

PROFIL DES BACTÉRIES ENTÉROPATHOGÈNES ET ANTIBIORÉSISTANCES CHEZ LES ENFANTS MALNUTRIS AIGUË SÉVÈRE



Profile of Enteropathogenic Bacteria and Antibiotic Resistance in Children with Severe Acute Malnutrition

| Patrick Banza ^{1*} | Tony Kayembe ² | et | Philomène Lungu ³ |

¹ Institut supérieur des Techniques Médicales de Lubumbashi | Département de Laboratoire | unité de Bactériologie | Lubumbashi | R.D.Congo |

² Institut supérieur des Techniques Médicales de Lubumbashi | unité de toxicologie clinique | R.D. Congo |

³ Université de Lubumbashi | Faculté de médecine Humaine | Département de science Biomédicale | unité d'Immuno-Hématologie | Lubumbashi R.D. Congo |

| DOI: 10.5281/zenodo.20539121 | Received May 10, 2026 | Accepted May 30, 2026 | Published June 06, 2026 | ID Article | Patrick-Ref4-5-22ajiras100526 |

RESUME

Introduction : La malnutrition est un état physiologique résultant de l'influence combinée de la sur- ou sous-nutrition et d'autres facteurs sur la composition du corps et sur ses fonctions biologiques. Les infections bactériennes digestives ont un effet négatif sur l'état nutritionnel en réduisant l'appétit et l'absorption intestinale. Toute carence nutritionnelle profonde entraîne un déficit immunitaire, et toute stimulation immunitaire forte ou prolongée s'accompagne d'hypercatabolisme et de dénutrition sévère. **Objectif:** L'objectif de notre étude a été d'évaluer le profil des bactéries entéro-pathogènes chez les enfants souffrant de la malnutrition afin de contribuer à l'amélioration de leur état sanitaire. **Méthode :** Nous avons réalisé une étude descriptive transversale, sur une période d'une année chez les enfants malnutris aigus sévères de la zone de santé Lubumbashi, zone de santé de Katuba et zone de santé de Kisanga. Nous avons réalisé l'analyse bactériologique sur des échantillons de selles prélevés chez les enfants MAS. Nous avons fait des analyses univariées et bivariées et nous avons calculé les paramètres de position et de dispersion. **Résultats :** Le *Salmonella typhi* a été le germe le plus isolé dans la tranche d'âge de 1 à 5 ans avec 76,5%, 17,6% dans celle de 6 à 10 ans et 5,9% dans celle de ≥ 11 ans, le *Salmonella typhi* a été le germe le plus isolé chez les enfants marasmiques avec 64,7 % des cas et 35,3% chez les enfants kwashiorkorés. En outre le *salmonella typhi* était les germes le plus isolés pendant la saison de pluie avec 10,2 % des cas et pendant la saison sèche avec 7,1%. Les germes pathogènes ont été observés chez les kwashiorkorés à 12,8 % et à 9,5 % chez les marasmiques, mais l'association n'est pas statistiquement significative ($p = 0,2$). **Conclusion :** Il est donc crucial de distinguer les infections bactériennes des autres causes de malnutrition et de les traiter seulement lorsqu'il est nécessaire, car l'utilisation excessive d'antibiotiques, même en cas de malnutrition, peut favoriser l'apparition de souches résistantes, rendant les infections plus difficiles et coûteuses à traiter.

Mots-clés : Bactéries pathogènes, Marasme, antibiogramme résistance, enfants malnutris, infection digestive.

ABSTRACT

Background: Malnutrition is a physiological condition resulting from the combined influence of over- or undernutrition and other factors on body composition and biological functions. Bacterial digestive infections exert a detrimental effect on nutritional status by reducing appetite and impairing intestinal absorption. Any profound nutritional deficiency leads to immune deficit, while any strong or prolonged immune stimulation is accompanied by hypercatabolism and severe undernutrition. **Objective:** The objective of our study was to evaluate the profile of enteropathogenic bacteria in malnourished children, with a view to contributing to the improvement of their health status. **Methods:** We conducted a descriptive cross-sectional study over a one-year period among children with severe acute malnutrition (SAM) in three health zones: Lubumbashi, Katuba, and Kisanga. Bacteriological analysis was performed on stool samples collected from SAM children. Univariate and bivariate analyses were carried out, and measures of central tendency and dispersion were calculated. **Results;** *Salmonella typhi* was the most frequently isolated organism across age groups, accounting for 76.5% of isolates in children aged 1–5 years, 17.6% in those aged 6–10 years, and 5.9% in those aged ≥ 11 years. *Salmonella typhi* was the predominant pathogen among marasmic children (64.7%) compared with those presenting with kwashiorkor (35.3%). Furthermore, *Salmonella typhi* was the most commonly isolated organism during both the rainy season (10.2% of cases) and the dry season (7.1%). Pathogenic organisms were observed in 12.8% of children with kwashiorkor and in 9.5% of those with marasmus; however, this association did not reach statistical significance ($p = 0.2$). **Conclusion;** It is therefore crucial to distinguish bacterial infections from other causes of malnutrition and to treat them only when clinically warranted, as the excessive use of antibiotics, even in the context of malnutrition, may promote the emergence of resistant strains, rendering infections more difficult and costly to manage.

Keywords: Pathogenic bacteria, Marasmus, Antibiogram resistance, Malnourished children, Digestive infection.

1.INTRODUCTION

La malnutrition est un état physiologique résultant de l'influence combinée de la sur-ou sous-nutrition (déficience ou excès de calories d'un ou plusieurs nutriments) et d'autres facteurs (génétiques, inflammatoires) sur la composition du

corps et sur ses fonctions biologiques (Meijers et al., 2016). La malnutrition aiguë s'est aggravée en 2023, en particulier chez les personnes déplacées en raison des conflits et des catastrophes (UNICEF, 2023).

