

# International Journal of Health Sciences (IJHS)

**Profils D'antibiorésistance et Implications pour la Sante Publique à  
Kisangani, Rdc**



## Profils D'antibiorésistance et Implications pour la Sante Publique à Kisangani, RDC

 <sup>1\*</sup>Papy Mwanga Kimbalambala, <sup>2</sup>Evariste Loke Lobanga, <sup>2</sup>Solomo Basile, <sup>2</sup>René Oleko Woto

<sup>1</sup>Institut Supérieur des Techniques Médicales de Kisangani (RDC)

<sup>2</sup>Université de Kisangani, Faculté de Sciences Naturelles et de Biotechnologie (RDC)

<https://orcid.org/0009-0004-2027-7979>

*Accepted: 3<sup>rd</sup> April, 2026, Received in Revised Form: 12<sup>th</sup> April, 2026, Published: 23<sup>rd</sup> April, 2026*

### Résumé

**But de l'étude :** Cette recherche évalue le profil de résistance aux antibiotiques des bactéries pathogènes à Kisangani afin de caractériser les tendances locales et d'optimiser la prise en charge thérapeutique.

**Méthodologie :** Étude transversale (janvier-juin 2025) portant sur 271 patients. L'identification bactérienne a utilisé le système automatisé VITEK® 2, et l'antibiogramme a suivi les normes internationales CLSI 2023 et EUCAST 2024.

**Résultat :** Les analyses révèlent une prédominance d'*E. coli*, *K. pneumoniae* et *S. aureus*. Des taux de résistance alarmants sont observés pour les  $\beta$ -lactamines et les fluoroquinolones, avec une émergence marquée de souches multirésistantes (MDR), BLSE et SARM.

**Contribution unique :** Sur le plan théorique, l'étude définit Kisangani comme une "sentinelle écologique" des dynamiques de résistance. Pratiquement, elle fournit des données empiriques pour ajuster les traitements empiriques. Politiquement, elle soutient l'institutionnalisation d'une surveillance microbiologique permanente en RDC.

**Mots clés :** *Antibiorésistance, Kisangani, BLSE, Santé publique, RDC.*

### Abstract

**Purpose of the Study:** This research evaluates the antibiotic resistance profiles of pathogenic bacteria in Kisangani to characterize local trends and optimize clinical management.

**Methodology:** A cross-sectional survey (Jan-June 2025) was conducted with 271 patients. Identification utilized the VITEK® 2 automated system, and susceptibility testing adhered to CLSI 2023 and EUCAST 2024 standards.

**Results:** Findings show a predominance of *E. coli*, *K. pneumoniae*, and *S. aureus*. Alarming resistance levels were noted for  $\beta$ -lactams and fluoroquinolones, with a significant prevalence of MDR, ESBL, and MRSA phenotypes.

**Unique Contribution to Theory, Practice and Policy:** Theoretically, the study characterizes resistance dynamics in resource-limited settings as an "ecological sentinel". Practically, it offers empirical evidence for refining local empirical therapy. Politically, it advocates for antimicrobial stewardship and the establishment of permanent surveillance networks in the DRC.

**Keywords:** *Antimicrobial resistance, Kisangani, ESBL, Public Health, DRC.*

## I. Introduction

### 1.1. Contexte et problématique

L'antibiorésistance représente aujourd'hui l'un des défis sanitaires les plus préoccupants à l'échelle mondiale. Depuis plus d'une décennie, l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) alerte sur l'émergence rapide de souches bactériennes capables de neutraliser l'action de molécules auparavant efficaces, compromettant ainsi les progrès accomplis dans la lutte contre les maladies infectieuses. Qualifiée de « menace majeure pour la santé publique » dès 2014, cette réalité est désormais documentée dans toutes les régions du globe (OMS, 2014). Les données récentes soulignent la gravité de la situation : les infections dues à des agents multirésistants ont été responsables de près de 1,27 million de décès en 2019, faisant de la résistance antimicrobienne un fardeau sanitaire comparable à celui du VIH/SIDA ou du paludisme (Murray et al., 2022).

