

Salmonella* en milieu hospitalier au Niger : sérotypes et gènes de résistance isolés au laboratoire de biologie de l'hôpital National de Niamey.*Hospital-Based *Salmonella* in Niger : Serotypes and Resistance Gene Analysis**

Boubacar MS^{1,2}, Sahada MS^{1,3}, Djibo RT², Laouali B², Ousmane A⁴

1 Faculté des sciences de la santé, Université Abdou Moumouni (République du Niger).

2. Laboratoire de biologie médicale, Hôpital National de Niamey (République du Niger).

3. Service des maladies infectieuses, Hôpital National de Niamey (République du Niger).

4. Faculté des sciences de la santé, Université Dan Dicko Dan Koulodo (République du Niger).

***Auteur correspondant :** Marou Soumana Boubacar : marouboubacar@gmail.com ; Faculté des sciences de la santé, Université Abdou Moumouni, BP : 10 896 Niamey (République du Niger).

Résumé

Introduction : *Salmonella* spp. est une entérobactérie impliquée dans les gastroentérites et la fièvre typhoïde. Elle constitue une préoccupation majeure de santé publique en raison de son potentiel épidémique et de l'émergence croissante de souches résistantes aux antibiotiques. L'objectif de cette étude était de caractériser le profil sérotypique et les gènes de résistance des isolats de *Salmonella* identifiés au laboratoire de biologie médicale de l'Hôpital National de Niamey. **Méthodologie :** L'isolement des souches a été réalisé sur milieu Hektoen, l'identification des espèces par galerie API 20E, et l'antibiogramme par la méthode de diffusion de disques sur gélose Muller Hinton (MH) selon les directives de l'EUCAST, pour la ciprofloxacine et la lévofloxacine l'E-test a été utilisé. Les souches ont ensuite été conservées par congélation puis envoyées à l'Institut Pasteur de Dakar pour le sérotypage et la recherche de gènes de résistance. **Résultats :** au total, 39 souches de *Salmonella* ont été isolées parmi 1405 cultures positives, correspondant à une prévalence de 2,8 %. La majorité des cas concernait des enfants de moins de 6 ans. Une douzaine de sérovars ont été identifiés, avec une prédominance du sérovar *Enteritidis*. Une seule souche du sérovar Typhi a été détectée. Dans l'ensemble, les isolats présentaient une faible résistance aux antibiotiques testés. Toutefois, 11,11 % des souches exprimaient un phénotype BLSE. Les principaux gènes de résistance identifiés étaient blaCTX-M-15, blaOXA-1, TEM-1, qnrB, et aac(6)-Ib-cr. **Conclusion :** Le phénomène de résistance aux antibiotiques, notamment aux fluoroquinolones, est clairement perceptible dans les souches analysées.

Mots-clés : *Salmonella*, sérovar, antibiorésistance, gènes de résistance, Niger.

Abstract

Introduction : *Salmonella* spp. is an enterobacterium implicated in gastroenteritis and typhoid fever. It represents a major public health concern due to its epidemic potential and the increasing emergence of antibiotic-resistant strains. This study aimed to characterize the serotypic profiles and resistance genes of *Salmonella* isolates identified at the medical biology laboratory of the National Hospital of Niamey. **Methods :** Strain isolation was performed on Hektoen agar, species identification using the API 20E gallery, and antimicrobial susceptibility testing according to EUCAST guidelines. Isolates were subsequently cryopreserved and sent to the Pasteur Institute in Dakar for serotyping and molecular detection of resistance genes. **Results :** a total of 39 *Salmonella* strains were isolated from 1,405 positive cultures, corresponding to a prevalence of 2.8%. Most cases involved children under six years of age. Approximately twelve serovars were identified, with *Enteritidis* being predominant. Only one strain of the Typhi serovar was detected. Overall, the isolates exhibited low resistance to the antibiotics tested. However, 11.11% of the strains expressed an ESBL phenotype. The main resistance genes identified were blaCTX-M-15, blaOXA-1, TEM-1, qnrB, and aac(6)-Ib-cr. **Conclusion :** Antibiotic resistance, especially to fluoroquinolones, is distinctly evident in the strains examined.

Keywords : *Salmonella*, serovar, antimicrobial resistance, Niger.

INTRODUCTION

Salmonella est une bactérie dont la niche écologique correspond au tractus intestinal des animaux, y compris de l'être humain. Elle figure parmi les agents pathogènes suscitant un vif intérêt en santé publique. En effet, cette bactérie représente la deuxième cause mondiale de gastro-entérite chez l'homme. Elle est responsable d'environ 100 millions de cas de salmonellose et de 160 000 décès chaque année dans le monde [1].