Les entéro-pathogènes sont des micro-organismes responsables des infections entériques. Parmi ceux-ci nous en trouvons les bactéries, les parasites, les champignons, les virus (Mariani-kurkdjian et al., 2016). Les bactéries entéro-pathogènes sont des bâtonnets gram-négatifs, mobiles, anaérobie facultative, réduisent les nitrates en nitrites, fermentent le glucose avec ou sans production de gaz, se développent sur tous les milieux universels, catalase et oxydase négative (Madigan & Marinko, 2007 ; Prescott et al., 2010 ; Delarras 2014). Les entérobactéries produisent des entéro-toxines qui sont des exotoxines dont l'activité s'exerce dans l'intestin grêle, produisant en général une sécrétion de liquide massive dans la lumière intestinale et se traduisant par des vomissements et diarrhées (Madigan & Martinko, 2007 ; Tortora et al., 2012). L'infection a un effet négatif sur l'état nutritionnel en réduisant l'appétit (prise alimentaire) et l'absorption intestinale, en augmentant le catabolisme et la séquestration des micronutriments nécessaires à la synthèse des tissus et à la croissance. Par ailleurs, la malnutrition prédispose à l'infection du fait de ses effets négatifs sur les habituelles barrières de protection constituée par la peau et les muqueuses contre les agents pathogènes d'une part, et sur la diminution des défenses immunitaires de l'autre (Black et al. 2003).

La malnutrition reste un véritable problème de santé publique dans la plupart des pays en développement. En 2014, le taux de la malnutrition aiguë sévère (MAS) était estimé à 9.8% dans la Région Africaine (OMS, 2014). Le microbiote intestinal est composé de plus de 10^{13} bactéries, soit environ le même nombre de cellules qui composent le corps humain (Sender et al., 2016). Il correspond à l'ensemble des micro-organismes du tube digestif et exerce trois fonctions principales et essentielles : métaboliques, trophiques et de défense (Prakash et al., 2011). Tout au long du tube digestif, la qualité (diversité) et la quantité (abondance) du microbiote varient. L'abondance bactérienne maximale est atteinte dans le côlon distal avec 10^{11} bactéries par gramme de selles (Dave et al., 2011). Cependant, chaque individu a un microbiote intestinal qui lui est propre en termes d'espèces bactériennes et de proportions relatives (Qin J et al., 2010). Une modification du microbiote intestinal pourrait ainsi être à l'origine de variations pondérales et par conséquent être impliquée dans la dénutrition (Cederholm et al., 2015).

2. METHODES

2.1. Type d'étude et cadre d'investigation

Une étude descriptive transversale à visée analytique a été menée sur une période de douze mois, du 24 juin 2024 au 30 juin 2025, dans trois zones de santé de Lubumbashi (zones de santé de Lubumbashi, Katuba et Kisanga), en République Démocratique du Congo. La population cible était constituée des enfants admis dans les services de pédiatrie des structures sanitaires relevant de ces zones de santé et présentant un diagnostic de malnutrition aiguë sévère (MAS).

2.2. Échantillonnage et critères d'éligibilité

Un échantillonnage aléatoire simple exhaustif a été retenu. La taille de l'échantillon a été calculée par la formule de Daniel Schwartz, qui a abouti à un effectif minimal de 368 participants. Étaient éligibles à l'inclusion les enfants ayant reçu un diagnostic clinique de MAS, définie comme le marasme ou le kwashiorkor, âgés de 1 à 14 ans et n'étant sous aucune antibiothérapie au moment de l'enrôlement. Un consentement éclairé écrit a été obtenu auprès du parent ou du tuteur légal de chaque enfant avant tout recueil de données ou de prélèvement. Ont été exclus les enfants de moins de 1 an ou de plus de 14 ans, ceux recevant des antibiotiques quelle qu'en soit l'indication, ainsi que ceux dont les tuteurs avaient refusé de participer à l'étude.

2.3. Prélèvement des échantillons

Des échantillons de selles fraîches ont été recueillis auprès de chaque enfant inclus dans des flacons stériles à large ouverture et à bouchon vissé. Les prélèvements ont été acheminés au laboratoire de bactériologie dans un délai maximal de deux heures après leur collecte, maintenus à 4 °C pendant le transport, et traités le jour même de leur réception. Les enfants ayant bénéficié d'une antibiothérapie dans les deux semaines précédant l'enrôlement ont été exclus afin de limiter le risque de suppression médicamenteuse de la flore entérique.

2.4. Analyse bactériologique

2.4.1. Isolement primaire

Chaque échantillon de selles a été ensemencé sur trois milieux de culture par la méthode des cadrans, de façon à obtenir des colonies bien isolées. Les milieux utilisés étaient les suivants : la gélose au sang frais additionnée d'acide nalidixique (10 µg/mL), qui constituait un milieu enrichi non sélectif tout en inhibant la plupart des bacilles à Gram négatif autres que les *Salmonella* et les *Shigella* ; la gélose Mac Conkey sans cristal violet, milieu modérément sélectif et différentiel permettant de distinguer les entérobactéries fermentant le lactose de celles ne le fermentant pas ; et la gélose xylose lysine désoxycholate (XLD), milieu hautement sélectif et différentiel facilitant la détection des *Salmonella* productrices de sulfure d'hydrogène et des *Shigella* non fermentantes. Toutes les boîtes ensemencées ont été incubées

en aérobiose à 37 °C pendant 24 à 48 heures. Les boîtes étaient examinées après 24 heures et réincubées 24 heures supplémentaires en l'absence de croissance ou en présence de colonies ambiguës.