En Afrique subsaharienne, ce phénomène atteint une intensité particulière en raison de facteurs structurels et socio-économiques. La fragilité des systèmes de surveillance, la disponibilité des antibiotiques en libre accès favorisant l'automédication, et des capacités diagnostiques limitées créent un environnement propice à la sélection de souches multirésistantes (Okeke et al., 2020 ; Tadesse et al., 2017). La région enregistre des taux de résistance parmi les plus élevés au monde, notamment pour les  $\beta$ -lactamines, les fluoroquinolones et les aminoglycosides.

La République Démocratique du Congo s'inscrit dans ce panorama préoccupant avec une progression constante de la résistance dans ses principaux pôles urbains. À Kisangani, troisième ville du pays, l'accès non régulé aux antimicrobiens, l'automédication généralisée et les contraintes économiques limitant l'accès au diagnostic microbiologique exacerbent le problème. L'absence d'un système institutionnalisé de surveillance contraint les professionnels de santé à une pratique clinique souvent fondée sur l'intuition ou sur des antibiogrammes isolés non standardisés, augmentant ainsi le risque d'échecs thérapeutiques et de complications infectieuses (Luboya et al., 2019).

Face à la rareté des données systématiques actualisées, il est impératif de documenter l'ampleur de la multirésistance à Kisangani selon les standards internationaux (CLSI, EUCAST) afin d'orienter les traitements empiriques et de renforcer les stratégies locales de lutte contre ce fléau.

L'objectif de cette recherche est d'évaluer le profil de résistance aux principaux antibiotiques des bactéries pathogènes isolées chez les patients pris en charge dans les structures sanitaires de la ville de Kisangani, afin de caractériser les tendances locales et d'en dégager les implications pour la prise en charge thérapeutique.

Spécifiquement, l'étude se propose de : Identifier les espèces bactériennes les plus fréquemment isolées chez les patients présentant des infections cliniques. ; déterminer le profil de sensibilité et de résistance de chaque espèce isolée vis-à-vis des antibiotiques couramment utilisés en pratique

clinique ; évaluer la fréquence des phénotypes de multirésistance, notamment les souches multirésistantes (MDR), extrêmement résistantes (XDR) ou productrices de  $\beta$ -lactamases à spectre étendu (ESBL), analyser les relations éventuelles entre les facteurs cliniques ou sociodémographiques des patients et la présence de souches résistantes, proposer des recommandations opérationnelles pour améliorer l'usage rationnel des antibiotiques dans les structures de santé locales.

## 1.2. Revue de la littérature

### 1.2.1. Fondements de la bactériologie médicale

Les bactéries sont des micro-organismes procaryotes caractérisés par une organisation cellulaire simple mais efficace, dépourvue de noyau individualisé. Leur paroi cellulaire, composée de peptidoglycane, permet de les classer en deux groupes majeurs par la coloration de Gram : les bactéries à Gram positif, avec une paroi épaisse, et les bactéries à Gram négatif, dotées d'une double membrane et d'une couche de peptidoglycane plus fine. Cette distinction est cruciale en clinique pour le choix initial des antibiotiques. La croissance bactérienne s'effectue par scissiparité, une division rapide influencée par des facteurs environnementaux tels que la température, le pH et la disponibilité des nutriments, ce qui permet une colonisation rapide de l'hôte (Holmes et al., 2016).

Parmi les agents pathogènes d'intérêt clinique, les entérobactéries (*Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*) et les cocci à Gram positif (*Staphylococcus aureus*, *Streptococcus pneumoniae*) sont les plus fréquents. Des espèces comme *Pseudomonas aeruginosa* se distinguent par leur capacité intrinsèque à acquérir des mécanismes de résistance multiples (Eibach et al., 2016). À Kisangani, les pathologies dominantes incluent les infections urinaires (souvent dues à *E. coli*), les infections respiratoires et les septicémies, ces dernières impliquant de plus en plus de souches productrices de  $\beta$ -lactamases à spectre étendu (BLSE) (Luboya et al., 2019 ; Mumbere et al., 2020).

