

Profil de l'antibiorésistance du microbiote intestinal des poules (*Gallus domesticus*) errantes dans la commune de Mont-Ngafula à Kinshasa, RD du Congo.

Ekumbo Botuli Babby¹, Bompangue Didier² Bambi Nyanguile Sylvie-Mireille³, Kisasa Kafutshi Robert^{4*}.

¹ Doctorant de l'Université de Kinshasa (UNIKIN) et clinicien de l'hôpital universitaire de Mbandaka (UNIMBA), Département de médecine interne, Département de biologie médicale.

² Professeur, Directeur de l'Unité de recherche et de formation sur l'écologie et le contrôle des maladies infectieuses (URF-ECMI, <http://www.ecodiseases.org/>), Département de microbiologie, Faculté de médecine, Université de Kinshasa et co-directeur de la recherche.

³ Professeure, docteur en sciences biomédicales et pharmaceutiques, chef de l'unité de recherche en pharmacochimie, Faculté des sciences pharmaceutiques de l'Université de Kinshasa.

⁴ Professeur, docteur en Sciences Biologiques, Directeur de l'Unité de Recherche Ornithologique à la Faculté des Sciences de l'Université de Kinshasa et directeur de la recherche.

*Contact : bob.kisasa@unikin.ac.cd

Submission 1st November 2022. Published online at <https://www.m.elewa.org/Journals/> on 31st January 2023
<https://doi.org/10.35759/JABs.181.6>

RÉSUMÉ

Objectif : Pour comprendre et établir le profil bactériologique de résistance aux antibiotiques couramment utilisés dans ville province de Kinshasa, la présente étude s'est focalisée sur l'identification des entérobactéries des poules élevées en errance et suivi *in vitro* de la résistance aux antibiotiques dans la commune de Mont-Ngafula, une des communes périphériques de Kinshasa avec une population très pauvre et dont l'accès aux soins médicaux est encore une énigme. Deux activités principales ont été répertoriées dans cette commune : l'agriculture et l'élevage parcellaire.

Méthodologie et résultats : Le test bactériologique conventionnel et la méthode du disque de diffusion ont été respectivement appliqués pour l'identification des Entérobactéries et le test de sensibilité aux différents antibiotiques couramment vendus sans ordonnance. Il s'agit des antibiotiques suivants qui ont fait l'objet de notre étude : Ampicilline, Ceftriaxone, Ciprofloxacine, Méropénème, Gentamycine, Pipéracilline et Tétracycline. Des entérobactéries ont été collectées et identifiées après avoir semé dans les milieux de culture aérobie 107 échantillons d'excréments de poules errant dans différentes zones de santé identifiées dans la périphérie de la commune de Mont-Ngafula. Au total 7 espèces d'Entérobactéries ont été identifiées, puis testées aux différents antibiotiques. Il ressort du test de sensibilité que la proportion de bactéries résistantes aux antibiotiques est plus élevée dans la zone de santé Antenne et très faible dans le quartier du Plateau plus éloigné de la périphérie. Le genre *Salmonella* a montré plus de résistance aux différents antibiotiques que les autres Entérobactéries. Dans l'ensemble, le profil de résistance microbienne aux antibiotiques le plus courant est celui à l'ampicilline et à la tétracycline.

Conclusion : Les résultats obtenus corroborent ceux des études similaires réalisées sur des volailles dans certains pays européens, notamment en France et en Belgique. La résistance croisée pourrait justifier cette ressemblance dans le profil de résistance aux antibiotiques de ces oiseaux commensaux avec celui des humains. La présente étude constitue une base très solide pour comprendre comment le microbiote intestinal est au cœur de la problématique de la multirésistance bactérienne chez les humains en particulier dans la ville province de Kinshasa. En effet, Il faut noter que ces résultats seront utilisés dans les études *in silico* pour le développement pharmacochimique des antibiotiques auxquels les germes pourraient être sensibles.

Mots clés : Oiseaux, Insalubrité, Automédication, Entérobactérie, Résistance, Antibiotique.

ABSTRACT

Antibiotic resistance profile of the intestinal microbiota of stray Hens (*Gallus domesticus*) in Mont-Ngafula commune in Kinshasa, DR. of the Congo.

Objective: To understand and establish the bacteriological profile of resistance to antibiotics commonly used in Kinshasa city, the present study focused on the identification of Enterobacteriaceae of Chicken raised in wandering and *in vitro* monitoring of antibiotic resistance in the commune of Mont-Ngafula, one of the peripheral communes of Kinshasa with a very poor population and access to care Medical is still an enigma. Two main activities have been listed in this commune: agriculture and fish farming.

Methodology and results: The conventional bacteriological test and the diffusion disc method were applied respectively for the identification of Enterobacteriaceae and the susceptibility test to different antibiotics commonly sold without a prescription. These are the following antibiotics that were the subject of our study: Ampicillin, Ceftriaxone, Ciprofloxacin, Meropenem, Gentamycin, Piperacillin and Tetracycline. Enterobacteriaceae were collected and identified after sowing in aerobic culture media 107 samples of Hens excrement wandering in different health zones identified in the outskirts of the commune of Mont-Ngafula. A total of 7 species of Enterobacteriaceae were identified and tested with different antibiotics. The sensitivity test shows that the proportion of antibiotic-resistant bacteria is higher in the Antenne health zone and very low in the Plateau district further from the periphery. The genus *Salmonella* showed more resistance to different antibiotics than other Enterobacteriaceae. Overall, the most common pattern of microbial resistance to antibiotics is that of ampicillin and tetracycline.

Conclusion: The results obtained corroborate those of similar studies carried out on poultry in some European countries, notably France and Belgium. Cross-resistance could justify this resemblance in the antibiotic resistance profile of these commensal birds with that of humans. The present study provides a very solid basis for understanding how the gut microbiota is at the heart of the problem of bacterial multiresistance in humans, particularly in the Kinshasa city. Indeed, it should be noted that these results will be used in *in silico* studies for the pharmacochimical development of antibiotics to which germs could be susceptible.

Key words: Birds, Unsanitary, Self-medication, Enterobacteria, Resistance, Antibiotic.

INTRODUCTION

En microbiologie, la résistance aux antibiotiques est la capacité d'une sous-population d'une espèce bactérienne à se développer en présence d'un antibiotique qui l'inhibait auparavant [Frost *et al.*, 2019, OMS

2016, Muylaert & Mainil 2012, Muylaert et Mainil 2010]. En clinique, une souche est qualifiée de résistante lorsqu'elle survit à l'antibiothérapie mise en place [Alonso *et al.*, 2017, Holmes *et al.*, 2016, OMS 2016]. On

estime environ 700 000 décès chaque année occasionnés par la résistance aux antibiotiques dans le monde (O'Neill 2016). Il se peut que les statistiques de cette problématique mondiale soit sous-estimées (Glass 2018, Burnham *et al.*, 2018). Outre le nombre élevé de décès et certains handicaps, la résistance aux antibiotiques constitue un fardeau socio-économique et financier supplémentaire, contribuant ainsi aux inégalités sociales (Yam Ely 2019, Tadesse et 2017). En effet, elle rend hypothétique la réalisation de la couverture sanitaire universelle et des objectifs de développement durable (Ouédraogo 2017). Dans les prévisions de l'OMS, d'ici 2050, il s'agit de pays à revenu intermédiaire mais surtout de pays à faible revenu qui seront encore plus concernés par cette problématique de la résistance bactérienne aux antibiotiques (29,30,62). La République démocratique du Congo est également très préoccupée par cette question. Cependant, le pays n'a pas de programme pour lutter contre l'émergence de micro-organismes résistants et manque de statistiques globales sur la résistance antibactérienne (Zhen *et al.*, 2019, Grundmann *et al.*, 2011). Néanmoins, grâce à des hémocultures de sang humain, une étude récente réalisée en 2018 par Sandra Van Puyvel et son équipe (Van Puyvelde 2019), a montré des niveaux élevés de gènes de la sous-lignée *multirésistante* ST313 de la salmonellose non typhi (*Salmonella typhimurium*). Les études réalisées par Niamke

et son équipe en Abidjan sur le poulet de chair ont révélés la résistance de la bactérie du genre *Campylobacter* aux antibiotiques (Niamke *et al.*, 2020). En 2021, Kisasa et son équipe ont identifié la présence des entérobactéries (dont *Salmonella typhimurium*) d'intérêt médical dans le microbiote intestinal des oiseaux se nourrissant dans des décharges insalubres souillées par les matières fécales d'origine diverses dans la ville de Kinshasa (Kisasa et 2021, Laviad-Shitrit et 2019, Grond *et al.*, 2018, Vittecoq *et al.*, 2016, Poirel *et al.*, 2012). C'est donc dans ces mêmes décharges insalubres à ciel ouvert que se nourrissent les poules errantes ayant fait l'objet de notre étude. Les poules qui y sont infectées, reçoivent peu ou pas de soins vétérinaires appropriés et se réfugient ensuite au coucher du soleil dans de mêmes habitations avec des humaines. La compréhension des facteurs responsables de la résistance aux antibiotiques chez les oiseaux commensaux et les poules errantes serait un élément décisif pour réduire et combattre l'émergence de la résistance aux antibiotiques dans le cadre de l'approche « Une seule santé ou one Health » en République démocratique du Congo (Mouiche *et al.*, 2019, Cardinale et 2018, D'Accolti *et al.*, 2011). Le présent travail a pour objectif l'identification des entérobactéries des poules élevées en divagation ainsi que la cartographie de leur résistance aux antibiotiques en fonction de sites de capture.