2.4.2. Tests de dépistage et d'identification préliminaire

Les colonies suspectes ont été soumises à une série de tests préliminaires avant toute caractérisation biochimique approfondie. La coloration de Gram a été réalisée sur des frottis préparés à partir de colonies représentatives ; les préparations fixées à la chaleur ont été successivement traitées par le violet de gentiane, le lugol (mordant), l'alcool-acétone (décolorant) et la fuschine (colorant de contraste), puis examinées en microscopie à immersion ($\times 1\ 000$) afin de déterminer la morphologie cellulaire et la réaction de Gram. Le test de la catalase a été réalisé en déposant une goutte de peroxyde d'hydrogène à 3 % (H_2O_2) sur une lame de verre et en y émulsionnant une ansée de colonie ; un dégagement gazeux vif (libération d'oxygène) a été interprété comme un résultat positif, signant la présence de l'enzyme catalase. Le test de l'oxydase a été effectué en déposant une colonie fraîche sur un papier filtre imprégné de N,N-diméthyl-paraphénylènediamine à 1 % ; l'apparition d'une coloration rose à violette dans les dix secondes suivant le contact témoignait d'une activité cytochrome c oxydase (résultat positif), tandis que l'absence de changement de couleur était enregistrée comme un résultat négatif. Le test à l'ONPG (ortho-nitrophényl- β -D-galactopyranoside) a été utilisé pour mettre en évidence l'activité β -galactosidase. Une ansée de colonie a été suspendue dans 0,5 mL de solution physiologique stérile à 37 °C, puis un disque d'ONPG y a été ajouté ; le virage au jaune dans les 24 heures indiquait une réaction positive (β -galactosidase présente), tandis que l'absence de coloration était enregistrée comme un résultat négatif. Le test de la coagulase en tube a été réalisé pour l'identification de *Staphylococcus aureus* : une suspension dense de l'isolat a été préparée dans 0,5 mL de plasma de lapin dilué au 1/10 en solution physiologique stérile et incubée à 37 °C pendant quatre heures ; la formation d'un caillot, de quelque degré que ce soit, a été interprétée comme un résultat positif, attestant la production de staphylocoagulase libre.

2.4.3. Identification biochimique

Les bacilles à Gram négatif, catalase positifs et oxydase négatifs confirmés ont été soumis à une caractérisation biochimique complète à l'aide de trois milieux d'identification composites. La gélose de Kligler (Kligler Iron Agar, KIA) a été inoculée par piqûre centrale du culot suivie de stries sur la pente à l'aide d'une anse de platine droite ; après incubation à 37 °C pendant 24 heures, les réactions suivantes ont été relevées : fermentation du glucose (culot jaune), fermentation du lactose (pente jaune), production de gaz (fissures, bulles ou soulèvement du milieu) et production de sulfure d'hydrogène (noircissement du culot). La gélose citrate de Simmons a été inoculée par piqûre centrale du culot et stries sur la pente ; après incubation à 37 °C pendant 24 à 48 heures, le virage du vert au bleu, traduisant une alcalinisation du milieu par le carbonate d'ammonium, a été interprété comme la capacité de la bactérie à utiliser le citrate comme unique source de carbone. Le milieu MIU (Mobilité-Indole-Urée) a été inoculé par une piqûre centrale unique et incubé à 37 °C pendant 24 à 48 heures. La mobilité a été déduite d'une croissance diffuse et trouble se propageant latéralement autour du trait de piqûre. L'activité uréasique a été détectée par le virage de l'indicateur rouge de phénol de l'orange au rose ou au rouge, consécutif à la production d'ammoniac par hydrolyse de l'urée. La production d'indole a été mise en évidence par l'addition du réactif de Kovacs (para-diméthylaminobenzaldéhyde en alcool isoamylique) à la surface du milieu après incubation ; la formation d'un anneau rouge à l'interface indiquait un résultat positif.

2.5. Antibiogramme

La sensibilité aux antibiotiques a été déterminée par la méthode de diffusion en milieu gélosé (méthode de Kirby-Bauer), réalisée sur gélose Mueller-Hinton (GMH), conformément à la norme ISO 16872 et aux critères interprétatifs du Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) et de l'European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST). Des comprimés Neo-Sensitabs (Rosco Diagnostica, Danemark), supports d'antibiotiques normalisés selon les concentrations critiques recommandées par le CLSI et l'EUCAST, ont été utilisés en lieu et place des disques de papier classiques. Une suspension bactérienne a été préparée dans une solution physiologique stérile jusqu'à une turbidité équivalant à l'étalon 0,5 de McFarland (soit environ $1-2 \times 10^8$ UFC/mL). Les boîtes de GMH ont été inocuées par écouvillonnage uniforme de la surface, puis laissées sécher cinq minutes à température ambiante avant l'application des comprimés à l'aide d'une pince stérile. Les boîtes ont été incubées à 37 °C pendant 16 à 18 heures, après quoi les diamètres des zones d'inhibition ont été mesurés au millimètre près à l'aide d'un pied à coulisse étalonné et comparés aux seuils interprétatifs du guide utilisateur Neo-Sensitabs, afin de classer chaque isolat comme sensible (S), intermédiaire (I) ou résistant (R). Les antibiotiques testés étaient les suivants : amoxicilline (25 μ g), amoxicilline-acide clavulanique, ci-après dénommé Augmentin, (20/10 μ g), amikacine (30 μ g), ciprofloxacine (5 μ g), céfotaxime (30 μ g), érythromycine (15 μ g) et tétracycline (30 μ g).

2.6. Analyse statistique

L'ensemble des données a été saisi et analysé à l'aide du logiciel IBM SPSS Statistics, version 20.0 (IBM Corp., Armonk, NY, États-Unis). Des analyses univariées ont été réalisées pour calculer les fréquences absolues et les distributions proportionnelles. La normalité des variables continues a été vérifiée graphiquement par la courbe de Gauss, qui a confirmé une distribution mésocurtique. Pour les analyses bivariées, les associations entre variables catégorielles ont

été évaluées par le test du chi-deux (χ^2) de Pearson ; le rapport de cotes (odds ratio, OR) et son intervalle de confiance à 95 % (IC 95 %) ont été calculés pour quantifier la force de chaque association. Un seuil de signification statistique bilatéral de $p < 0,05$ a été retenu.

2.7. Considérations éthiques

L'étude a été conduite dans le respect des principes éthiques de la Déclaration d'Helsinki. Un consentement éclairé a été recueilli auprès du parent ou du tuteur légal de chaque participant avant l'enrôlement, et la participation était entièrement volontaire. Les données des patients ont été anonymisées tout au long du processus d'analyse.