### 1.2. Mécanismes et facteurs de l'antibiorésistance

L'antibiorésistance est la capacité d'une bactérie à survivre à une dose thérapeutique d'antibiotique. On distingue les bactéries multirésistantes (MDR), résistantes à au moins trois classes d'antibiotiques, des souches extrêmement résistantes (XDR) ou pan-résistantes (PDR) (Holmes et al., 2016). Les mécanismes moléculaires sont variés : l'inactivation enzymatique (comme la production d'ESBL qui hydrolyse les céphalosporines), la modification des cibles cellulaires (mutations affectant les fluoroquinolones), l'efflux actif et la réduction de la perméabilité membranaire (Munita & Arias, 2016). La formation de biofilms constitue également un rempart majeur contre les traitements en milieu hospitalier (Blomberg, 2018).

Plusieurs facteurs favorisent l'émergence de ces résistances en Afrique subsaharienne, notamment l'automédication facilitée par l'accès libre aux médicaments, la mauvaise observance

thérapeutique, les prescriptions empiriques non confirmées par le laboratoire et la circulation de médicaments de qualité inférieure (Okeke et al., 2020 ; Kpanake et al., 2021).

### 1.3.État des lieux épidémiologique

À l'échelle mondiale, l'antibiorésistance a causé environ 1,27 million de décès en 2019 (Murray et al., 2022). En Afrique, la situation est alarmante avec une diffusion croissante des mécanismes enzymatiques de type ESBL et une surveillance microbiologique fragmentaire (Tadesse et al., 2017). En RDC, les données disponibles montrent une progression constante de la résistance dans les centres urbains. À Kisangani, bien que les études soient encore limitées, les observations cliniques signalent une fréquence élevée d'entérobactéries résistantes aux  $\beta$ -lactamines classiques et une émergence préoccupante de souches productrices de carbapénémases (Ampaire et al., 2015 ; Luboya et al., 2019).

## 2. Matériel et Méthodes

### 2.1. Type, nature et design de l'étude

La présente recherche s'appuie sur une enquête transversale descriptive et analytique. Ce design a été choisi pour obtenir une « photographie » précise de la prévalence des résistances bactériennes à un instant donné tout en explorant les associations entre les variables cliniques et microbiologiques. L'étude s'est déroulée sur une période de six mois, allant de janvier à juin 2025, afin de stabiliser les données face aux éventuelles variations saisonnières.

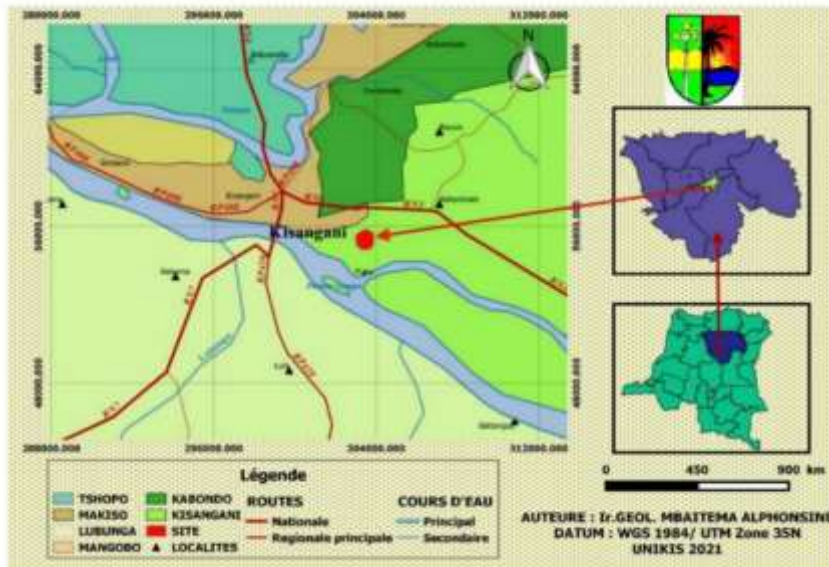
**Tableau 1. design transversal descriptif et analytique de l'étude**

