractérisation des entérobactéries productrices de BLSE issues du portage digestif de poulets des fermes de Korhogo

Christiane You ESSOH¹, Daouda TOURE¹, Richmond DJATCHI², Adèle KAKOU-N'DOUBA³, Adama COULIBALY¹

¹Département de Biochimie-Génétique, UFR des Sciences Biologiques, Université Peleforo Gon-Coulibaly (UPGC)

²Centre de Diagnostic et de Recherches sur le SIDA (CeDReS), CHU de Treichville

³Laboratoire Bactériologie-virologie, UFR des Sciences Médicales; Université Felix HOUPHOUET-BOIGNY

Email : essoyouc@gmail.com

Résumé

Le développement de l'aviculture s'est accompagné d'une utilisation intensive des antibiotiques avec pour conséquence l'émergence de bactéries résistantes comme les entérobactéries productrices de bêta-lactamase à spectre élargi (BLSE). Ces bactéries ont la capacité de résister à l'ensemble des bêtalactamines à l'exception des céphamycines et des carbapénèmes sous l'action des enzymes TEM, SHV, CTX-M qui sont codées par des gènes d'origine plasmique. L'objectif principal de ce travail était de caractériser les entérobactéries productrices de bêta-lactamases à spectre étendu (BLSE) isolées du portage digestif de poulets des fermes d'élevage de Korhogo. L'approche méthodologique a consisté à isoler les bactéries résistantes aux céphalosporines de 3ème génération à partir des fientes fraîches de poulet et les espèces bactériennes ont été identifiées grâce aux caractères biochimiques. Ensuite, la détermination *in vitro* des phénotypes BLSE a été réalisée par le test de synergie (antibiogramme) et le profil de résistance aux antibiotiques des bactéries productrices de BLSE a été déterminé par la méthode de diffusion sur gélose. Enfin, les gènes codant pour les enzymes TEM, SHV et CTX-M ont été détectés par amplification PCR. Sur 18 fermes visitées dans différentes localités de Korhogo, les entérobactéries productrices de BLSE ont été retrouvées dans chaque ferme. Au total 71 entérobactéries BLSE comprenant 37 isolats d'*E. coli* (52,1 %) et 34 isolats de *K. pneumoniae* (47,9 %) ont été isolées. Ces bactéries ont des profils antibiotiques très variés parfois avec des niveaux de résistance très élevés. Cependant, tous les isolats étaient sensibles aux carbapénèmes. La détection moléculaire des gènes de résistance a révélé une prédominance des gènes SHV et CTX-M. Conclusion : La transmission, principalement plasmidique, des gènes codants pour les BLSE est responsable de leur dissémination rapide et ainsi de l'augmentation de la prévalence des bactéries productrices de BLSE dans les élevages d'animaux.

Mots clés : Entérobactérie, BLSE, gène de résistance, poulet, Korhogo

Apport d'un système automatisé de cytométrie en flux à fluorescence pour la cytométrie urinaire: Expérience de l'unité de bactériologie clinique de l'IPCI

ASSEH TATIANA KANGAH-N'GORAN

Institut Pasteur, Côte d'Ivoire

Les infections urinaires sont parmi les plus fréquentes chez les patients hospitalisés et ambulatoires. Cependant, l'examen microscopique manuel des sédiments urinaires constitue une part importante de la charge de travail de routine dans les laboratoires de microbiologie. Au cours des dernières décennies, nous avons assisté au développement d'instruments de cytométrie en flux entièrement automatisés pour la cytologie urinaire, avec dénombrement des bactéries, des leucocytes, des levures, des érythrocytes et des cellules épithéliales. Notre étude avait pour but de relever les facteurs prédictifs d'une culture positive permettant in fine d'améliorer la qualité des résultats. Ainsi, sur une période de 6 mois à l'unité de bactériologie clinique de l'Institut Pasteur, nous avons collecté 530 échantillons d'urines pour examen cytobactériologique. L'analyseur l'UF-500i, de Sysmex a été utilisé pour le comptage des particules urinaires ; les valeurs seuils utilisées pour la leucocyturie (WBC >20/ul) et la bactériurie (BACT>100/ul). Les résultats obtenus ont été comparés à l'examen microscopique de référence. La mise en culture a été systématique pour tous les échantillons prélevés. Le délai moyen d'analyse de l'automate était de 40 échantillons / Heure. Les paramètres analytiques tels que la sensibilité, la spécificité, la valeur prédictive positive, la valeur prédictive négative et l'incidence correctement classée étaient satisfaisants. Le taux de positivité des cultures était de 10,83%. Les facteurs de discordance entre les 2 méthodes ont pu être relevés. L'utilisation de la cytométrie en flux en routine pour l'analyse des urines pourrait considérablement réduire la charge de travail et réduire le délai de rendu des résultats sans oublier les économies de coûts pour les patients et les laboratoires.