3.RESULTATS

3.1. Analyses uni variées

Sur les 368 enfants atteints de malnutrition aiguë sévère inclus dans l'étude, 274 présentaient un marasme, soit une proportion de 74,5 %, tandis que 94 enfants (25,5 %) souffraient d'un kwashiorkor. Le marasme constituait ainsi la forme nettement dominante de malnutrition aiguë sévère au sein de la population étudiée. Ce déséquilibre entre les deux entités cliniques reflète le profil nutritionnel généralement observé dans les contextes de pauvreté chronique et d'insécurité alimentaire prolongée, où le déficit calorique global — caractéristique du marasme — prévaut sur la carence protéique isolée propre au kwashiorkor. Cette répartition constitue la variable de stratification principale utilisée dans les analyses bivariées ultérieures.

Tableau 1 : Répartition selon le type de malnutrition.

Type de malnutrition	Fréquence	Pourcentage
Marasme	274	74,5
Kwashiorkor	94	25,5
Total	368	100

L'examen bactériologique des coprocultures a mis en évidence la présence de bactéries entéro-pathogènes chez 38 enfants sur 368, ce qui représente une prévalence de 10,3 %. Chez les 330 enfants restants (89,7 %), seule la flore intestinale commensale a été identifiée, les coprocultures étant considérées comme normales. Ces données établissent que près d'un enfant malnutri sur dix était porteur d'un agent bactérien potentiellement responsable d'une infection entérique, ce qui souligne la coexistence fréquente — bien que non systématique — de la malnutrition aiguë sévère et des infections digestives bactériennes dans ce contexte épidémiologique. Le taux de positivité de 10,3 % constitue le dénominateur de référence pour l'ensemble des analyses microbiologiques et d'antibiogramme présentées dans les tableaux suivants.

Tableau 2 : Répartition des enquêtés selon les résultats de la culture.

Culture	Effectif	Pourcentage
Bactéries entéro-pathogènes	38	10,3
Flore normale	330	89,7
Total	368	100

Parmi les 368 coprocultures analysées, trois espèces bactériennes pathogènes ont été isolées. *Salmonella typhi* représentait le germe le plus fréquemment isolé, retrouvé chez 34 enfants, soit 9,2 % de l'effectif total. *Staphylococcus aureus* occupait la deuxième position avec 3 isolats (0,8 %), et *Shigella spp.* était le germe le moins représenté, avec un seul isolat (0,3 %). Les 330 autres enfants (89,7 %) ne présentaient aucun germe entéro-pathogène à la coproculture. La prédominance nette de *Salmonella typhi* suggère que la fièvre typhoïde ou une salmonellose non typhique représente la principale infection bactérienne entérique associée à la malnutrition aiguë sévère dans la zone d'étude, probablement en lien avec des conditions hygiéniques et sanitaires précaires.

Tableau 3 : Répartition des enquêtés selon les germes.

Types de germes	Fréquence	Pourcentage
<i>Salmonella typhi</i>	34	9,2
<i>Staphylococcus aureus</i>	3	0,8
<i>Shigella spp</i>	1	0,3
Germes non pathogènes	330	89,7
Total	368	100

3.2. Association entre les variables de l'étude

L'analyse bivariée de l'association entre le type de malnutrition (marasme ou kwashiorkor) et la présence d'un germe pathogène à la coproculture n'a pas mis en évidence de lien statistiquement significatif ($\chi^2 = 0,8$; OR = 1,4 ; IC 95 % : 0,7–2,9 ; $p = 0,2$). Des germes entéro-pathogènes ont été isolés chez 12,8 % des enfants kwashiorkorés (12 cas sur

94) et chez 9,5 % des enfants marasmiques (26 cas sur 274). Bien que les enfants atteints de kwashiorkor présentent une proportion légèrement supérieure de coprocultures positives, cette différence n'atteint pas le seuil de signification statistique retenu ($p < 0,05$). Ces résultats indiquent que le risque d'infection entérique bactérienne ne diffère pas significativement selon la forme clinique de la malnutrition, et que les deux entités exposent l'enfant de façon comparable à une colonisation pathogène du tube digestif.

Tableau 4 : Association entre le type de malnutrition et la culture.

Type de malnutrition (N =368)	Culture		Khi ²	OR	IC	P
	Germes pathogènes	Flore normale				
Kwashiorkor	12(12,8)	82 (87,2)	0,8	1,4	[0,7 – 2,9]	0,2
Marasme	26 (9,5)	248 (90,5)				

Salmonella typhi était le germe isolé le plus fréquent dans toutes les tranches d'âge, avec une concentration marquée dans le groupe des 1 à 5 ans, qui regroupait 26 des 34 isolats, soit 76,5 % des cas. Les enfants de 6 à 10 ans représentaient 17,6 % des isolats de *Salmonella typhi* (6 cas), et ceux âgés de 11 ans et plus en représentaient 5,9 % (2 cas). L'unique isolat de *Shigella spp.* provenait d'un enfant appartenant au groupe des 1 à 5 ans. Pour *Staphylococcus aureus*, deux isolats concernaient des enfants de 1 à 5 ans et un enfant se situait dans la tranche de 6 à 10 ans. Ces données indiquent que les enfants de moins de 5 ans constituent le groupe le plus vulnérable aux infections entériques bactériennes dans le contexte de la malnutrition aiguë sévère, ce qui est cohérent avec l'immaturité immunitaire et les comportements à risque propres à cette classe d'âge.

Tableau 5 : Association de germes et la tranche d'âge (N=368).