Composante Méthodologique	Détails Techniques
Design et Période	Étude transversale menée de janvier à juin 2025 à Kisangani.
Taille de l'échantillon	n = 271 patients (calculée selon la formule de Kish, prévalence attendue de 20 %).
Nature des échantillons	Sang veineux, urines (miction du matin), pus, frottis (gorge, vaginaux, urétraux).
Identification Bactérienne	Coloration de Gram, tests biochimiques (catalase, oxydase, API 20E/20NE) et système automatisé VITEK® 2.
Tests de Résistance	Diffusion en disque (Kirby-Bauer), test de Hodge modifié et Carba NP (carbapénémases), test de synergie (BLSE).
Normes d'interprétation	Standards internationaux CLSI 2023 et EUCAST 2024.
Analyse Statistique	Traitement des données via les logiciels SPSS version 25.0 et R version 4.3.1.

## 2.2. Population d'étude et échantillonnage

### - Cadre géographique : Localisation, climat et relief

Chef-lieu de la province de la Tshopo (Nord-Est de la RDC), la ville de Kisangani se situe approximativement à 0°31' de latitude Nord et 25°12' de longitude Est, au confluent stratégique du fleuve Congo et de la rivière Tshopo. La région bénéficie d'un climat équatorial humide marqué par une température moyenne stable (23 °C à 30 °C), une humidité élevée ( $\approx 80\%$ ) et une pluviométrie annuelle oscillant entre 1 600 et 1 900 mm selon un régime bimodal. Le relief, essentiellement plat à légèrement ondulé, s'établit à une altitude variant entre 390 et 450 m. Ce milieu est caractérisé par une végétation de forêt tropicale dense et un réseau hydrographique abondant qui structurent les activités socio-économiques et l'organisation urbaine de cette agglomération de plus d'un million d'habitants.



**Figure 1 - Carte de la ville de Kisangani**

#### 2.2.1. Critères d'éligibilité

La population cible comprenait des patients admis ou consultants dans les structures sanitaires de Kisangani présentant des signes évocateurs d'infection (fièvre  $> 38\text{ °C}$ , symptômes respiratoires, digestifs ou urinaires). Ont été inclus les patients de tout âge ayant donné leur consentement. En revanche, les patients ayant reçu une antibiothérapie dans les 72 heures précédant la consultation ont été exclus pour éviter les faux négatifs en culture.

#### 2.2.2. Taille de l'échantillon

La taille de l'échantillon a été calculée selon la formule de Kish (1965) :

$$n = \frac{Z^2 \cdot p \cdot (1 - p)}{d^2}$$

où :

- $n$  = taille de l'échantillon ;
- $Z$  = valeur de la statistique normale correspondant au niveau de confiance (1,96 pour 95 %) ;
- $p$  = prévalence estimée de l'infection dans la population cible ;
- $d$  = marge d'erreur tolérable (0,05).

Avec une prévalence attendue ( $p$ ) de 20 % pour les infections bactériennes dans la région et une marge d'erreur ( $d$ ) de 5 %, la taille minimale était de 246 participants. En intégrant une marge de 10 % pour les données manquantes, l'échantillon final a été fixé à 271 participants.

### 2.2.3. Stratégie de recrutement

Une stratégie mixte a été adoptée : l'échantillonnage aléatoire simple dans les structures de grande taille pour assurer la représentativité, et l'inclusion consécutive dans les centres à flux limité.

### 2.3. Collecte et transport des prélèvements

Les échantillons biologiques collectés incluaient le sang veineux, les urines (miction du matin), le pus, ainsi que des frottis (gorge, vaginaux, urétraux). La collecte a été réalisée par un personnel formé respectant les protocoles de biosécurité. Les prélèvements ont été acheminés au laboratoire de la Polyclinique REKAPI dans des glacières réfrigérées (2–8 °C), avec un délai de traitement n'excédant pas 4 heures.

### 2.4. Procédures de laboratoire

#### 2.4.1. Isolement et identification

L'ensemencement a été réalisé sur des milieux sélectifs et différenciants : MacConkey (entérobactéries), Mannitol Salt Agar (*S. aureus*), et Gélose au sang. L'identification a reposé sur la coloration de Gram, des tests biochimiques manuels (catalase, oxydase, API 20E/20NE) et le système automatisé VITEK® 2 pour confirmer les espèces.