MATÉRIEL ET MÉTHODES

Description du milieu d'étude : La ville province de Kinshasa s'étend sur 9.965km². Elle compte 17,07 millions d'habitants, soit 18,4% de la population nationale (92.755.538 Habitants), 34,2% de la population urbaine du pays avec une forte densité de plus de 1.000 habitants / km² en moyenne, réparties dans 24 communes, regroupées en 4 districts dont celui de Lukunga où se situe la commune de Mont-Ngafula. La commune de Mont-Ngafula est

située au Sud-Ouest de la ville province de Kinshasa faisant frontière avec les communes de Lemba, Selembao, Ngaliema et Kimbaseke ; le territoire de Kasangulu dans la province du Kongo Central ; et sur 10 Km à travers le fleuve Congo, la ville de Brazzaville de la République du Congo (Katalayi Mutombo 2014). Comptant une population totale de 261.004 habitants (en 2013) et une superficie de 358,92 km² (densité de 18 habitants par

km²), commune à caractère urbano-rural est subdivisée en 16 quartiers dont certains huppés et d'autres ruraux. Elle fait ainsi partie des communes de « la ceinture verte de Kinshasa », où se déroule environ 50,2% de l'aviculture de Kinshasa à côté des communes de la N'sele et de Kimbaseke (66,74). La commune de Mont-Ngafula dispose de 2 zones de santé constituées 29 aires de santé (zone de santé de

Mont-Ngafula I : 15 aires et zone de santé de Mont-Ngafula II : 14 aires). Un échantillon aléatoire de 107 excréments de poules, *Gallus gallus domesticus* a été prélevé chez 107 poules en divagation dans 10 aires de santé de Mont-Ngafula : *Kimbondi I, Kindele, Mama Yemo, Masanga Mbila, Mazamba & Plateau, Antenne, Don Bosco Mambre, et Sans-fil* (Figure1).

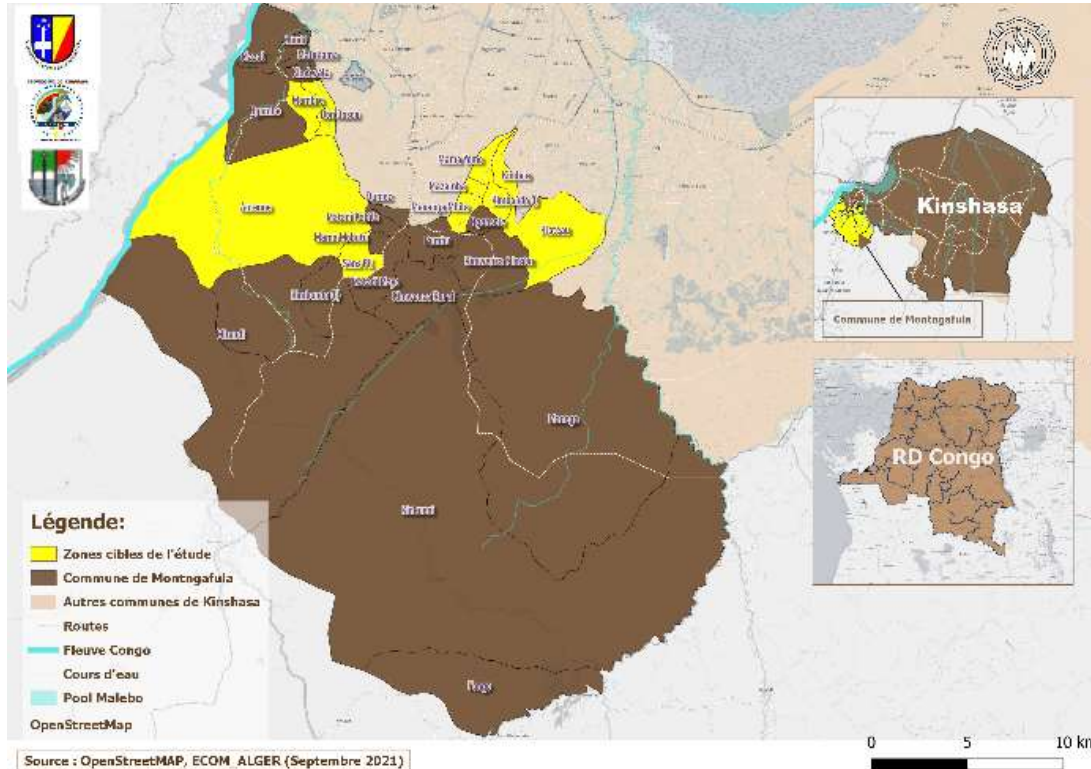


Figure 1 : Sites d'étude du profil de l'antibiorésistance des microbiotes intestinaux des poules

La période couverte par notre étude s'étendait du 1^{er} janvier 2021 au 3 octobre 2021 dans la commune de Mont-Ngafula de la ville province de Kinshasa, soit une période d'environ neuf mois. Les variables suivantes ont été étudiées pour définir le profil de résistance aux antibiotiques :

1. La composition bactériologique du microbiote intestinal des poules ;
2. La résistance bactérienne du microbiote intestinal des poules aux antibiotiques.

3. La Cartographie de la résistance bactérienne aux antibiotiques.

Composition bactériologique du microbiote intestinal des poules : Pour recueillir les matières fécales, des cotons-tiges stériles mouillés avec de l'eau saline normale stérile ont été insérés dans les cloaques de 107 poules et placés dans des flacons stériles. Après la collecte des écouvillons cloacaux, les oiseaux ont ensuite été libérés. Les échantillons ont été transportés immédiatement au laboratoire dans une glacière. Un spécimen de chaque espèce d'oiseau a été capturé dans chaque décharge.

Isolement des micro-organismes : Les échantillons d'écouvillonnage ont été enrichis en eau peptone tamponnée à 37 °C pendant 24 h. Par la suite, les cultures ont été striées sur une gélose MacConkey et incubées à 37 °C pendant la nuit. Différentes colonies uniques ont ensuite été collectées et purifiées.

Purification : Les bacilles à Gram négatif ont été identifiés à l'aide de méthodes microbiologiques conventionnelles, y compris la coloration de Gram, les tests d'oxydase, la production d'indole et d'uréase, l'utilisation du citrate, le sulfure d'hydrogène, la production et la fermentation de gaz des sucres, la phénylalanine désaminase, la lysine décarboxylase (L.D.C.), l'ornithine décarboxylase (O.D.C.), les tests d'arginine dihydrolase (A.D.H.), la réduction des nitrates, l'hydrolyse de caséine, le rouge de méthyle et les réactions voges-Proskauer.

Identification des micro-organismes : L'identification des souches isolées a nécessité une série de tests préliminaires (examen macroscopique et microscopique) afin de regrouper les micro-organismes identifiés en différentes classes, et certains tests biochimiques ont été effectués pour permettre l'identification au niveau de l'espèce.

i) Examen macroscopique

L'examen était basé sur la recherche des caractéristiques suivantes : taille, couleur, pigmentation, forme, apparence de surface, apparence du bord de la colonie, consistance et opacité.

Examen microscopique

1) Bactéries : Il a été réalisé avec un microscope optique (marque HITACHI) au grossissement 40×. Cela permet : l'observation des bactéries vivantes, la détermination de leur morphologie, de leur mode de regroupement et leur quantité approximative (Iteku *et al.*, 2020).

2) Coloration de Gram : L'examen du frottis coloré à Gram a permis d'observer toutes les bactéries présentes, en les différenciant en Gram positif de Gram négatif en fonction de

leur morphologie et de leur affinité pour les colorants. Leur abondance, leur regroupement, leur homogénéité et leur hétérogénéité morphologique ont été déterminé par la méthode utilisée par Iteku *et al.*, (2020)

Tests biochimiques

1) Test de catalase : Catalase est une enzyme présente dans la plupart des bactéries anaérobies et aérobies facultatives ou strictes. Elle décompose le peroxyde d'hydrogène en eau et en oxygène. La libération de bulles de gaz indique la présence de catalase, c'est-à-dire que le test est positif.

2) Galerie biochimique classique :

- *Analyse des glucides et du métabolisme énergétique*

Cette analyse portait sur l'utilisation du lactose et du saccharose, la fermentation avec ou sans gaz de glucose, la production de H₂S. Pendant ce temps, l'utilisation du citrate comme seule source de carbone et d'énergie : le but de ce test était de savoir si les bactéries utilisent le citrate comme source de carbone.

- *Analyse du métabolisme des protéines*

Ici, l'accent a été mis sur la production d'indole (métabolisme du tryptophane) et celle des décarboxylases bactériennes ODC (Ornithine décarboxylase), LDC (Lysine décarboxylase et ADH (métabolisme des acides aminés). Le tableau 2 présente différentes entérobactéries identifiées dans les excréments des poulets capturés dans toutes les zones d'étude de la commune de Mont-Ngafula.

Évaluation de la résistance bactérienne du microbiote intestinal des poules aux antibiotiques :

La méthode du disque de diffusion en tant que méthode de test de sensibilité selon les recommandations du Clinical and Laboratory StandardS Institute CLSI (Ashley *et al.*, 2011).