Tranche d'âge/année Germes	1 à 5		6 à 10		≥11	
	n	%	n	%	n	%
Germes non pathogènes	220	66,7	81	24,5	29	8,8
<i>Salmonella typhi</i>	26	76,5	6	17,6	2	5,9
<i>Shigella spp</i>	1	100,0	0	0,0	0	0,0
<i>Staphylococcus aureus</i>	2	66,7	1	33,3	0	0,0
Total	249	67,7	88	23,9	31	8,4

La répartition des isolats pathogènes selon le type de malnutrition montrait que *Salmonella typhi* était isolée principalement chez les enfants marasmiques, représentant 64,7 % de l'ensemble des isolats salmonelliques (22 cas sur 34), contre 35,3 % chez les enfants kwashiorkorés (12 cas). *Shigella spp.* et *Staphylococcus aureus* ont été exclusivement retrouvés chez des enfants marasmiques (100 % des isolats respectifs). Cette distribution reflète en partie la prépondérance du marasme dans l'effectif global (74,5 %), de sorte que la surreprésentation des marasmiques parmi les cas d'infection ne traduit pas nécessairement une susceptibilité intrinsèque plus élevée, comme le confirme l'absence d'association statistiquement significative rapportée au Tableau 4. Ces données suggèrent que la fréquence des infections entériques est davantage liée à l'environnement et aux conditions d'exposition qu'à la forme clinique de la malnutrition.

Tableau 6 : Répartition de type de la malnutrition et les germes (N=368).

Germes	Marasme		Kwashiorkor	
	n	%	n	%
Germes non pathogènes	248	75,2	82	24,8
<i>Salmonella typhi</i>	22	64,7	12	35,3
<i>Shigella spp</i>	1	100,0	0	0,0
<i>Staphylococcus aureus</i>	3	100,0	0	0,0
Total	274	74,5	94	25,5

3.3. Les antibiotiques utilisés contre les germes pathogènes

L'antibiogramme réalisé sur les 34 isolats de *Salmonella typhi* a révélé un profil de sensibilité contrasté selon les molécules testées. Le céfotaxime et l'amikacine affichaient une sensibilité de 100 %, classant ces deux antibiotiques comme les agents de premier choix pour le traitement des salmonelloses chez les enfants malnutris dans ce contexte. La ciprofloxacine présentait une bonne activité, avec 91,2 % des souches sensibles et seulement 8,8 % de souches résistantes. L'amoxicilline-acide clavulanique (Augmentin) montrait une sensibilité partielle : 41,2 % des souches étaient sensibles, tandis que 58,8 % se situaient dans la catégorie intermédiaire, témoignant d'une efficacité clinique incertaine. En revanche, l'amoxicilline seule se révélait pratiquement inactive, avec 97,1 % de résistance. La tétracycline affichaient une résistance absolue (100 %), la rendant inutilisable pour le traitement de cette espèce dans la population étudiée. Ces résultats illustrent une résistance acquise aux antibiotiques de première génération et soulignent la nécessité de

privilégier les céphalosporines de troisième génération et les aminosides dans la prise en charge des infections à *Salmonella typhi* chez les enfants atteints de malnutrition aiguë sévère.

Tableau 7 : Répartition des antibiotiques utilisés contre les *Salmonella typhi*.

Antibiotiques	Sensible		Intermédiaire		Résistant		Total
	<i>n</i>	%	<i>N</i>	%	<i>n</i>	%	
Augmentin	14	41,2	20	58,8	0	0	34
Cefotaxime	34	100	0	0	0	0	34
Amikacine	34	100	0	0	0	0	34
Amoxicilline	0	0	1	2,9	33	97,1	34
Ciprofloxacine	31	91,2	0	0	3	8,8	34
Tétracycline	0	0	0	0	34	100	34

Les trois isolats de *Staphylococcus aureus* présentaient un profil de sensibilité globalement favorable pour certaines molécules. L'amoxicilline-acide clavulanique (Augmentin) et l'amikacine étaient actives sur l'ensemble des souches testées (sensibilité de 100 % pour chaque antibiotique), les désignant comme les agents les plus fiables pour le traitement des infections staphylococciques dans ce contexte. La ciprofloxacine montrait une efficacité partielle, avec 33,3 % de souches sensibles et 66,7 % de souches dans la catégorie intermédiaire, ce qui limite son utilisation en monothérapie. L'érythromycine se situait entièrement en zone intermédiaire (100 %), suggérant une activité insuffisante pour garantir un succès thérapeutique. L'amoxicilline se révélait également en zone intermédiaire dans l'ensemble des cas (100 %), tandis que la tétracycline affichait une résistance totale (100 %). Compte tenu du faible effectif d'isolats ($n = 3$), ces résultats doivent être interprétés avec prudence ; ils fournissent néanmoins des orientations utiles pour le choix thérapeutique empirique dans la population concernée.

Tableau 8 : Répartition des antibiotiques utilisés contre le *staphylococcus aureus*.

Antibiotiques	Sensible		Intermédiaire		Résistant		Total
	<i>n</i>	%	<i>N</i>	%	<i>n</i>	%	
Augmentin	3	100	0	0	0	0	3
Erythromycine	0	0	3	100	0	0	3
Tétracycline	0	0	0	0	3	100	3
Amoxicilline	0	0	3	100	0	0	3
Amkacine	3	100	0	0	0	0	3
Ciprofloxacine	1	33,3	2	66,7	0	0	3

L'antibiogramme du seul isolat de *Shigella spp.* a mis en évidence une sensibilité complète au céfotaxime, à l'amikacine et à l'amoxicilline-acide clavulanique (Augmentin), chacun à 100 %, ce qui conforte leur place en tant qu'agents de référence pour le traitement des shigelloses dans ce contexte. La ciprofloxacine présentait un résultat entièrement intermédiaire (100 %), indiquant une efficacité clinique incertaine qui déconseille son emploi en première intention. L'amoxicilline seule et la tétracycline affichaient une résistance absolue (100 % pour chaque molécule), les excluant de l'arsenal thérapeutique pour cette espèce. Ces résultats rejoignent les données de résistance aux antibiotiques de première génération rapportées pour d'autres entérobactéries dans la sous-région, et témoignent d'une évolution du profil de résistance de *Shigella spp.* qui rend indispensable la réalisation systématique d'un antibiogramme avant toute prescription. La portée de ces observations reste toutefois limitée par la taille de l'échantillon ($n = 1$), qui ne permet pas de généralisation statistique.