#### 2.4.2. Antibiogramme et détection des phénotypes de résistance

La sensibilité aux antibiotiques a été évaluée par la méthode de diffusion en disque (Kirby-Bauer) sur gélose Mueller-Hinton. L'interprétation des résultats (Sensible, Intermédiaire, Résistant) a suivi les standards du CLSI (2023) et de l'EUCAST (2024). Des tests spécifiques ont été menés pour détecter :

- Les ESBL (synergie par disques combinés avec clavulanate).

- Les AmpC (test de ceinture).
- Les Carbapénémases (Test de Hodge modifié et test Carba NP).

## 2.5. Analyse statistique

Les données ont été saisies et analysées avec les logiciels SPSS version 25.0 et R version. Les tests de Chi-carré et le test exact de Fisher ont servi à comparer les fréquences de résistance. L'analyse bivariée a permis de calculer les odds ratios (OR) avec un intervalle de confiance à 95 % pour identifier les facteurs associés à la résistance. Le seuil de signification a été fixé à  $p < 0,05$ .

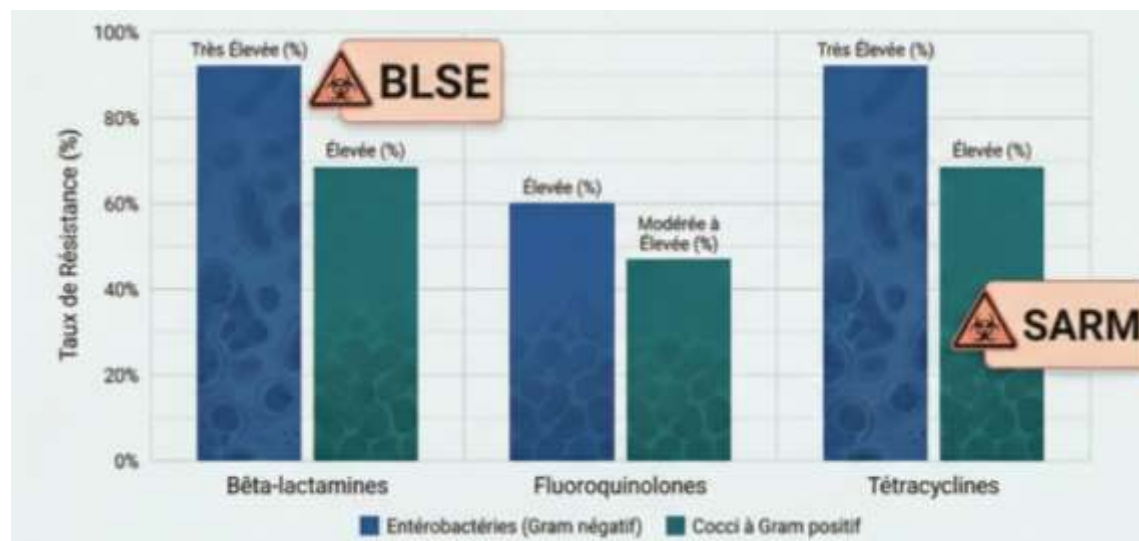
## 2.6. Considérations éthiques

L'étude a reçu l'approbation d'un comité d'éthique institutionnel. Un consentement éclairé écrit a été obtenu auprès de chaque participant ou tuteur. L'anonymat a été garanti par un système de codification des échantillons.

## 3. Résultats

### 3.1. Distribution des isolats bactériens et contexte clinique

Les analyses microbiologiques réalisées à Kisangani révèlent une prédominance marquée des entérobactéries, notamment *Escherichia coli* et *Klebsiella pneumoniae*, principalement isolées à partir d'échantillons urinaires et de septicémies. Chez les cocci à Gram positif, *Staphylococcus aureus* demeure l'agent pathogène majeur dans les infections cutanées et respiratoires. Ces observations confirment que le profil épidémiologique de Kisangani s'aligne sur les tendances de l'Afrique subsaharienne, où ces espèces sont fréquemment impliquées dans la charge de morbidité infectieuse. La fréquence élevée d'infections urinaires et de septicémies liées à ces germes souligne la nécessité d'une prise en charge ciblée, d'autant plus que ces pathogènes disposent de facteurs de virulence variés tels que des toxines et des enzymes hydrolytiques.