Pour chaque échantillon, un inoculum correspondant a été préparé, en prenant 4 colonies isolées dans 4 ml de peptone incubées pendant 15 minutes. À l'aide d'une poignée en platine, 10 µl ont été prélevés dans le milieu

Mueller-Hinton et les antibiotiques de leur choix ont été placés pour incuber pendant 24 heures à 37 ° C. Au préalable, pour assurer la stérilisation, un contrôle de la qualité du milieu de culture a été effectué en conservant au réfrigérateur pendant 24 heures les différents milieux préparés avant le jour du semis. Dans chaque boîte de Pétri, contenant la gélose Mueller-Hinton, l'inoculation en quatre stries

serrées a été effectuée avec précision (4 colonies isolées dans 4 ml de peptone), et l'application de 7 disques d'antibiotiques disponibles dans le commerce (Clairo® Mono sensitivity Discs) d'utilisation courante en médecine humaine et vétérinaire (Boussena 2019). Les isolats identifiés ont été testés pour leur sensibilité aux antibiotiques suivants :

1. Ampicilline (AM : 10 µg),
2. Ceftriaxone (CRO : 30 µg),
3. Ciprofloxacine (IC : 5 µg),
4. Méropénème (ME : 10 µg),
5. Gentamycine (GEM : 10 µg),
6. Pipéracilline (Pi : 30 µg),
7. Tétracycline (TE : 30 µg).

Pour cette étude, certains antibiotiques ont été choisis comme tests en raison de leur utilisation systématique et se référant à la classification AWARe 2019 (classification des antibiotiques pour l'évaluation et le suivi de l'utilisation) et à l'utilisation en médecine vétérinaire. À l'aide d'un étrier appliqué au

fond de la boîte de Pétri fermée, la sensibilité des isolats identifiés à ces molécules a été déterminée en mesurant au millimètre près et en comparant avec les valeurs critiques, les dimensions du halo qui apparaît en présence de disques antibiotiques après 24 heures d'incubation à 37 ° C.

Tableau 1 : Diamètre de sensibilité estimé en mm selon Clairo® Mono sensitivity Discs

	Code	Qté	Résistance	Intermédiaire	Sensible	
Ampicilline	AM	10 µg	13	14 - 17	18	Enterobacteriaceae
Ceftriaxone	CRO	30 µg	22	23 - 25	26	Enterobacteriaceae
Ciprofloxacine	CI	5 µg	15	16 - 20	21	Enterobacteriaceae
			20	21 - 30	31	<i>S. typhi</i> & extraintestinal <i>Salmonella</i> spp
Gentamicine	GEM	10 µg	12	13 - 14	15	Enterobacteriaceae
Méropénème	MP	10 µg	19	20 - 22	23	Enterobacteriaceae
Pipéracilline	Pi	100 µg	17	18 - 20	21	Enterobacteriaceae
Tétracycline	TE	30 µg	11	12 - 14	15	Enterobacteriaceae

Cartographie de la résistance bactérienne aux antibiotiques dans la commune de Mont-Ngafula : C'est grâce à la fonction de sélection aléatoire du logiciel QGIS 3.16 que les différentes zones sanitaires citées ci-haut dans la commune de Mont-Ngafula ont été sélectionnées. Un échantillon de 107 matières fécales appartenant aux 107 poules errantes dans les différentes zones sanitaires ont été

prélevées. Une étape d'enquête a été initiée pour chaque aire de santé, en utilisant le nombre d'écouvillons à prélever par aire de santé sur le nombre de ménages par quartier sur fond de la carte Google Earth Pro à l'aide du logiciel QGIS 3.20.1. Cette méthode a été inspirée des travaux de Frost et son équipe (Frost *et al.*, 2019).

RÉSULTATS

Prévalences des Entérobactéries isolées dans les microbiotes intestinaux des poules : isolées dans 107 écouvillons des fèces des poules cultivés.
Le tableau 2 ci-dessous indique les 97 bactéries

Tableau 2: Prévalence des Entérobactéries isolés dans les des microbiotes intestinaux des poules élevées en divagation à Mont-Ngafula, Kinshasa (RDC).

Genre	Espèces	Fréquence	Proportions
<i>Salmonella enterica</i> (38%)	<i>Escherichia. coli</i>	6	6%
	<i>S. gallinarum-pullorum</i>	2	2%
	<i>S. paratyphi A</i>	5	5%
	<i>S. typhi</i>	8	9%
	<i>Salmonella enterica</i>	2	2%
	<i>Salmonella spp</i>	12	11%
<i>Klebsiella</i> (8%)	<i>Dwarsiella tarda</i>	12	11%
	<i>Klebsiella oxytoca</i>	5	5%
	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	4	4%
<i>Autres Enterobacteriaceae</i> (29%)	<i>Citrobacter ballerup bethesda</i>	5	5%
	<i>Citrobacter freundii</i>	1	1%
	<i>Levinea</i>	5	5%
	<i>Proteus mirabilis</i>	3	3%
	<i>Proteus morgani</i>	2	2%
	<i>Proteus retgeri</i>	1	1%
<i>Cultures stériles</i> (11%)	<i>Proteus vulgaris</i>	7	7%
	<i>Providencia</i>	7	7%
		10	9%
	<i>Total de l'échantillon</i>	107	100%

Toutes les bactéries identifiées par Iteku et son équipe (Iteku *et al.*, 2020) sur les billets de banque congolaise (Francs congolais) et celles des oiseaux commensaux par Kisasa et son équipe (Kisasa et 2021) sont présentes dans les matières fécales des poules en divagation dans la commune de Mont-Ngafula.

Profil de l'antibiorésistance des microbiotes des poules de Mont-Ngafula : Comme indique la figure 2 ci-dessous, 87 bactéries

dont 18 espèces regroupées dans 4 genres étaient testées à 7 antibiotiques. Ce test a montré de manière globale que les isolats étaient résistants à tous les antibiotiques testés, soit : Ampicilline (93,51%), Ceftriaxone (88,66%), Ciprofloxacine (41,24%), Gentamicine (50,52%), Méropénème (44,57%), Pipéracilline (90,16%) et Tétracycline (85,57%)

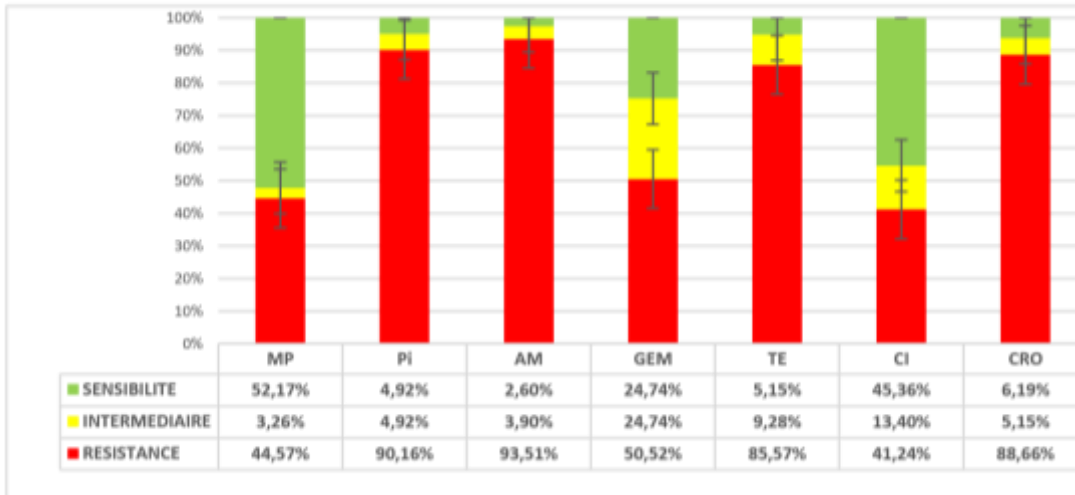


Fig. 2 : Profil de l'antibiorésistance des Enterobacteriaceae des microbiotes intestinaux des poules élevées en divagation à Mont-Ngafula, Kinshasa (RDC).

La figure 3 ci-dessous a révélé des taux de résistance ci-après :

- **Salmonella** : Ampicilline (94%), Ceftriaxone (89%), Ciprofloxacine (44%), Gentamicine (60%), Méropénème (49%), Pipéracilline (90%) et Tétracycline (80%) (Tableau 4).

- **Enterobacter** : Ampicilline (88%), Ceftriaxone (85%), Ciprofloxacine (28%), Gentamicine (31%), Méropénème (32%), Pipéracilline (89%) et Tétracycline (86%) (Tableau 6).

- **Klebsiella** : Ampicilline (100%), Ceftriaxone (89%), Ciprofloxacine (44,4%), Gentamicine (67%), Méropénème (89%), Pipéracilline (100%) et Tétracycline (100%) (Tableau 5).

- **E. coli** : Ampicilline (100%), Ceftriaxone (93%), Ciprofloxacine (57%), Gentamicine (50%), Méropénème (29%), Pipéracilline (86%) et Tétracycline (93%) (Tableau 7).