Les Centres américains pour le contrôle et la prévention des maladies (Centers for Disease Control and Prevention, CDC) estiment qu'environ 1,35 million de personnes contractent chaque année la salmonellose aux États-Unis [2].

En France, le Centre national de référence (CNR) des salmonelloses humaines, basé à l'Institut Pasteur et chargé de la surveillance microbiologique, répertorie chaque année entre 8 000 et 13 000 isollements de *Salmonella* chez l'être humain (12 118 cas en 2023) [3].

En Afrique, la prévalence de *Salmonella* isolée chez l'être humain est estimée à 5,21 %. Elle atteint 9,76 % selon une étude réalisée au Niger [4].

Depuis les années 1990, les souches de *Salmonella* isolées en clinique humaine présentent une résistance croissante aux antimicrobiens, avec parfois des profils multirésistants incluant des antibiotiques de dernière génération [5]. Cette émergence de résistances appelle à une vigilance renforcée dans les stratégies thérapeutiques et les dispositifs de surveillance épidémiologique.

La détermination des sérotypes des souches de *Salmonella* représente un pivot fondamental pour caractériser leur virulence, anticiper les profils de résistance aux antibiotiques et décrypter leur dynamique épidémiologique à l'échelle locale.

L'objectif de cette étude est de rapporter les sérotypes et les gènes de résistance des souches de *Salmonella* isolées au laboratoire de biologie médicale de l'Hôpital National de Niger.

MATERIEL ET METHODES

L'étude a été réalisée au laboratoire de biologie de l'Hôpital national de Niamey et à l'Institut Pasteur de Dakar, sur la période allant de novembre 2022 à décembre 2023.

Tous les échantillons reçus et traités par l'unité de bactériologie durant cette période ont été inclus.

Les souches de *Salmonella* ont été isolées à partir de divers prélèvements humains : selles, urines, pus et liquides de ponction. L'isolement des souches a été réalisé sur milieu Hektoen, l'identification des espèces par galerie API 20E, et l'antibiogramme par la méthode de diffusion de disques sur gélose Muller Hinton (MH) selon les directives de l'EUCAST et pour la ciprofloxacine et la lévofloxacine l'E test a été utilisé.

Dix-sept antibiotiques, répartis en quatre familles pharmacologiques, ont été testés (Tableau I).

Les isolats de *Salmonella* ont été conservés par congélation à moins 80 degré Celsius dans des cryotubes contenant des cryobilles et un milieu de conservation (bouillon trypticase soja). Cette étape visait à stocker les souches avant leur envoi à l'Institut Pasteur de Dakar.

Les souches collectées ont été adressées à l'Institut Pasteur de Dakar pour un sérotypage par agglutination sérique sur lame réalisé selon le schéma de Kauffmann-White-Le Minor, ainsi qu'une caractérisation moléculaire par PCR classique (recherche de gènes de résistance).

Tous les échantillons biologiques ont été recueillis dans le cadre de la prise en charge clinique de routine des patients, dans le respect de leur anonymat. La Liste des disques d'antibiotiques testés a été présentée dans le tableau I.

Les données obtenues ont été traitées à l'aide des logiciels Microsoft Excel 2016 et Epi Info 7.2.

Tableau I: Liste des disques d'antibiotiques testés

Famille	Antibiotiques	Symbole	Charge (µg)
β-lactamines	Amoxicilline	AMO	20
	Amoxicilline + acide clavulanique	AMC	20
	Ticarcilline	TIC	75
	Ticarcilline + acide clavulanique	TCC	75
	Ceftriaxone	CRO	30
	Ceftazidime	CAZ	30
	Céfoxitine	FOX	30
	Céfalexine	CXN	30
	Céfépime	FEP	30
	Imipénème	IPM	10
	Ertapénème	ETP	10
	Tobramycine	TMN	10
Aminosides	Amikacine	AKN	30
Fluoroquinolones	Péfloxacin	PEF	5
Sulfamides	Triméthoprime/sulfaméthoxazole	SXT	1,25/23,75

RESULTATS

❖ Caractéristiques sociodémographiques

La tranche d'âge la plus représentée était celle des enfants de 1 à 5 ans, avec une fréquence de 38 %. L'âge moyen des patients inclus dans l'étude était de 10,48 ans, avec des extrêmes allant de 22 jours à 48 ans.