Mots clés : ECBU - Infection urinaire, cytométrie de flux, UF500i, Côte d'Ivoire

POSTERS

Etude des potentialités probiotiques des bactéries lactiques isolées du maïs (*Zea mays*) fermenté en Côte d'Ivoire

Yévi Delphine N'Guessan¹, Aya Carole Bonny¹, Moussan Désirée Francine Aké¹, Kouamé Rivière Assandi¹,
Djarys Michel Koffi¹

¹ UNIVERSITE FELIX HOUPHOUËT-BOIGNY/ UNITE DE FORMATION ET DE RECHERCHE BIOSCIENCES

Email: delphinepolnaud@gmail.com

Résumé

L'action des bactéries lactiques au cours de la fermentation a été associée à l'élaboration de l'arôme et de la texture du produit final ; mais également au maintien d'une bonne sécurité alimentaire, grâce aux acides organiques et aux bactériocines produits, impactant fortement la croissance des pathogènes. Outre ces rôles, ces microorganismes possèdent un potentiel probiotique, apportant un effet bénéfique à l'hôte lorsqu'ils sont suffisamment ingérés. L'objectif de ce travail est d'évaluer l'aptitude probiotique des bactéries lactiques isolées de la pâte fermentée de maïs (*Zea mays*), en Côte d'Ivoire. A cet effet, des critères de sélection à savoir l'activité antimicrobienne, la résistance à l'acidité et aux sels biliaires, l'auto agrégation, l'antibiogramme et le pourcentage d'hydrophobicité, ont été réalisés sur quatorze (14) isolats de bactéries lactiques (LAB). Sept (07) isolats (T1.8 ; T1.9 ; T2.3 ; T2.7 ; T2.10 ; T3.1 ; T3.5) ont été capables d'inhiber la croissance de *Salmonella enterica* O :8, *Escherichia coli* et *Staphylococcus aureus*, avec des diamètres variant de $1,1 \pm 0,14$ à $31,75 \pm 2,3$ mm. Deux isolats (T1.9 et T2.7) ont montré une croissance à pH 2 ($2,01 \% \pm 0,6$ et $3,24 \% \pm 0,1$). Les isolats T3.5 et T3.4 ont montré une croissance ($86,17 \pm 0,05$ %) à 0,3 % de sels biliaires. De l'ensemble des antibiotiques testés, le Chloramphénicol s'est montré inactif sur les isolats testés. Cependant, les isolats T3.5, T3.6, T1.4 et T0.5, ont montré une sensibilité à l'Amoxicilline. Quant à l'hydrophobicité à la surface, un taux de croissance à 0,6 % de phénol a été observé chez l'isolat T1.9 ($71,87 \pm 0,06$). Le taux maximal d'auto-agrégation (77.35 %) a été observé chez l'isolat T3.4. Les isolats T3.1, T3.7 et T3.4, sont statiquement semblables selon le logiciel PHEATMAP. Ces isolats de bactéries lactiques se présentent comme des potentiels probiotiques et sont révélés par le test de MalditoF comme appartenant aux genres *Pediococcus* (*Pediococcus pentosaceum*) et *Lactobacillus* (*Lactobactillus fermentum*). En somme, ces souches pourraient être utilisées comme cultures starters pour l'amélioration et le contrôle de la production d'aliments fermentés en général et ceux faits à base de maïs, en particulier.

Mots clés : *Pediococcus pentosaceum*, *Lactobactillus fermentum*, probiotiques, maïs, Côte d'Ivoire

Pathogénicité prouvée de nouvelles bactéries inféodées aux semences de riz

Fatimata Bachabi¹, Geoffrey Onaga¹

¹AfricaRice

Email : f.bachabi@cgiar.org

Résumé

Le riz est très important en Afrique. L'augmentation de sa production et de son rendement s'avère donc indispensable. Les semences de qualité sont donc un préalable pour une production accrue et à de bons revenus pour les exploitants agricoles. Malheureusement, les semences hébergent de nombreux microorganismes notamment des champignons, des bactéries et des nématodes, dont quelques espèces constituent des menaces sérieuses pour la riziculture surtout des bactéries. Le flétrissement bactérien BLB était une grande menace mais de nouvelles bactéries ont été isolées des semences. Il s'agit de deux genres de bactéries avec chacun deux espèces. Ce sont *Pantoea* V11 BE-2 et V24-BE et *Sphingomonas* V27 BE et V10BE. En vue de tester leur virulence, ces isolats ont été appliqués à sept (07) variétés de riz IR24, ADNY 11, Azucena, Moroberekan, Gigante, Sahel 201 et PNA 647 F4-56 semées dans la serre. La méthode de coupure de feuilles ou leaf-Clipping a été utilisée. 10 feuilles par variété par isolat ont été coupées à 4 cm chacune. Les plants inoculés sont évalués 21 jours après inoculation en mesurant la longueur des lésions en centimètres. L'inoculation est effectuée à 29°C et à 80%. Ces nouvelles bactéries méritent une attention d'autant plus particulière que des variétés comme Morobérékan, Gigante et Azucena présentent une grande sensibilité alors qu'elles sont reconnues résistantes à d'autres maladies importantes du riz en Afrique. En effet, Morobérékan est résistante à la pyriculariose tandis que Gigante et Azucena résistent à la panachure jaune.