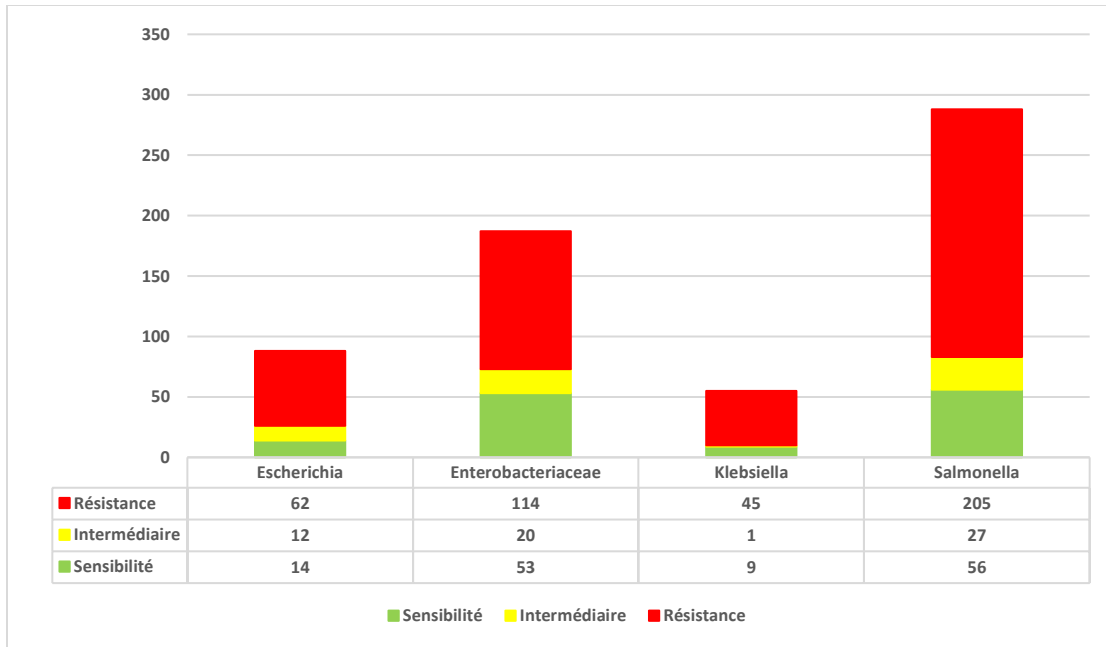


Fig. 3 : Répartition de la sensibilité en fonction des genres isolés dans les microbiotes intestinaux des poules élevées en divagation à Mont-Ngafula, Kinshasa (RDC).

Les bactéries du genre *Salmonella* ont constitué le groupe le plus représentatif de l'échantillon avec également une proportion de résistance plus élevée par rapport aux autres groupes. Cependant, le groupe des autres entérobactéries décrites aux tableaux 4, 5,6 et

7 ci-dessous est celui qui garde proportionnellement plus de sensibilité ainsi qu'une marge intermédiaire par rapport aux autres genres des bactéries isolées dans notre étude.

Tableau 4 : Sensibilité du Salmonella au panel d'antibiotiques testés selon la méthode de diffusion de disque des fèces des poules de Mont-Ngafula

	Code	Nbre d'isolats	Qté	Résistance	Intermédiaire	Sensible	Moyenne	Médiane	Mode	Min	Max	Résistance	Sensibilité	%R	%S
Ampicilline	AM	36	10 µg	13	14 - 17	18	5,97	5	5	5	18	34	1	94%	3%
Ceftriaxone	CTX	45	30 µg	22	23 - 25	26	9,6	5	5	5	31	40	4	89%	9%
Ciprofloxacine	CI	45	5 µg	15	16 - 20	21	17,86	18	14	5	32	20	20	44%	44%
Gentamicine	GM	45	10 µg	12	13 - 14	15	9,71	8	5	5	24	26	9	60%	20%
Meropenem	MP	44	10 µg	19	20 - 22	23	16,02	14	5	5	29	21	17	49%	46%
Piperacilline	Pi	31	100 µg	17	18 - 20	21	6,83	5	5	5	22	26	1	90%	3%
Tétracycline	TE	45	30 µg	11	12 - 14	15	7,17	5	5	5	15	36	2	80%	4%

Tableau 5 : Sensibilité du Klebsiella au panel d'antibiotiques testés selon la méthode de diffusion de disque des fèces des poules de Mont-Ngafula

	Code	Nbre	Qté	Résistance	Intermédiaire	Sensible	Moyenne	Médiane	Mode	Min	Max	Résistance	Sensibilité	%R	%S
Ampicilline	AM	6	10 µg	13	14 - 17	18	5,00	5	5	5	5	6	0	100%	0%
Ceftriaxone	CRO	9	30 µg	22	23 - 25	26	8,56	6	5	5	29	8	1	89%	11%
Ciprofloxacine	CI	9	5 µg	15	16 - 20	21	15,1	18	5	23	29	4	4	44%	44%
Gentamicine	GM	9	10 µg	12	13 - 14	15	12,66	11	11	5	29	6	3	67%	33%
Meropenem	MP	9	10 µg	19	20 - 22	23	6,55	5	5	5	18	8	1	89%	11%
Piperacilline	Pi	4	100 µg	17	18 - 20	21	8,00	5	5	5	17	4	0	100%	00%
Tétracycline	TE	9	30 µg	11	12 - 14	15	6,11	5	5	5	11	9	0	100%	0%

Tableau 6 : Sensibilité des autres Entérobactéries au panel d'antibiotiques testés selon la méthode de diffusion de disque des fèces des poules de Mont-Ngafula

	Nombre d'isolats	Code	Qté	Résistance	Intermédiaire	Sensitive	Moyenne	Médiane	Mode	Min	Max	Résistance	Sensibilité	% R	% S
<i>Ampicilline</i>	24	AM	10 µg	13	14 - 17	18	6,79	5	5	5	18	21	1	88%	4%
<i>Ceftriaxone</i>	29	CRO	30 µg	22	23 - 25	26	10,65	5	5	5	26	25	1	85%	3%
<i>Ciprofloxacine</i>	29	CI	5 µg	15	16 - 20	21	19,03	21	22	5	33	8	16	28%	55%
<i>Gentamicine</i>	29	GM	10 µg	12	13 - 14	15	13,55	14	14	5	24	9	11	31%	38%
<i>Meropenem</i>	28	ME	10 µg	19	20 - 22	23	19,92	24	5	5	29	9	19	32%	68%
<i>Piperacilline</i>	19	PI	100 µg	17	18 - 20	21	8,26	5	5	5	22	17	2	89%	11%
<i>Tétracycline</i>	29	TE	30 µg	11	12 - 14	15	7,10	5	5	5	16	25	3	86%	10%

Tableau 7 : Sensibilité de l'*Escherichia* au panel d'antibiotiques testés selon la méthode de diffusion de disque des fèces des poules de Mont-Ngafula

	Code	Nbre	Qté	Résistance	Intermédiaire	Sensitive	Moyenne	Médiane	Mode	Min	Max	Résistance	Sensibilité	%R	%S
<i>Ampicilline</i>	AM	11	10 µg	13	14 - 17	18	5,45	5	5	5	9	11	0	100%	0%
<i>Ceftriaxone</i>	CRO	14	30 µg	22	23 - 25	26	8,14	6,5	5	5	23	13	0	93%	0%
<i>Ciprofloxacine</i>	CI	14	5 µg	15	16 - 20	21	13,71	11,5	21	5	28	8	4	57%	29%
<i>Gentamicine</i>	GM	14	10 µg	12	13 - 14	15	10,71	12,5	13	5	15	7	1	50%	7%
<i>Meropenem</i>	MP	14	10 µg	19	20 - 22	23	19,5	6	8	5	34	4	9	29%	64%
<i>Piperacilline</i>	PI	7	100 µg	17	18 - 20	21	7,28	23,5	5	5	18	6	0	86%	0%
<i>Tétracycline</i>	TE	14	30 µg	11	12 - 14	15	7,36	8	8	5	13	13	0	93%	0%

Ces tableaux 4 à 7 montrent que la sensibilité aux antibiotiques varie d'une entérobactérie à l'autre. Ainsi donc, le genre *Salmonella* plus fréquent dans notre échantillon est moins sensible aux antibiotiques que le reste des bactéries identifiées.

Détermination du risque d'antibiorésistance des microbiotes intestinaux des poules : Toutes les bactéries isolées dans les excréments des poules étudiées ont présenté une antibiorésistance. Il se dégage une forte corrélation négative entre la proportion de résistance aux colibacilles des autres bactéries (SKE). A l'intervalle de confiance à 95%, il s'avère une forte association entre la fréquence des Colibacilles

aux autres bactéries isolées (*Klebsiella* : - 0,1; *Salmonella* : - 8,3 et 0,2 pour les autres Entérobactéries). Considérant le Colibacille comme référence, la résistance retrouvée chez les Colibacilles (56 contre 16) serait un facteur de risque pour les sites où étaient isolés les colibacilles dans cette étude. Étant donné que le RR est rare (RR = 0,45), on considère l'ODD Ratio (OR : 10,1) qui montre que le risque de trouver une résistance est 10 fois plus élevé dans des bactéries du genre *Escherichia* que dans les autres entérobactéries isolées. Cette sensibilité observée chez les Colibacilles serait prédictive de la résistance dans les microbiotes intestinaux des poules élevées en divagation à environ 13,5% (Figures 4 et 5).