Tableau 9 : Répartition des antibiotiques contre le *Shigella spp.*

Antibiotiques	Sensible		Intermédiaire		Résistant		Total
	<i>n</i>	%	<i>N</i>	%	<i>n</i>	%	
Augmentin	1	100	0	0	0	0	1
Céfotaxime	1	100	0	0	0	0	1
Amikacine	1	100	0	0	0	0	1
Amoxicilline	0	0	0	0	1	100	1
Ciprofloxacine	0	0	1	100	0	0	1
Tétracycline	0	0	0	0	1	100	1

4. DISCUSSION

La présente étude avait pour objectif d'évaluer le profil des bactéries entéro-pathogènes et les caractéristiques de leur antibiorésistance chez des enfants souffrant de malnutrition aiguë sévère (MAS). Les résultats obtenus permettent une analyse structurée des aspects épidémiologiques, microbiologiques et thérapeutiques de cette problématique.

Répartition des formes cliniques de malnutrition

Dans notre série, le marasme constituait la forme clinique prédominante, représentant 74,5 % des cas, contre 25,5 % pour le kwashiorkor. Ces résultats sont concordants avec ceux rapportés par Kieta (2019), qui avait observé une prévalence du marasme de 79 % dans une série comparable de la même région. La prédominance du marasme dans les contextes subsahariens est cohérente avec les données épidémiologiques récentes, qui situent ce tableau clinique comme la manifestation la plus fréquente de la MAS dans les pays à revenu faible et intermédiaire (UNICEF, 2023). Ce profil reflète vraisemblablement une carence énergétique globale chronique, liée à l'insécurité alimentaire et à la fréquence des épisodes infectieux intercurrents.

Prévalence des bactéries entéro-pathogènes

La fréquence globale des cultures de selles positives pour une bactérie entéro-pathogène était de 10,3 %. Ce taux est en accord avec celui rapporté par Diouf et al. (1990), qui avaient observé 10,5 % de coprocultures positives dans une étude menée au CHU de Dakar, avec une prédominance d'*Escherichia coli* (6 %), de *Salmonella spp.* (3,7 %) et de *Klebsiella spp.* (0,7 %). En revanche, nos résultats divergent de ceux de Mudekereza (2017), qui avait identifié des signes digestifs imputables à la malnutrition chez 38,55 % des enfants, et de Kieta (2019), qui avait rapporté une fréquence de gastroentérite bactérienne de 39,3 %. Ces écarts peuvent s'expliquer par des différences méthodologiques, notamment dans les critères de définition des cas, les techniques microbiologiques employées et les contextes épidémiologiques locaux.

Sur le plan physiopathologique, la susceptibilité accrue aux infections bactériennes intestinales chez les enfants malnutris repose sur plusieurs mécanismes convergents. Une revue systématique publiée par Rytter et al. (2014) a documenté que la malnutrition est associée à une altération de la fonction de barrière intestinale, à une réduction de la sécrétion exocrine de substances protectrices et à une diminution du complément plasmatique. Le tissu lymphoïde, en particulier le thymus, subit une atrophie marquée, et les réponses d'hypersensibilité retardée sont réduites. Par ailleurs, les carences en micronutriments immunomodulateurs, notamment le zinc, le fer et la vitamine A, potentialisent ce déficit immunitaire : la carence en vitamine A altère la synthèse des glycoprotéines et la production de mucus, compromettant ainsi l'intégrité des barrières muqueuses et favorisant l'adhérence et la colonisation bactériennes (Black, 2003).

Profil bactériologique

Salmonella Typhi était le germe le plus fréquemment isolé, représentant 9,2 % de l'ensemble des prélèvements, suivi de *Staphylococcus aureus* (0,8 %). Ces résultats diffèrent quantitativement — mais convergent qualitativement — avec ceux de Traoré (2012), qui avait isolé *Salmonella spp.* dans 1,17 % des cas et *Staphylococcus aureus* dans 0,07 % des cas. La prédominance de *Salmonella Typhi* dans notre contexte peut être mise en relation avec plusieurs déterminants environnementaux caractéristiques des milieux urbains à ressources limitées : utilisation d'eau de surface pour les usages domestiques, accès insuffisant à l'assainissement, vente de denrées alimentaires en conditions précaires d'hygiène et promiscuité favorisant la transmission féco-orale. Cette observation est cohérente avec les données de la revue systématique d'Ekeng et al. (2024), qui confirme que les entérobactéries, dont les *Salmonella*, figurent parmi les pathogènes bactériens les plus fréquemment isolés chez les enfants africains atteints de MAS.

La présence de *Staphylococcus aureus* dans notre série peut être interprétée à la lumière du phénomène de décloisonnement microbiote oro-pharyngo-intestinal décrit par Vonaesch et al. (2018). Ces auteurs ont démontré, dans le cadre du projet AfriBiota, que le retard de croissance est associé à une présence accrue de bactéries d'origine oro-pharyngée dans l'ensemble du tractus gastro-intestinal. Von Platen et al. (2024) ont prolongé ces travaux en montrant, dans le cadre d'AfriBiota 2, que les enfants présentant une mauvaise hygiène bucco-dentaire peuvent voir les bactéries pathogènes de leur cavité orale migrer vers le tube digestif, interférant avec l'absorption des lipides et d'autres nutriments essentiels à la croissance. Ces données confèrent une dimension étiopathogénique nouvelle au rôle de l'hygiène orale dans la malnutrition pédiatrique.