Mots clés : bactérie, isolats, pathogénicité, résistance, riz

L'Unité de Production d'Inoculum pour Légumineuses (UPIP) du CNRA : Un acteur clé dans la production agricole en Côte d'Ivoire

KOUADIO AMANI¹

kouadioamani58@gmail.com

KOUADIO AMANI¹

¹Centre National de Recherche Agronomique

kouadioamani58@gmail.com

Résumé

Face à la dégradation croissante et à l'appauvrissement des terres agricoles de la Côte d'Ivoire, le CNRA à travers le projet d'intérêt commun pour légumineuses [Pic-légumineuse] a installé une unité pilote de production d'inoculum pour légumineuses. Cette unité sert à produire des fertilisants à base de microorganismes pour contribuer à la gestion durable des sols. Toutefois, sa méconnaissance et l'utilisation marginale des inocula qui y sont produits ne permettent pas aux agriculteurs et aux agents d'encadrement de cerner leur impact sur le sol et la productivité du soja. L'objectif de la présente étude est de présenter les différentes étapes de la production d'inoculum ainsi que leur impact sur la productivité du soja et la qualité des sols. La tourbe séchée et stérilisée a servi de substrat pour les bactéries dont la croissance a été réalisée dans un fermenteur dans lequel la température et l'air sont contrôlés. Les doses d'inoculum préparées sont utilisées pour enrober les graines de soja avant leurs semis. Les observations ont porté sur la nodulation, l'aspect des plants et le rendement du soja. Résultats : Au total 10 000 doses d'inoculum pour le soja sont produites chaque année par l'UPIP du CNRA. Ces inocula utilisés pour enrober les semences de soja ont permis d'accroître le nombre de nodosités, d'améliorer l'aspect des plants et d'augmenter de 90 % en moyen le rendement en grains du soja. Aussi, l'apport de l'inoculum au soja permet-il de restituer au sol la matière organique, l'azote prélevé et le phosphore assimilable sous de courtes durées. Il ressort de la présente étude que les inocula produits par l'UPIP permettent à la fois aux agriculteurs d'accroître le rendement du soja et de restituer au sol sa fertilité en quelques mois. L'UPIP ambitionne de mettre à disposition des agriculteurs de l'inoculum pour les autres légumineuses d'intérêt et les non légumineuses.

Mots clés : Fermenteur, tourbe, inoculum, soja, fertilité des sols

PRODUCTION DE BIOPESTICIDES A BASE DE BACILLUS THURINGIENSIS ET DE BACILLUS SUBTILIS POUR UNE MEILLEURE CONSERVATION DES FRUITS ET LÉGUMES

ATOBLA Koua*¹, ASSEMIAN Ines, MEMEL Hilarion, DADIE Adjehi Thomas, KAROU Tago Germain

atobla@yahoo.fr

¹Université Félix Houphouët-Boigny, UFR Biosciences, Laboratoire de Biotechnologies, 22 BP 582 Abidjan 22, Côte d'Ivoire

²Université Nangui Abrogoua, UFR Sciences et Technologies des Aliments (STA)· Laboratoire de Microbiologie et de Biotechnologie· 02 BP 801 Abidjan 02, Côte d'Ivoire

Résumé

Les fruits et les légumes jouent un rôle important dans l'autosuffisance alimentaire de la population ivoirienne. Mais, ces produits sont périssables et leur conservation reste délicate. Quant aux pesticides chimiques souvent utilisés, ils ont un impact négatif sur la santé des consommateurs. Ainsi, cette étude avait pour objectif de produire des biopesticides pour améliorer la conservation des fruits et légumes tout en valorisant les résidus de l'agriculture ivoirienne. *Bacillus subtilis* et *Bacillus thuringiensis* ont été utilisés pour la production de biopesticides. A cet effet, un cocktail de ces deux souches a été réalisé selon la méthode de Dulmage. Le culot de la fermentation obtenu après purification a servi à la formulation de biopesticides dans un solvant organique à 10%. Les différentes formulations de biopesticides obtenues ont démontré leur efficacité lors d'un bioessai sur la papaye, la tomate, le gombo et l'orange comparée aux pesticides chimiques. Les biopesticides produits ont montré une meilleure efficacité comparée à des pesticides chimiques présents sur le marché. Par conséquent, les biopesticides produits peuvent être considérés comme une alternative efficace pour remplacer les pesticides chimiques et réduire les risques liés à ce dernier.

Mots clés: Biopesticides, *Bacillus*, fruits et légumes, conservation