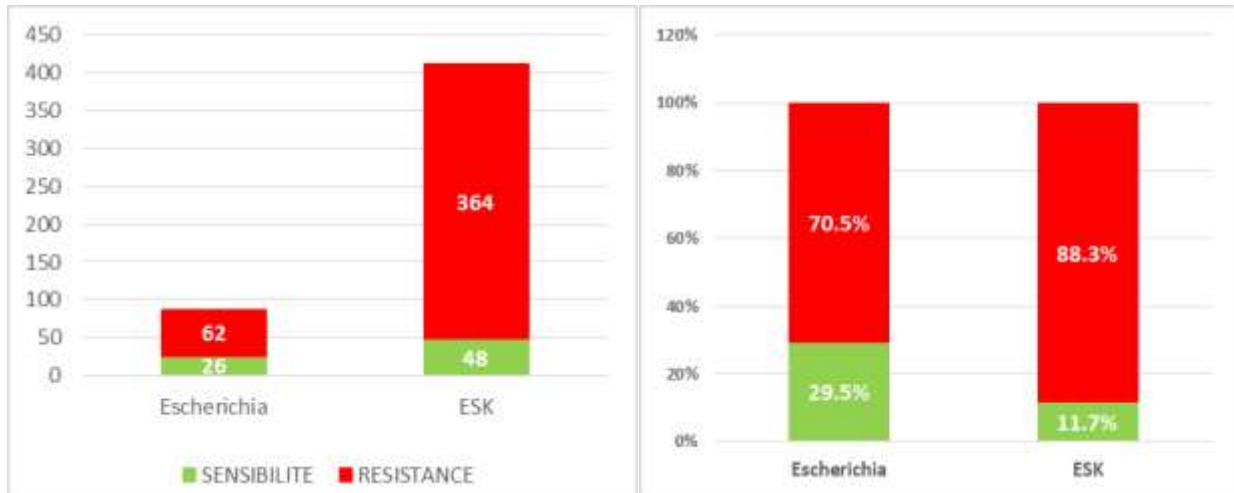


Fig. 4 & 5 : Fréquences (au-dessus) et proportion (en-dessous) des Colibacilles résistantes

Cartographie de l'antibiorésistance dans la commune de Mont-Ngafula : La distribution spatiale de la résistance bactérienne des microbiotes des poules élevées en divagation dans la commune de Mont-Ngafula a révélé une forte hétérogénéité spatiale au niveau de la répartition par aire de santé avec un discret gradient de distribution de forte résistance du nord-Est vers le sud-Ouest. En effet, l'aire de Santé de Mama Yemo, contrairement à sa

voisine (zone de santé de Kindele) ne présente que des faibles taux de résistance. La zone de santé de Sans-fil quant à elle ne présente que des taux d'antibiorésistance autour de 100% pour toutes les molécules. La résistance à l'ampicilline est présente à des forts taux sur toutes les zones d'études. Cependant, dans tous les sites d'étude, il s'affiche des taux relativement faibles de résistance à la Ciprofloxacine.

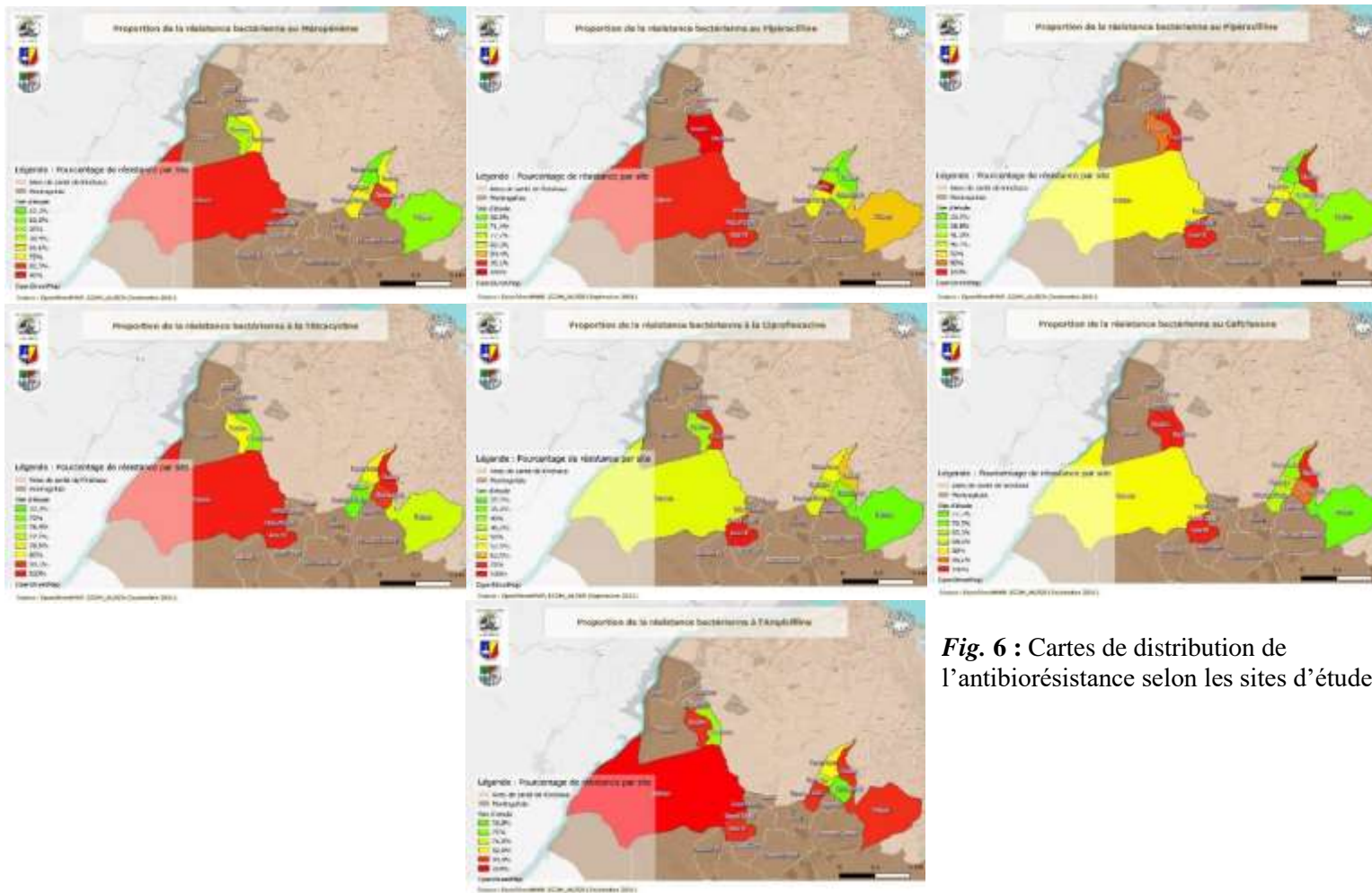


Fig. 6 : Cartes de distribution de l'antibiorésistance selon les sites d'études.

Profil phénotypique de la multi résistance des microbiotes intestinaux des poules : Plus de 97,93% des cultures positives ont présenté une résistance. En tout 89,69% précisément, ont présenté une multi résistance à au moins 3 antibiotiques associés, représentant 81,31% de l'échantillon (voir tableau 8 ci-dessous). L'étude a identifié 36 phénotypes de multi résistance (voir table 7). La résistance multiple à l'Ampicilline, tétracycline et Ceftriaxone (AmTeCRo) représentant 6,8% de la multi résistance. Plus concernées par cette multi résistance, les bactéries du genre Salmonella en pool position (n =37, t value = 0.068, Pr

(>|t|) = 0.946), suivi les autres Entérobactéries (n =27, t value = 1,078 Pr(>|t|) = 0.289), des Colibacilles (n =14, t value = 1,365, Pr(>|t|) = 0.182) et du Klebsiella (n = 9, t value = 0.588, Pr(>|t|) = 0,561). Les paramètres de dispersion de type de la famille Gaussienne est de 0.5357, avec ddl de 36, au score de Fischer 2. La p-value du test de Poisson à l'intervalle de confiance de 95%, différent de 1 a permis de retenir l'hypothèse alternative, estimant entre 26,05 et 51 les proportions de la multi résistance à partir de cet échantillon de 37 phénotypes identifiés.