La majorité des patients (84,62 %) était suivie en ambulatoire, indiquant une provenance communautaire.

Les quelques échantillons internes provenaient la plupart des services de pédiatrie et des services de maladies infectieuses.

❖ Caractéristiques bactériologiques

Au cours de la période d'étude, un total de 1 405 souches bactériennes a été isolé à partir des cultures, dont 39 souches de *Salmonella*, soit une prévalence de 2,8 %.

Parmi les souches de *Salmonella* isolées, 18 ont fait l'objet d'une identification plus précise par sérotypage, le test de revivification s'étant avéré négatif pour les autres.

Toutes appartenaient à l'espèce *Salmonella enterica*, et 83,3 % à la sous-espèce *S. enterica subsp. enterica*.

Douze sérovars distincts ont été identifiés, dont *Salmonella* sérovar *Enteritidis*, le plus représenté avec 3 isolats (16,67 %).

Par ailleurs, trois souches — une de formule antigénique I 9:g,m:1,5: et deux de formule I 8:i: — ne présentaient pas de correspondance dans le schéma de Kauffmann-White-Le Minor. Un seul sérovar *Typhi* a été recensé.

La répartition des sérovars est présentée dans le tableau II.

Tableau II: Répartition des différents sérovars

Sérovars	Effectif	%
Agona	1	5,56
Banana	1	5,56
Chester	1	5,56
Cubana	1	5,56
Enteritidis	3	16,67
Kaapstad	2	11,11
Miami	1	5,56
Mississippi	1	5,56
Nima	1	5,56
Poona	1	5,56
Typhi	1	5,56
Virchow	1	5,56
Non répertorié dans le schéma de Kauffman-White	3	16,67
Total	18	100

❖ Profil de résistance aux antibiotiques

Parmi les souches étudiées, les phénotypes suivants ont été observés :

Deux phénotypes BLSE :

- Le sérovar Banana, résistant à l'amoxicilline, à l'amoxicilline-acide clavulanique, à la ticarcilline, à la ticarcilline-acide clavulanique, à la céfalexine, à la ceftriaxone, à la ceftazidime et à la céfépime. Cette souche présentait également une résistance aux aminosides (tobramycine, amikacine), à la péfloxacin et à la triméthoprim/sulfaméthoxazole.
- La souche de formule antigénique I 9:g,m:1,5:, était résistante aux mêmes molécules, mais aussi à toutes les fluoroquinolones testées (CMI de la ciprofloxacine mesurée à 2 mg/L).

Trois phénotypes producteurs de pénicillinase à bas niveau : les trois sérovars *Enteritidis*.

Les 13 souches restantes présentaient un phénotype sauvage.

Il ressort de cette étude un faible niveau de résistance aux bêta-lactamines, les taux les plus élevés ayant été observés pour l'amoxicilline et la ticarcilline (27,8 %).

Aucune résistance n'a été constatée à la céfoxitine, à l'imipénème et à l'ertapénème, en concordance avec les phénotypes identifiés.

Concernant les aminosides, le taux de résistance à la tobramycine a atteint 11,1 %, tandis qu'aucune souche n'a montré de résistance à l'amikacine.

Le taux de résistance à la triméthoprim-sulfaméthoxazole était de 16,7 %.

S'agissant des fluoroquinolones, une résistance de 22,2 % a été observée à la péfloxacin.

L'interprétation des CMI a révélé une résistance de 44,4 % à la ciprofloxacine et de 22,2 % à la lévofloxacine.

Globalement, 72,22 % des souches n'ont présenté aucune résistance aux antibiotiques testés.

Toutefois, certaines souches ont montré une résistance à plus de deux molécules (Tableau III).

❖ Caractérisation génétique

La présence de plasmides a été détectée chez la moitié des souches soumises à l'analyse génétique, soit 50 %.

Chez le sérovar Banana, les gènes de résistance bla_{CTX-M-15} et bla_{OXA-1} ont été identifiés, bien qu'aucun plasmide n'ait été retrouvé.

La seconde souche de phénotype BLSE (formule antigénique I 9:g,m:1,5:) présentait, en plus des gènes bla_{CTX-M-15} et bla_{OXA-1}, le gène bla_{TEM-1B}, ainsi que aac(6)-Ib-cr, sul2 et qnrB. Des plasmides ont été détectés : IncFII, IncFIB, IncHI2A et IncHI2.