## Figure 2 : Etat de lieu clinique de l'antibiorésistance

### 3.2. Profils de résistance et facteurs favorisants

Les résultats mettent en évidence des niveaux de résistance alarmants vis-à-vis des  $\beta$ -lactamines classiques, des fluoroquinolones et des tétracyclines. Cette perte d'efficacité des molécules de première intention à Kisangani peut être directement corrélée à l'usage irrationnel des antimicrobiens. En effet, l'automédication généralisée et l'accès libre aux antibiotiques sans prescription médicale créent une pression sélective constante favorisant l'émergence de mutants résistants. Ce phénomène est exacerbé par la circulation de médicaments de qualité inférieure ou sous-dosés, une problématique récurrente en Afrique centrale qui accélère la sélection de souches résistantes.

Tableau 2 : Répartition qualitative des espèces bactériennes par type de prélèvement

Espèces bactériennes	Sang (Septicémies)	Urines (Infections urinaires)	(Infections Pus / (Infections cutanées)	Plaies
<i>Escherichia coli</i>	++	+++	+	
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	++	++	+	
<i>Staphylococcus aureus</i>	+	-	+++	
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	+	-	++	
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	+	-	-	
<i>Salmonella</i> spp.	++	-	-	
<i>Acinetobacter baumannii</i>	+	-	+	

Légende : +++ (Très fréquent), ++ (Fréquent), + (Présent), - (Rare ou absent).

- Urines : Ce type de prélèvement est dominé par les entérobactéries, principalement *Escherichia coli* et *Klebsiella pneumoniae*, qui sont les agents majeurs des infections urinaires à Kisangani.
- Sang : Les hémocultures révèlent une prédominance de germes responsables de septicémies, notamment des entérobactéries (souvent productrices de BLSE) et des espèces comme *Salmonella* spp. ou *Streptococcus pneumoniae*.
- Pus et plaies : *Staphylococcus aureus* est identifié comme l'agent pathogène prédominant dans les infections cutanées et des tissus mous. On y retrouve également des germes

opportunistes comme *Pseudomonas aeruginosa*, particulièrement dans les infections hospitalières.

- Autres prélèvements : Les frottis respiratoires et de gorge (non inclus dans les trois colonnes principales mais mentionnés dans la méthodologie) isolent fréquemment *S. pneumoniae*, *H. influenzae* et *S. aureus*

### 3.3. Émergence des phénotypes de multirésistance (MDR et BLSE)

Une proportion significative de souches isolées présente des phénotypes de multirésistance (MDR), c'est-à-dire une résistance à au moins trois classes d'antibiotiques différentes. L'étude documente notamment une présence préoccupante d'entérobactéries productrices de  $\beta$ -lactamases à spectre étendu (BLSE) et de *Staphylococcus aureus* résistants à la méthicilline (SARM). Ces mécanismes enzymatiques, particulièrement l'hydrolyse de l'anneau  $\beta$ -lactame, neutralisent l'action des pénicillines et des céphalosporines de troisième génération, laissant peu d'options thérapeutiques aux cliniciens. Ces profils de résistance sont comparables à ceux rapportés dans d'autres pôles urbains de la RDC comme Kinshasa ou Bukavu, témoignant d'une diffusion régionale de ces gènes de résistance.

### 3.4. Implications pour la santé publique et limites

L'expansion de ces souches résistantes à Kisangani entraîne des conséquences cliniques et économiques majeures : échecs thérapeutiques répétés, allongement de la durée des hospitalisations et augmentation de la mortalité. L'absence d'un système structuré de surveillance microbiologique contraint souvent les prestataires de soins à des prescriptions empiriques "à l'aveugle", ce qui entretient le cycle de l'antibiorésistance. Bien que cette étude phénotypique soit essentielle, elle ne permet pas d'explorer les gènes de résistance spécifiques (carbapénémases, pompes d'efflux) en raison des limites technologiques locales. Néanmoins, ces données constituent un outil stratégique pour l'élaboration de politiques d'antibiogouvernance et l'ajustement des protocoles de soins dans la province de la Tshopo.