Tableau 8 : Profile phénotypique de la multi résistance des entérobactéries des microbiotes intestinaux des poules à Mont-Ngafula, Kinshasa

Groupes phénotypiques	Type d'AMR d'AMR	E. coli	Klebsiella	Salmonella	Enterobacter	Total
R1	AmTeCRo	1	0	2	3	6
R2	AmGEmTeCiCRo	3	0	1	1	5
R3	MpPiAmGEmTeCiCRo	0	0	5	0	5
R4	PiAmTeCRo	2	0	1	2	5
R5	AmTeCiCRo	0	0	3	1	4
R6	MpAmGEmTeCRo	0	3	1	0	4
R7	MpPiAmGEmTeCRo	0	0	3	1	4
R8	MpPiGEmTeCiCRo	2	0	1	1	4
R9	PiAmGEmTeCRo	0	0	1	3	4
R10	PiAmTeCiCRo	1	0	1	2	4
R11	AmGEmTeCRo	0	0	1	2	3
R12	MpAmTeCRo	1	0	2	0	3
R13	MpAmTeCiCRo	1	1	0	1	3
R14	MpPiTeCiCRo	0	1	1	1	3
R15	MpAmGEmTeCiCRo	0	1	1	0	2
R16	MpGEmTeCiCRo	1	0	1	0	2
R17	MpGEmTeCRo	1	0	1	0	2
R18	MpPiAmTeCiCRo	0	0	1	1	2
R19	MpPiGEmTeCRo	0	2	0	0	2
R20	MpPiTeCRo	0	0	0	2	2
R21	PiAmCiCRo	0	0	2	0	2
R22	PiAmGEmTeCiCRo	0	0	1	1	2
R23	AmCiCRo	0	0	0	1	1
R24	GEmCRo	0	0	1	0	1
R24	MpAmGEmCRo	0	0	0	1	1
R26	MpAmTeCi	0	1	0	0	1
R27	MpPiAmGEmTeCi	0	0	1	0	1
R28	MpPiAmTeCRo	0	0	0	1	1
R29	MpPiCiCRo	0	0	1	0	1
R30	MpTeCRo	0	0	1	0	1
R31	PiAmGEmCiCRo	0	0	0	1	1
R32	PiAmCRo	1	0	0	0	1
R33	PiAmGEmCRo	0	0	1	0	1
R34	PiGEmTeCRo	0	0	1	0	1
R35	PiTeCRo	0	0	1	0	1
R36	TeCiCRo	0	0	0	1	1
TOTAL		14	9	37	27	87

Modèles de l'antibiorésistance des microbiotes intestinaux des poules élevées en divagation dans la commune de Mont-Ngafula, Kinshasa (RDCongo) : Une diversité phénotypique de résistance bactérienne était détectée, associée à une corrélation négative entre la résistance et ; la sensibilité et le niveau intermédiaire de sensibilité associé. La méthode mixte Stepwise

a permis de sélectionner, étape par étape, les variables explicatives significatives au seuil de 5% ou ayant un $p < 0.20$. Dans cette étude, la résistance du genre salmonella et des autres entérobactéries est très élevée comparée au reste. Comme indique le tableau 9 ci-dessous, cette résistance n'est pas significative statistiquement ($t = 2.288$, $df = 8$, $p\text{-value} = 0.05142$) à l'intervalle de confiance de 95%.

Tableau 9 : Modèles de l'antibiorésistance des entérobactéries des poules de Mont-Ngafula en divagation.

Variables	RESISTANCE				AIC	P_value	Moyenne
	S	I	R	Tests réalisés N=97			
Genres bactériens isolés							
Colibacille	15,9%	13,6%	70,5%	88	29.325		72,571
Entérobactéries	28,3%	10,7%	61,0%	288	36.679	0.06246.	62,714
Klebsiella	16,4%	1,8%	81,8%	55	37.441	0.05252.	84,2
Salmonella	19,4%	9,4%	71,2%	187	27.997	0.62065	72,285
Antibiotiques testés							
Ampicilline (AM)	2,60%	3,90%	93,51%	77	441,26	0,19262	
Ceftriaxone (CRO)	6,19%	5 (5,15%)	88,66%	97	439,06	0,95968	
Ciprofloxacine (CI)	43,36%	13,40%	41,24%	97	439,06	0,98876	
Gentamicine (GEM)	24,74%	24,74%	50,52%	97	443,62	0,05*	
Méropénème (MP)	52,17%	3,26%	44,57%	92	441,06		
Pipéracilline (Pi)	4,92%	4,92%	90,51%	61	443,06	0,05*	
Tétracycline (TE)	5,15%	9,28%	85,57%	97	439,19	0,76457	
						<i>ddl = 85%</i>	
						<i>p_value = 0,001</i>	
Sites d'études	<i>X = 13,3</i>	<i>X = 5,7</i>	<i>X = 41,8</i>	<i>X = 61,9</i>			
Antenne	7(1,2%)	6 (1,0 %)	47(8,1 %)	60		0,001	
Don Bosco	3(0,5%)	4 (0,7 %)	17 (2,9%)	24		0,916	
Kimbondo	20(3,4%)	6 (1,0 %)	78 (13,1%)	104		0,828	
Kindele	5 (0,9%)	2 (0,3 %)	41 (7,0%)	48		0,912	
Mama Yemo	27 (4,1%)	10 (1,5 %)	59 (8,9%)	96		0,877	
Mambre	6(1,0%)	4 (0,7 %)	20 (3,4%)	30		0,001	
Masanga mbila	8(1,2%)	4 (0,6 %)	29 (4,4%)	41		0,001	
Mazamba	25(4,3%)	9 (1,5%)	44 (7,6%)	78		0,436	
Plateau	32 (4,7%)	12 (1,8 %)	126 (11,9%)	126		0,001	
Sans-fil	0 (0,0%)	0 (0,0 %)	12 (2,1%)	12		0,916	

La complexité de l'antibiorésistance dans la commune de Mont-Ngafula répond à un modèle à un degré de liberté de 85% lequel permet de démontrer la présence de la

résistance bactérienne à travers les microbiotes intestinaux des poules élevées en divagation dans la ville de Kinshasa.

DISCUSSION

L'antibiothérapie a pour but de lutter contre des infections bactériennes. Le choix du médicament doit être fonction de son profil d'efficacité sur le germe responsable de l'infection (Burnham *et al.*, 2019). À ce jour,

on dénombre plusieurs familles d'antibiotiques lesquelles sont utilisées abusivement conduisant probablement à une émergence très inquiétante des souches résistantes lesquelles nécessitent des actions urgentes. Dans la

présente étude, la sensibilité aux antibiotiques, comme le montrent les tableaux 4 à 7 a varié d'une entérobactérie d'un site à un autre (figure 4, tableaux 8 et 9). Les bactéries du genre *Salmonella* étaient le groupe le plus représentatif de l'échantillon, mais avec un taux de résistance aux antibiotiques inférieur à celui de *Klebsiella*. Le pourcentage de résistance aux antibiotiques de 72,57% a été calculé pour *Colibacille*, 62,71% pour les autres entérobactéries, 84,2% pour *Klebsiella* et enfin 72,28% pour *Salmonella*. Ces résultats concordent avec la conclusion de nombreuses études similaires effectuées sur les profils de résistance bactérienne aux antibiotiques administrés aux patients en République Démocratique du Congo et ailleurs. En effet, les prescriptions irrationnelles, des diagnostics incorrects (suivis d'antibiothérapies inutiles), l'automédication et l'emploi inadapté des médicaments en médecine humaine et vétérinaire, en particulier les antibiotiques, pourraient faire de la RD Congo, l'un des pays les plus touchés par l'antibiorésistance. L'une des hypothèses probables est que l'exposition prolongée des populations humaines ou des volailles aux antibiotiques, serait responsable de la généralisation de la résistance des bactéries aux traitements disponibles (Ukuhor 2021, Elton *et al.*, 2020, Lupande-Mwenebitu *et al.*, 2020, Simões *et al.*, 2019, Giacobello *et al.*, 2016, Prestinaci *et al.*, 2015, Ojo *et al.*, 2012, Girlich 2007). La distribution spatiale de la résistance bactérienne de microbiote des poules élevées en divagation dans la commune de Mont-Ngafula a révélé une forte hétérogénéité spatiale au niveau de la répartition par aire de santé avec un discret gradient de distribution de forte résistance du nord-Est vers le sud-Ouest. En effet, l'aire de Santé de Mama Yemo, contrairement à sa voisine (zone de santé de Kindele) ne présente que des faibles taux de résistance. La zone de santé de Sans-fil quant à elle ne présente que des taux d'antibiorésistance autour de 100% pour toutes les molécules. La résistance à

l'ampicilline est présente à des forts taux sur toutes les zones d'études. Cependant, dans tous les sites d'étude, il s'affiche des taux relativement faibles de résistance à la Ciprofloxacine. Au fait, les antibiotiques sont utilisés en fonction de leur accessibilité économique sans aucune prescription médicale dans cette partie de la ville province de Kinshasa et en République Démocratique du Congo en général. Ainsi, les dérivés de la pénicilline (Amoxicilline et dérivés) sont les premiers à être utilisés à cause de leur faible coût. Ces derniers étant résistants à certains germes, la population se tourne vers les céphalosporines pour plus d'effets thérapeutiques. Dans cette catégorie la ceftriaxone est beaucoup utilisée à cause de son prix abordable et de ce fait, les résistances se sont développées. Ces résultats corroborent les schémas de résistance aux antimicrobiens de *Staphylococcus hyicus* et *Staphylococcus aureus* isolés à partir de cas cliniques par Jeonghwa *et al.*, 2013. Par ailleurs, un usage irrationnel (par exemple la consommation d'antibiotiques pour des maladies virales) ou imprudent d'antibiotiques à large spectre, comme des céphalosporines entraînerait une résistance à la méticilline même pour des organismes n'ayant jamais été directement exposés à la pression sélective de la méticilline (Yam ELY 2019, Holmes *et al.*, 2016). On constate cependant que la tétracycline et la méticilline plus utilisées pour des usages locaux montrent une résistance moins marquée aux germes (Fig.6, Tableau 9). En effet, l'accessibilité économique ainsi le recours à de grandes quantités d'antibiotiques dans l'alimentation des volailles et dans l'agriculture feraient partie des causes probables d'antibiorésistance mais encore inaperçues dans la ville province de Kinshasa et en République Démocratique du Congo. La résistance bactérienne variant en fonction de l'habitat des poules en divagation résulterait aussi bien d'une évolution par sélection naturelle sur des Entérobactéries en éliminant