Les trois sérovars Enteritidis de phénotype PBN étaient tous porteurs de plasmides : IncI1_1_Alpha, IncQ1_1 (identifié deux fois) et IncI1.

Tableau III: Fréquence de résistance aux antibiotiques des différents sérovars

Sérovar	Résistance			
	0 ATB	1 ATB	2-5 ATB	>5 ATB
Cubana	+			
2 Kaapstad	++			
Virchow	+			
NR/ KW	++			+
3 Enteritidis			+++	
Agona	+			
Typhi	+			
Nima	+			
Miami	+			
Banana				+
Chester	+			
Poona	+			
Mississippi	+			
Total	13	0	3	2
Fréquence (%)	72,22	0	16,67	11,11

DISCUSSION

La prévalence des souches de *Salmonella* isolées dans cette étude était de 2,8 %. Un résultat similaire (2 %) a été rapporté au Tchad par Abba et al. (2023) [6]. Ces chiffres doivent être pris en considération, compte tenu du potentiel pathogène de toute souche de *Salmonella* et de la gravité potentielle de la salmonellose chez les populations à faible immunité.

L'âge moyen des patients inclus dans l'étude était de 10,48 ans, avec des extrêmes allant de 22 jours à 48 ans. La tranche d'âge la plus représentée était celle de 1 à 5 ans. La prédominance des cas dans cette classe d'âge a été décrite par Moussa Souna (2014) [7] et Maikabi Moussa (2023) [8]. Cette population correspond à un groupe d'âge qui n'est pas encore sensibilisé aux règles élémentaires d'hygiène, auquel s'ajoute un système immunitaire encore immature.

Des différences de prévalence ont été observées selon la nature du prélèvement. La prévalence la plus élevée a été constatée dans les prélèvements de selles (77 %), ce qui s'explique

par le fait que *Salmonella* spp. demeure une entérobactérie.

À l'issue de l'étude, douze sérovars distincts ont été identifiés. *Salmonella* ser. Enteritidis présentait la fréquence la plus élevée (16,67 %) ; il s'agissait également du sérovar le plus couramment retrouvé dans l'étude menée par Abba et al. (2023) [6]. Ces résultats sont en concordance avec les données disponibles dans la littérature.

Toutefois, le sérovar le plus fréquemment isolé par Moussa Souna (2014) [7] était *Salmonella* ser. Typhi, avec une prévalence de 23,08 %. Cette différence pourrait refléter une amélioration des conditions d'hygiène au sein des populations, entraînant ainsi une réduction de la transmission interhumaine.

L'étude du profil de résistance a montré que, d'une manière générale, les souches de *Salmonella* étaient majoritairement peu résistantes aux antibiotiques testés : sur les 18 souches, 13 présentaient un phénotype sauvage. Cependant, 27,7 % d'entre elles étaient résistantes à au moins un antibiotique, et 11,11 % étaient des bactéries multirésistantes (BMR). Maikabi Moussa (2023) [8] avait retrouvé respectivement 38,09 % de résistance à un antibiotique et 9,52 % de BMR.

Dans notre étude, 44,4 % des isolats ont présenté une résistance à la ciprofloxacine, 22,2 % à la péfloxacinine et à la lévofloxacine, 27,8 % à l'amoxicilline et à la ticarcilline, et 16,7 % à la triméthoprim-sulfaméthoxazole.

Les taux de résistance aux fluoroquinolones étaient plus faibles que dans l'étude de Moussa Souna (2014) [7], avec 8,1 % à la ciprofloxacine et 10,5 % à la péfloxacinine. Des résultats similaires ont été rapportés dans l'étude de Maikabi Moussa (2023) [8], avec 4,76 % de résistance à la ciprofloxacine et 9,52 % à la lévofloxacine. Kashosi et al a rapporté un taux de résistance de *Salmonella* spp à la ciprofloxacine de 8,3 % [10].

Cette résistance aux fluoroquinolones est préoccupante, car ces molécules constituent des antibiotiques de première intention dans le traitement des salmonelloses.

Les analyses génétiques menées ont permis de déterminer si les souches étudiées portaient ou non des gènes déjà identifiés, dont le lien direct avec l'expression d'enzymes de résistance est établi.

Il a ainsi été mis en évidence l'existence de gènes de résistance aux bêta-lactamines et aux

fluoroquinolones chez les deux souches productrices de BLSE isolées.

Toutes deux portent le gène codant pour l'enzyme CTX-M, ce qui explique leur résistance accrue aux céphalosporines de troisième génération (C3G).