Distribution selon le type de malnutrition et la tranche d'âge

La prévalence des bactéries entéro-pathogènes était de 12,8 % chez les enfants kwashiorkorés et de 9,5 % chez les marasmiques, sans différence statistiquement significative ($p = 0,2$). Ces résultats sont concordants avec ceux de Famanta (2021), qui n'avait pas non plus observé de différence significative dans la proportion de maladies sous-jacentes entre les deux formes cliniques ($p = 0,6$). L'absence de différence significative suggère que la susceptibilité aux infections bactériennes intestinales est similaire dans les deux formes de MAS, indépendamment du tableau protidique ou énergétique prédominant. Sur le plan de la distribution par âge, *Salmonella Typhi* était le germe prédominant dans la tranche d'âge de 1 à 5 ans, représentant 76,5 % des isolats, contre 17,6 % dans le groupe de 6 à 10 ans et 5,9 % chez les enfants de 11 ans et plus. Cette répartition est cohérente avec les données d'Ateudjieu et al. (2018), qui avaient retrouvé que 30,8 % des bactéries pathogènes isolées l'étaient chez des enfants de 0 à 5 ans, avec *Escherichia coli* comme germe dominant (73 %), suivi de *Salmonella spp.* (15,5 %). Nos résultats divergent cependant de ceux d'Idrissa Traoré (2024), qui identifiait *Escherichia coli* entéro-pathogène (EPEC) comme pathogène prédominant (14,6 %). Ces divergences illustrent la variabilité géographique et temporelle du profil bactériologique

chez les enfants malnutris, plaidant pour une surveillance épidémiologique locale continue. D'un point de vue physiopathologique, la vulnérabilité accrue des enfants de moins de cinq ans s'explique par l'immaturation relative des barrières mécaniques de l'organisme, cavité buccale, muqueuse digestive, épithélium respiratoire, dont l'intégrité est encore davantage compromise par l'état de malnutrition. Toute solution de continuité dans ces tissus constitue une porte d'entrée pour divers agents pathogènes, selon un mécanisme bien documenté dans la littérature (Rytter et al., 2014).

Profil d'antibiorésistance

Les données d'antibiogramme révèlent une sensibilité totale (100 %) de *Salmonella Typhi* au céfotaxime et à l'amikacine, une sensibilité de 91,2 % à la ciprofloxacine et une résistance quasi absolue à l'amoxicilline (97,1 %). Ces résultats s'inscrivent dans la continuité de ceux rapportés par Traoré (2012), qui avait observé une résistance absolue des *Salmonella* à l'ampicilline, au cotrimoxazole et au chloramphénicol, avec une sensibilité préservée aux céphalosporines de troisième génération et à la ciprofloxacine. Cette résistance aux aminopénicillines est désormais bien établie et documentée à l'échelle du continent africain dans de multiples revues systématiques (Tack et al., 2020). La résistance à l'amoxicilline observée dans notre série est concordante avec les recommandations actuelles. Lazzerini et Tickell (2011) avaient déjà souligné dans leur revue systématique que l'amoxicilline n'apporte aucun avantage démontré dans le traitement de la MAS non compliquée par rapport au placebo, et que l'association ampicilline-gentamicine permettait en revanche de réduire significativement la mortalité chez les enfants hospitalisés. L'essai clinique de Trehan et al. (2013), conduit au Niger, a par ailleurs montré que la prise d'amoxicilline pendant sept jours ne modifiait pas le taux de guérison nutritionnelle (65,9 % dans le groupe amoxicilline versus 62,7 % dans le groupe placebo). Ces données remettent en question la prescription systématique d'amoxicilline en prophylaxie dans la MAS ambulatoire, tout en soulignant la nécessité d'adapter le traitement antibiotique au profil local de résistance.

L'OMS (2013) maintient néanmoins la recommandation d'un antibiotique prophylactique à large spectre lors de la prise en charge initiale de la MAS, considérant que le bénéfice potentiel l'emporte sur le risque dans les contextes à forte charge infectieuse. Cette tension entre les données probantes issues des essais cliniques et les recommandations programmatiques illustre la complexité de la gestion de l'antibiorésistance dans les milieux à ressources limitées.

Pour *Shigella* spp., le céfotaxime, l'amikacine et l'amoxicilline-acide clavulanique présentaient une sensibilité de 100 %, tandis que la ciprofloxacine était classée intermédiaire et que la tétracycline et l'amoxicilline étaient résistantes dans la totalité des cas. Ces résultats convergent partiellement avec ceux d'Ateudjieu et al. (2018) pour l'amikacine, mais divergent pour les autres molécules, probablement en raison de la pression de sélection antibiotique différentielle selon les contextes. *Staphylococcus aureus* présentait quant à lui une sensibilité complète à l'augmentin, à l'amikacine et à l'érythromycine, avec une sensibilité intermédiaire à la ciprofloxacine (33,3 %). Ces résultats, pris dans leur ensemble, soulignent la nécessité d'une antibiothérapie guidée par les données locales d'antibiogramme plutôt que par des schémas empiriques standardisés.

Limites de l'étude

La présente étude comporte plusieurs limites méritant d'être soulignées. Le caractère monocentrique et transversal de la conception limite la généralisation des conclusions à d'autres contextes. La taille de l'échantillon, bien qu'adaptée aux objectifs exploratoires, ne permet pas d'atteindre une puissance statistique suffisante pour mettre en évidence des associations de faible amplitude. Par ailleurs, l'absence de données sur l'utilisation antérieure d'antibiotiques constitue un facteur de confusion potentiel dans l'interprétation des profils de résistance. Des études prospectives multicentriques, intégrant une surveillance longitudinale de l'antibiorésistance, seraient nécessaires pour documenter l'évolution de ces profils et orienter les politiques locales d'antibiothérapie.

5. CONCLUSION

A l'issue de cette étude, il se dégage que les bactéries entéro-pathogènes sont responsables des infections intestinales chez les enfants avec malnutrition aiguë sévère (MAS). Parmi les bactéries entéro-pathogènes isolées, les *salmonella typhi* étaient les germes le plus isolés chez les enfants MAS de moins de 5 ans, suivi de *staphylococcus aureus* et de *shigella* spp. Les infections seraient amplifiées par la malnutrition à cause du déficit immunitaire qu'elle provoque. La malnutrition reste un enjeu majeur de la santé publique et son association avec les infections peuvent compromettre le pronostic vital. La sensibilité aux antibiotiques démontre que l'amikacine et la cefotaxime étaient sensibles aux *salmonella typhi* et au *shigella* spp, l'augmentin et l'amikacine étaient sensibles au *staphylococcus aureus*. Il est donc crucial de distinguer les infections bactériennes des autres causes de malnutrition et de le traiter seulement lorsqu'il est nécessaire, car l'utilisation excessive d'antibiotiques, même en cas de malnutrition, peut favoriser l'apparition de souches résistantes, rendant les infections plus difficiles et coûteuses à traiter.