## 4. Discussion

Les résultats issus de cette étude menée à Kisangani mettent en exergue une réalité épidémiologique alarmante qui s'inscrit dans la dynamique globale de l'antibiorésistance, désormais reconnue comme une menace majeure pour la pérennité des systèmes de soins. L'analyse des profils de sensibilité bactérienne révèle des niveaux de résistance préoccupants, validant ainsi l'hypothèse d'une dégradation de l'efficacité des molécules usuelles dans le contexte local.

### 4.1. Émergence des phénotypes de multirésistance et mécanismes enzymatiques

L'une des observations les plus saillantes de cette recherche est la forte prévalence des souches multirésistantes (MDR) et l'émergence de phénotypes hautement complexes tels que les

entérobactéries productrices de  $\beta$ -lactamases à spectre étendu (ESBL). Ces résultats corroborent les travaux menés en Afrique centrale et orientale, où la diffusion des gènes de résistance enzymatique neutralise l'action des céphalosporines de troisième génération, laissant peu d'alternatives thérapeutiques aux cliniciens. L'inactivation enzymatique, principalement portée par les ESBL et les AmpC, semble être le mécanisme dominant à Kisangani, reflétant une tendance observée à l'échelle régionale. Par ailleurs, la recrudescence suspectée de *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline (SARM) souligne une pression de sélection croissante sur les cocci à Gram positif, limitant drastiquement les options de traitement pour les infections cutanées et respiratoires.

#### **4.2. Déterminants de l'antibiorésistance et pressions anthropiques**

La situation observée à Kisangani ne saurait être dissociée des facteurs structurels et comportementaux propres à ce centre urbain. L'accès non régulé aux antibiotiques et l'automédication généralisée constituent des moteurs puissants de la sélection bactérienne. En s'exposant à des doses souvent inappropriées ou à des molécules de qualité incertaine, les populations favorisent involontairement la survie de mutants résistants. Cette dynamique est exacerbée par une pratique clinique souvent contrainte à l'empirisme, faute de supports diagnostiques microbiologiques systématiques, ce qui entretient un cycle délétère de prescriptions à large spectre. Comme le soulignent Okeke et al. (2020), l'absence de protocoles thérapeutiques strictement appliqués et la fragilité de l'antibiogouvernance transforment les structures de soins en véritables réservoirs de souches multirésistantes.

#### **4.3. Implications pour la santé publique et dimension écologique**

Sur le plan clinique, l'augmentation des impasses thérapeutiques se traduit par un allongement de la durée des hospitalisations et une hausse de la mortalité, particulièrement lors de septicémies impliquant des bacilles à Gram négatif. Au-delà du cadre hospitalier, Kisangani, par sa densité démographique et son réseau hydrographique, agit comme une sentinelle écologique. Les rejets d'eaux usées et hospitalières, souvent non traitées, contribuent à la dissémination environnementale des gènes de résistance, illustrant l'importance d'une approche « *One Health* » dans la surveillance de ces pathogènes.

#### **4.4. Limites méthodologiques et perspectives**

Il convient toutefois de souligner que cette étude, de nature transversale, se limite à une caractérisation phénotypique des isolats. L'absence d'analyses moléculaires (PCR, séquençage) ne permet pas de préciser la nature exacte des gènes de résistance (KPC, NDM, OXA-48) ou d'établir des liens phylogénétiques entre les souches. Néanmoins, ces données constituent une base empirique indispensable pour orienter les politiques de santé locales et justifier l'implantation d'un réseau de surveillance microbiologique permanent à Kisangani.