Le gène TEM-1 code pour l'enzyme du même nom, l'une des plus courantes, capable d'hydrolyser les pénicillines.

Les gènes *qnrB* et *aac(6')-Ib-cr*, d'origine plasmidique, codent pour des enzymes qui confèrent une protection contre l'action des quinolones. Cela explique probablement la résistance du sérovar I 9:g,m:1,5: à l'ensemble des fluoroquinolones testées.

La présence de plasmides favorise l'acquisition de résistances extrachromosomiques. Les entérobactéries possèdent une capacité marquée à acquérir et échanger des gènes porteurs de facteurs de résistance, et la flore intestinale constitue un environnement particulièrement propice à la circulation de l'information génétique entre bactéries [9].

Les résultats de la présente étude corroborent ceux de la littérature concernant la tranche d'âge la plus touchée par les infections à *Salmonella*. En effet, les enfants demeurent les plus atteints par ces pathogènes.

Il en va de même pour les sérovars, *Salmonella* ser. Enteritidis figurant parmi les plus fréquemment impliqués dans la survenue des salmonelloses [11].

CONCLUSION

Le phénomène de résistance aux antibiotiques, notamment aux fluoroquinolones, est clairement perceptible dans les souches analysées.

Il conviendrait d'envisager l'intégration des trois sérovars nouvellement identifiés dans le schéma officiel de sérotypage des *Salmonella*. Par ailleurs, une étude multicentrique, conduite sur une période plus étendue, permettrait de mieux cartographier les clones circulants au Niger ainsi que leur profil de résistance aux antibiotiques.

Intérêts concurrents : les auteurs déclarent qu'ils n'ont pas d'intérêts concurrents.

RÉFÉRENCES

1. World Health Organization. Food safety [Internet]. Geneva : WHO ; 2023 [Consulté le 4 sept 2025]. Disponible sur : <https://www.who.int/fr/news-room/fact-sheets/detail/food-safety>
2. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). National Enteric Disease Surveillance : Salmonella surveillance overview. Atlanta (GA) : US Department of Health and Human Services ; 2011.
3. Institut Pasteur. Rapport d'activité du CNR des *Escherichia coli*, *Shigella*, *Salmonella*. 2023. Disponible sur : <https://www.pasteur.fr> Consulté le 04 sept 2025
4. Alio Sanda A, Samna Soumana O, Inoussa MM, Diallo BA, Bakasso Y. Prévalence et diversité de *Salmonella* en Afrique : analyse qualitative et quantitative. Eur Sci J. 2017 ;13(30):250
5. Nacer S, El Ftouhy F, Nassik S, Lkhider M. *Salmonella* spp : entre l'aspect zoonotique et l'antibiorésistance, quel enjeu pour le secteur de l'aviculture ? Mor J Agr Vet Sci. 2021 ;9(3).
6. Abba H, Antipas BB, Nikiema EM, Ouoba JB, Gamougame K, Bako E, et al. Prévalence et caractérisation des sérotypes de *Salmonella* isolées au CHU la Référence Nationale de N'Djaména au Tchad. Int J Biol Chem Sci. 2023 ;17(6):2215–24. doi :10.4314/ijbcs.v17i6.7
7. Moussa Souna H. Aspects bactériologiques et épidémiologiques des infections à salmonelles à l'Hôpital National de Lamordé : bilan 2011–2013 [thèse de doctorat]. Niamey : Faculté des Sciences de la Santé, Université Abdou Moumouni ; 2014.
8. Maikabi Moussa H. Fréquence et profil de résistance aux antibiotiques des souches de salmonelles isolées à l'Hôpital National Amirou Boubacar Diallo de Niamey [thèse de doctorat]. Niamey : Faculté des Sciences de la Santé, Université Abdou Moumouni ; 2023.
9. Martel JL. Epidémiosurveillance de l'antibiorésistance des bactéries pathogènes chez l'animal. Epidemiol Santé Anim. 1996;(29):107–20.
10. Kashosi T M, Muhandule A B, Mwenebitu D L et al. Antibio-résistance des souches de *Salmonella* spp isolées d'hémocultures à Bukavu en RD Congo. Pan African Medical Journal. 2018 Jan 17 ; 29 :42.
11. Branchu P, Bawn M, Kingsleya R A. Genome Variation and Molecular Epidemiology of *Salmonella enterica* Seroovar Typhimurium Pathovariants. Infect Immun. Aug 2018 ; 86 (8) : 1-