les bactéries sensibles se retrouvant dans les décharges publiques riches en matières fécales et principales sources d'approvisionnement en aliments pour les oiseaux commensaux y compris les poules en divagation. Selon le groupe Environnement qui a participé à la rédaction du rapport du Dr. Carlet (2015), les bactéries naturellement résistantes sont très fréquemment présentes dans l'environnement, elles peuvent infecter directement des humains et d'autres animaux, ou servir de réservoirs pour des gènes de résistance. Elles contribuent ainsi à l'enrichissement du pool de gènes de résistance portés par les bactéries pathogènes pour l'homme. De ce fait, les Entérobactéries des microbiotes intestinaux des poules acquerraient des mutations qui leur permettraient de survivre en se reproduisant et en transmettant à leur descendance leurs gènes de résistance. Ce qui permet la production rapide d'une génération de bactéries résistantes (Huiru Zhao *et al.* 2020, Prestinaci *et al.*, 2015. Les poules en divagations mangent dans les poubelles à ciel ouvert. Dans ce cas, il y aurait un double risque de transmission croissante des germes résistantes aux éleveurs et aux consommateurs de viande via la chaîne alimentaire et les échanges avec les oiseaux et autres écosystèmes comme stipulent les études similaires réalisées par Cassini *et al.*, 2019, Köck 2018, Chung *al.* 2018 et Prestinaci *et al.*, 2015. Les déchets des humains utilisés comme fumiers et les épandages de lisiers contiennent des microbes devenus résistants aux antibiotiques et qui pourraient ainsi également poser des problèmes éco épidémiologiques et de santé publique. Ainsi, les poules en

CONCLUSION

La pharmacorésistance augmente dans le monde et devient préoccupante à cause de l'arsenal chimique croissant mal utilisé. L'humanité se trouve aujourd'hui au carrefour d'une accélération alarmante de la résistance aux antibiotiques, aux insecticides et aux herbicides. Face à ce dilemme sociologique de

divagation lorsqu'elles se nourrissent des restes des humains et des aliments trouvés dans les jardins ne seraient pas épargnées par ce phénomène dit "de résistance croisée" (Katale *et al.*, 2020, D'Accolti *et al.*, 2019, Mourand *et al.*, 2016). On suppose que l'adaptation qui entraîne la résistance naît généralement de mutations génétiques aléatoires, ou fait suite à des échanges de gènes de résistance entre des bactéries (transformation génétique, transduction). La résistance provient souvent d'une perméabilité cellulaire sélectivement renforcée pour l'antibiotique, d'une activité enzymatique détruisant ainsi la molécule biocide, ou encore de l'entrée dans une phase de sporulation du microorganisme. Certaines bactéries stressées échangent spontanément des gènes de résistances avec d'autres bactéries proches (échanges dits « horizontaux », car ne nécessitant pas de transmission descendante de mère à fille (Pot 2021, Vanessa *et al.*, 2019). Selon un rapport AESA-ECDC publié début 2016, l'antibiorésistance tue plusieurs personnes dans le monde, et un grand nombre de volailles sont contaminées par des antibiotiques et porteuses de bactéries résistantes chez les poules et dindes. Les antibiorésistances sont de plus en plus fréquentes, en milieu d'élevage et dans l'environnement hospitalier [McEwen SA & Collignon 2018, Alonso *et al.*, 2017, Mourand *et al.*, 2016]. Les centres hospitaliers dispersés à travers la ville de Kinshasa ainsi que des activités agricoles et piscicoles en milieu urbain, joueraient un rôle très important dans l'accroissement de ce phénomène.

l'augmentation de la résistance aux pesticides, l'humanité devrait de toute urgence revoir sa dépendance aux produits chimiques pour assurer sa sécurité médicale et alimentaire future. De plus, la croissance des échanges mondiaux accélère la diffusion d'espèces résistantes qui, hors de leurs régions d'origine,

peuvent aussi devenir « invasives ». Une « mauvaise utilisation » des biocides chimiques peut accélérer ou aggraver ces résistances, avec d'importants dommages collatéraux « généralisés aux systèmes naturels, sociaux et économiques ». Il faut une réglementation rigoureuse, cohérente et respectée des prescriptions et usages de biocides/antibiotiques (médicaux et vétérinaires), associée à des mesures d'hygiène, à des barrières physiques aux ravageurs des cultures. Les résultats de cette étude ont permis de démontrer que le phénomène de résistance croisée est de plus en plus croissant dans la ville province de Kinshasa. De ce fait, il y a une urgence de sensibiliser la population et les dirigeants pour la mise en place des stratégies et de mode de vie corrects dans l'emploi des produits chimiques en tant qu'engrais dans

l'agriculture, médicaments ou autres additifs alimentaires. Il faut noter que ces résultats seront utilisés dans les études *in silico* pour le développement pharmacochimique des antibiotiques auxquels les germes pourraient être sensibles. Par ailleurs, cette étude constitue une base très solide pour comprendre comment le microbiote intestinal est au cœur de la problématique de la multirésistance bactérienne. Elle nous permettra d'aborder dans les recherches ultérieures les différentes phases de la colonisation par des bactéries multirésistantes et leurs déterminants, particulièrement le rôle des antibiotiques et l'influence des densités intestinales des bactéries multirésistantes dans la survenue d'infections et de transmissions croisées. Enfin, nous verrons quels sont les moyens actuels et à venir de lutte contre la colonisation intestinale à bactéries multirésistantes.

RÉFÉRENCES

- Alonso CA, Zarazaga M, Ben Sallem R, Jouini A, Ben Slama K, Torres C. Antibiotic resistance in *Escherichia coli* in husbandry animals: the African perspective. *Lett Appl Microbiol.* mai 2017; 64(5) :318-34.
- Ashley EA, Lubell Y, White NJ, Turner P. Antimicrobial susceptibility of bacterial isolates from community acquired infections in Sub-Saharan Africa and Asian low- and middle-income countries. *Trop Med Int Health.* sept 2011; 16(9):1167-79.
- AWaRe. The 2019 WHO AWaRe classification of antibiotics for evaluation and monitoring of use. World Health Organization 2019 ; Disponible sur : <http://apps.who.int/iris> consulté en janvier 2021.
- Boussena Sabrina. Manuel des Travaux Pratiques de Bactériologie. Université des Frères Mentouri 1. 2019. (Institut des Sciences Vétérinaires Département de Productions Animales).
- Burnham JP, Olsen MA, Kollef MH. Re-estimating annual deaths due to multidrug-resistant organism infections. *Infect Control Hosp Epidemiol.* janv 2019 ; 40(1):112-3.
- Cardinale E, Jean-Marc Collard, Harena Rasamoelina Andriamanivo, Cetre-Sossah C, Hérault JM, Flachet L. Le Concept One Health dans l'Océan Indien : Un concept en action! 2018; Disponible sur: <http://rgdoi.net/10.13140/RG.2.2.22551.80805> consulté en janvier 2021.
- Carlet. Antibiorésistance et environnement, 2015 *in* Soubelet H, Morel G. Rapport. Ministère de l'Environnement, de l'Énergie et de la Mer, en Charge des Relations Internationales sur le Climat/ Direction de la recherche de l'innovation. Febr 2017 : 1-4. Disponible sur : <https://www.ecologie.gouv.fr/sites/default/files/Th%C3%A9matique%20Antibior%C3%A9sistance%20et>

- [%20environnement.pdf](#) consulté en janvier 2023.
- Cassini A, Högberg LD, Plachouras D, Quattrocchi A, Hoxha A, Simonsen GS, *et al.*, Attributable deaths and disability-adjusted life-years caused by infections with antibiotic-resistant bacteria in the EU and the European Economic Area in 2015: a population-level modelling analysis. *Lancet Infect Dis.* janv 2019; 19(1):56-66.
- Chung DM, Ferree E, Simon DM, Yeh PJ. Patterns of Bird-Bacteria Associations. *EcoHealth.* Sept 2018; 15(3):627-41.
- D'Accolti M, Soffritti I, Mazzacane S, Caselli E. Fighting AMR in the Healthcare Environment: Microbiome-Based Sanitation Approaches and Monitoring Tools. *Int J Mol Sci.* 27 mars 2019; 20(7):1535.
- Elton L, Thomason MJ, Tembo J, Velavan TP, Pallerla SR, Arruda LB. Antimicrobial resistance preparedness in sub-Saharan African countries. *Antimicrob Resist Infect Control.* déc 2020; 9(1):145.
- Ferri M, Ranucci E, Romagnoli P, Giaccone V. Antimicrobial resistance: A global emerging threat to public health systems. *Crit Rev Food Sci Nutr.* 2 sept 2017; 57(13):2857-76.
- Frost I, Van Boeckel TP, Pires J, Craig J, Laxminarayan R. Global geographic trends in antimicrobial resistance: the role of international travel. *J Travel Med.* 23 déc 2019 ;26(8)36p
- Getahun H, Smith I, Trivedi K, Paulin S, Balkhy HH. Tackling antimicrobial resistance in the COVID-19 pandemic. *Bull World Health Organ.* 1 juill 2020 ; 98(7):442-442A.
- Giacopello C, Foti M, Mascetti A. Antimicrobial resistance patterns of Enterobacteriaceae in European wild bird species admitted in a wildlife rescue centre. *Vet Ital.* 2016 ; 52(2):139-44.
- Girlich D, Poirel L, Carattoli A, Kempf I, Lartigue M-F, Bertini A, *et al.*, Extended-Spectrum β -Lactamase CTX-M-1 in *Escherichia coli* Isolates from Healthy Poultry in France. *Appl Environ Microbiol.* 15 juill 2007; 73(14):4681-5.
- Glass. Global Antimicrobial Resistance Surveillance System (GLASS) Report early implementation. Geneva: © World Health Organization 2018; 2018 p. 268.
- Grond K, Sandercock BK, Jumpponen A, Zeglin LH. The avian gut microbiota: community, physiology and function in wild birds. *J Avian Biol.* nov 2018; 49(11):e01788.
- Grundmann H, Klugman KP, Walsh T, Ramon-Pardo P, Sigauque B, Khan W, *et al.*, A framework for global surveillance of antibiotic resistance. *Drug Resist Updat.* avr 2011 ; 14(2):79-87.
- Gwenaëlle Mourand, Agnès Perrin-Guyomard, Isabelle Kempf, 2016- Antibiorésistance de *Campylobacter* Jejuni isolés de poulets et dindes de chair en France. *Bulletin épidémiologique santé animale-alimentation*, pages 1-10.
- Holmes AH, Moore LSP, Sundsfjord A, Steinbakk M, Regmi S, Karkey A, *et al.*, Understanding the mechanisms and drivers of antimicrobial resistance. *The Lancet.* janv 2016; 387(10014):176-87.
- Huiru Zhao, Ruonan Sun, Pingfeng Yu, Pedro J.J. Alvarez. High levels of antibiotic resistance genes and opportunistic pathogenic bacteria indicators in urban wild bird feces. Elsevier. 2020; 115200:266.
- Iteku Bekomo, J., Moswala Likabo, D. Lelo