## Conclusion et recommandations

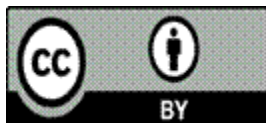
L'analyse des profils bactériologiques à Kisangani révèle que l'antibiorésistance constitue désormais une menace sanitaire immédiate, caractérisée par une forte prévalence de souches multirésistantes, notamment des entérobactéries productrices de bêta-lactamases à spectre étendu, compromettant l'efficacité des traitements de première intention. Cette situation résulte d'un faisceau de facteurs structurels et comportementaux, tels que l'automédication, l'accès non régulé aux antibiotiques et le recours à des prescriptions empiriques en l'absence de diagnostics microbiologiques, exposant le système de santé à une aggravation de la morbidité et de la mortalité infectieuses.

Une réponse coordonnée s'impose, fondée sur l'instauration d'une surveillance microbiologique pérenne, le renforcement de la régulation du marché pharmaceutique et l'adoption de l'approche « One Health ». Par ailleurs, le développement des capacités diagnostiques, la généralisation des antibiogrammes et la mise en œuvre de politiques strictes d'antibiogouvernance sont indispensables pour orienter les prescriptions. Enfin, la sensibilisation des populations et l'intensification des recherches, notamment moléculaires, demeurent essentielles pour contenir durablement la progression de la résistance.

## 5. Références bibliographiques

- Ampaire, L., et al. (2015). *Extended-spectrum beta-lactamase-producing Enterobacteriaceae in East Africa*. *Antimicrobial Resistance & Infection Control*.
- Blomberg, B. (2018). *Antimicrobial resistance in developing countries: Recent trends and implications*. *Current Opinion in Infectious Diseases*, 31(6), 620–626.
- Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI). (2023). *Performance standards for antimicrobial susceptibility testing* (33rd ed.). Wayne, PA: CLSI.
- Eibach, D., et al. (2016). *Antimicrobial resistance patterns in West and Central Africa*. *Clinical Microbiology and Infection*, 22(2), 123–130.
- European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST). (2024). *Breakpoint tables for interpretation of MICs and zone diameters*.
- Forbes, B. A., Sahm, D. F., & Weissfeld, A. S. (2016). *Bailey & Scott's diagnostic microbiology* (14th ed.). Elsevier.
- Holmes, A. H., et al. (2016). *Understanding the mechanisms and drivers of antimicrobial resistance*. *The Lancet*, 387(10014), 176–187.
- Jorgensen, J. H., & Ferraro, M. J. (2009). *Antimicrobial susceptibility testing: A review of general principles*. *Clinical Infectious Diseases*, 49(11), 1749–1755.

- Kish, L. (1965). *Survey sampling*. New York: John Wiley & Sons.
- Kpanake, L., et al. (2021). *Antibiotic resistance in sub-Saharan Africa: A public health challenge*. Journal of Global Antimicrobial Resistance.
- Levin, K. A. (2006). *Study design III: Cross-sectional studies*. Evidence-Based Dentistry, 7, 24–25.
- Luboya, N., et al. (2019). *Antimicrobial resistance patterns in clinical isolates in the Democratic Republic of Congo*. African Journal of Clinical Microbiology, 12(2), 45–54.
- Munita, J. M., & Arias, C. A. (2016). *Mechanisms of antibiotic resistance*. Microbiology Spectrum, 4(2).
- Murray, C. J. L., et al. (2022). *Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: A systematic analysis*. The Lancet, 399(10325), 629–655.
- Okeke, I. N., et al. (2020). *Antimicrobial resistance in Africa: Challenges and opportunities*. Clinical Infectious Diseases, 71(Suppl 2), S87–S95.
- Organisation mondiale de la Santé (OMS). (2014). *Antimicrobial resistance: Global report on surveillance*. Genève : OMS.
- Organisation mondiale de la Santé (OMS). (2019). *Antimicrobial resistance: Global report on surveillance*. Genève : OMS.
- Tadesse, B. T., et al. (2017). *Antimicrobial resistance in Africa: A systematic review of prevalence and patterns*. BMC Infectious Diseases, 17, 616.
- World Health Organization (WHO). (2010). *Laboratory biosafety manual* (3rd ed.). Geneva: WHO.
- World Health Organization (WHO). (2021). *Global antimicrobial resistance and use surveillance system (GLASS) report*. Geneva: WHO.



©2026 by the Authors. This Article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)