- Pambu, A., Ngiala Bongo, G., Katunda, R., Metila, L.O., Kasili Lumande, J. Microbiological Analysis and Identification of Pathogenic Microorganisms on Currency Notes (Congolese Francs) in Kinshasa, Democratic Republic of the Congo. *Journal of Advances in Microbiology*, 2020; 20: 16-30
- Jeonghwa P, Friendship RM, Zvonimir Poljak, Weese J. S, Dewey C.E. Une enquête sur l'épidermite exsudative (maladie du cochon gras) et les schémas de résistance aux antimicrobiens de *Staphylococcus hyicus* et *Staphylococcus aureus* isolés à partir de cas cliniques. Can Vet J. 2013 février ; 54(2) : 139–144.
- Julian davién, Dorothy davis. Origins and Evolution of Antibiotic Resistance. *Microbiol mol biol.* sept 2010;74 (3)(417):43.
- Katale BZ, Misinzo G, Mshana SE, Chiyangi H, Campino S, Clark TG, *et al.*, Genetic diversity and risk factors for the transmission of antimicrobial resistance across human, animals and environmental compartments in East Africa: a review. *Antimicrob Resist Infect Control.* déc 2020;9(1):127.
- Kisasa k. Robert, Nduaya N. Clarisse, Kafuti Chadrack, Ekumbo Babby, Ngandu Michel, Liesse Jean Marie & Mbundu L. Cyprien. Bacterial Pathogens in Cattle Egret (*Bubulcus ibis*) and Pied Crow (*Corvus albus*) in Kinshasa, Democratic Republic of the Congo. *OAL Journal* 2021; 08(4) : 1-10.
- Köck R, Daniels-Haardt I, Becker K, Mellmann A, Friedrich AW, Mevius D Carbapenem-resistant Enterobacteriaceae in wildlife, food-producing, and companion animals: a systematic review. *Clin Microbiol Infect.* déc 2018;24(12):1241-50.
- Laviad-Shitrit S, Izhaki I, Lalar M, Halpern M. Comparative Analysis of Intestine Microbiota of Four Wild Waterbird Species. *Front Microbiol.* 20 août 2019; 10:1911.
- Lupande-Mwenebitu D, Baron SA, Nabti LZ, Lunguya-Metila O, Lavigne J-P, Rolain J-M. Current status of resistance to antibiotics in the Democratic Republic of the Congo: A review. *J Glob Antimicrob Resist.* sept 2020; 22:818-25.
- McEwen SA, Collignon PJ. Antimicrobial Resistance: a One Health Perspective. In: Schwarz, Cavaco, Shen, éditeurs. *Antimicrobial Resistance in Bacteria from Livestock and Companion Animals* [Internet]. American Society of Microbiology; 2018
- Mouiche MMM, Moffo F, Akoachere J-FTK, Okah-Nnane NH, Mapiefou NP, Ndze VN. antimicrobial resistance from a one health perspective in Cameroon: a systematic review and meta-analysis. *BMC Public Health.* déc 2019;19(1):1135.
- Muylaert A., Mainil J.G. Résistances bactériennes aux antibiotiques : les mécanismes et leur « contagiosité ». *Annu Médecine Vét.* 2012 ;2012(156):109-23.
- Niamke, L.S, Karou, GTA, Goualie, BG, Konan, LM et Kourou GT. Évolution de la résistance aux antibiotiques de *Campylobacter* sp. isolés de poulets de chair à Abidjan, Cote d'Ivoire. *Journal of Applied Biosciences.* 2020: 148(1) : 15202-15208.
- O'Neill J. Tackling Drug-Resistant Infections Globally Final Report and Recommendations. London, UK; 2016 mai p. 18.
- Ojo OE, Ogunyinka OG, Agbaje M, Kehinde OO, Oyekunle MA. Antibigram of Enterobacteriaceae isolated from free-range chickens in Abeokuta, Nigeria. *Vet Arh.* 2012 ;14.

- OMS. Plan d'action mondial pour combattre la résistance aux antimicrobiens [Internet]. 2016. Disponible sur: (www.who.int)
- Ouedraogo AS, Jean Pierre H, Bañuls AL, Ouédraogo R, Godreuil S. Emergence and spread of antibiotic resistance in West Africa : contributing factors and threat assessment. *Médecine Santé Trop.* mai 2017; 27(2):147-54.
- Parsonage B, Hagglund PK, Keogh L, Wheelhouse N, Brown RE, Dancer SJ. Control of Antimicrobial Resistance Requires an Ethical Approach. *Front Microbiol.* 2 nov 2017 ; 8:21-24.
- Poirel L, Potron A, De La Cuesta C, Cleary T, Nordmann P, Munoz-Price LS. Wild Coastline Birds as Reservoirs of Broad-Spectrum- β -Lactamase-Producing Enterobacteriaceae in Miami Beach, Florida. *Antimicrob Agents Chemother.* mai 2012;56(5):2756-8.
- Pot M. Échanges de gènes de résistance entre bactéries de différents biotopes. Thèse-Univ. des Antilles, Sc. Nat. 2021, 313pages.
- Prestinaci F, Pezzotti P, Pantosti A. Antimicrobial resistance: a global multifaceted phenomenon. *Pathog Glob Health.* 3 oct 2015; 109(7):309-18.
- Simões RR, Poirel L, Da Costa PM, Nordmann P. Seagulls and Beaches as Reservoirs for Multidrug-Resistant research and framework: insights from the French longterm social-ecological research network. *Resil Alliance.* 2019; *Ecology and Society* (24(3): 10):12.
- Théophile MK, Archippe BM, David LM, Mihuhi N, Mutendela JK, Kanigula M. Antibiorésistance des souches de *Salmonella* ssp isolées des hémocultures à Bukavu en RD Congo. *Pan Afr Med J* [Internet]. 2018 [cité 23 févr 2021];29. Disponible sur: <http://www.panafrican-med-journal.com/content/article/29/42/full>
- Ukuhor HO. The interrelationships between antimicrobial resistance, COVID-19, past, and future pandemics. *J Infect Public Health.* janv 2021;14(1):53-60.
- Van Puyvelde S, Pickard D, Vandelanoot K, Heinz E, Barbé B, de Block T, *et al.*, An African *Salmonella typhimurium* ST313 sublineage with extensive drug-resistance and signatures of host adaptation. *Nat Commun.* déc 2019;10(1):4280.
- Vanessa R. Marcelino, Wille M, Hurt AC, González-Acuña D, Klaassen M, Schlub TE, *et al.*, Metatranscriptomics reveals a diverse antibiotic resistance gene pool in avian microbiomes. *BMC Biol.* déc 2019; 17(1):31.
- Vittecoq M, Godreuil S, Prugnotte F, Durand P, Brazier L, Renaud N, *et al.*, Antimicrobial resistance in wildlife. McCallum H, éditeur. *J Appl Ecol.* avr 2016; 53(2):519-29.
- Yam ELY, Hsu LY, Yap EP-H, Yeo TW, Lee V, Schlundt J, *et al.*, Antimicrobial Resistance in the Asia Pacific region: a meeting report. *Antimicrob Resist Infect Control.* déc 2019;8(1):202.
- Zhen X, Lundborg CS, Sun X, Hu X, Dong H. Economic burden of antibiotic resistance in ESKAPE organisms: a systematic review. *Antimicrob Resist Infect Control.* déc 2019;8(1):137.
- Zinsstag J, Schelling E, Waltner-Toews D, Tanner M. From “one medicine” to “one health” and systemic approaches to health and well-being. *Prev Vet Med.* sept 2011;101(3-4):148-56.