Reconnaissance : Nos remerciements vont à l'endroit du laboratoire de l'ISTM Lubumbashi, du laboratoire de cliniques universitaire de Lubumbashi, des zones de santé Kisanga, Katuba et Lubumbashi nous ont aidés dans la réalisation de ce travail.

6. REFERENCES

- Ateudjieu, J., Beyala Bit'a'al, L., Guenou, E., Njimbina Chebe, A., Azike Chukuwchindun, B., Goura, A. P., & Zoung-Kani Bisseck, A.-C. (2018). Profil et antibiosensibilité des bactéries pathogènes associées aux diarrhées chez les patients consultant à l'Hôpital Régional Annexe de Kousséri, Extrême-Nord Cameroun. [Article scientifique non publié dans une revue indexée].
- Black, R. E. (2003). Zinc deficiency, infectious disease and mortality in the developing world. *The Journal of Nutrition*, 133(5 Suppl 2), 1485S–1489S. <https://doi.org/10.1093/jn/133.5.1485S>
- Cederholm, T., Bosaeus, I., Barazzoni, R., Bauer, J., Van Gossum, A., Klek, S., Muscaritoli, M., Nyulasi, I., Ockenga, J., Schneider, S. M., de van der Schueren, M. A. E., & Singer, P. (2015). Diagnostic criteria for malnutrition — An ESPEN Consensus Statement. *Clinical Nutrition*, 34(3), 335–340. <https://doi.org/10.1016/j.clnu.2015.03.001>
- Dave, M., Higgins, P. D., Middha, S., & Rioux, K. P. (2012). The human gut microbiome: Current knowledge, challenges, and future directions. *Translational Research*, 160(4), 246–257. <https://doi.org/10.1016/j.trsl.2012.05.003>
- Delarras, C. (2014). Pratique en microbiologie de laboratoire : Recherche de bactéries et de levures-moisissures. Lavoisier.
- Diouf, S., Sarr, M., Abdallahi, O. C., & Fall, M. (1990). Malnutrition et diarrhée chez l'enfant au CHU de Dakar. *Médecine d'Afrique Noire*. [Volume et pages à compléter].
- Ekeng, B., Adedokun, O., Otu, V., Chukwuma, S., Okah, A., Asemota, O., Eshiet, U., Akpan, U., Nwagboso, R., Ebiekpi, E., Umoren, E., & Usun, E. (2024). The spectrum of pathogens associated with infections in African children with severe acute malnutrition: A scoping review. *Tropical Medicine and Infectious Disease*, 9(10), 230. <https://doi.org/10.3390/tropicalmed9100230>
- Famanta, A. (2021). Facteurs déterminants dans la survenue du marasme et du kwashiorkor chez les enfants de 6 à 59 mois à l'URENI du centre de santé de référence de Kalaban Coro [Thèse de doctorat, Université des Sciences, des Techniques et des Technologies de Bamako].
- Kieta, S. (2019). Étude de la malnutrition aiguë sévère chez les enfants de 6 à 59 mois hospitalisés dans le service de pédiatrie du CSRéf de Kalaban Coro [Thèse de doctorat, Université des Sciences, des Techniques et des Technologies de Bamako].
- Lazzerini, M., & Tickell, D. (2011). Antibiotics in severely malnourished children: Systematic review of efficacy, safety and pharmacokinetics. *Bulletin of the World Health Organization*, 89(8), 594–607. <https://doi.org/10.2471/BLT.10.084715>
- Madigan, M. T., & Martinko, J. M. (2007). *Biologie des microorganismes* (1re éd.). Pearson Education France.
- Mariani-Kurkdjian, P., Bonacorsi, S., & Bingen, E. (2016). Diagnostic bactériologique des infections gastro-intestinales. *EMC — Bactériologie Médicale*, 149, 61.
- Meijers, J. M. M., van Bokhorst-de van der Schueren, M. A. E., Schols, J. M. G. A., Soeters, P. B., & Halfens, R. J. G. (2010). Defining malnutrition: Mission or mission impossible? *Nutrition*, 26(4), 432–440. <https://doi.org/10.1016/j.nut.2009.06.012>
- Mudekerezwa Musimwa, A. (2017). Malnutrition chez l'enfant de moins de 5 ans à Lubumbashi et ses environs : Approche épidémiologique et biochimique dans un milieu minier [Thèse de doctorat, Université de Lubumbashi, Faculté de Médecine].
- Organisation mondiale de la Santé. (2013a). Directive : Mise à jour de la prise en charge de la malnutrition aiguë sévère chez le nourrisson et l'enfant. <https://www.who.int>
- Organisation mondiale de la Santé. (2013b). Le rôle de l'enrichissement des aliments dans la lutte contre les carences en micronutriments. <https://www.who.int/nutrition/en>
- Organisation mondiale de la Santé. (2014). Statistiques sanitaires mondiales 2014. <https://www.who.int>
- Prakash, S., Rodes, L., Coussa-Charley, M., & Tomaro-Duchesneau, C. (2011). Gut microbiota: Next frontier in understanding human health and development of biotherapeutics. *Biologics: Targets & Therapy*, 5, 71–86. <https://doi.org/10.2147/BTT.S19099>
- Prescott, L. M., Harley, J. P., Klein, D. A., Sherwood, L. M., & Woolverton, C. J. (2010). *Microbiologie* (3e éd.). De Boeck Université.
- Qin, J., Li, R., Raes, J., Arumugam, M., Burgdorf, K. S., Manichanh, C., Nielsen, T., Pons, N., Levenez, F., Yamada, T., Mende, D. R., Li, J., Xu, J., Li, S., Li, D., Cao, J., Wang, B., Liang, H., Zheng, H., ... Wang, J. (2010). A human gut microbial gene catalogue established by metagenomic sequencing. *Nature*, 464(7285), 59–65. <https://doi.org/10.1038/nature08821>
- République Démocratique du Congo. (2014). Enquête démographique et de santé (EDS-RDC II) 2013–2014 : Rapport final. Ministère du Plan.
- ROSCO Diagnostica. (2013). Neo-Sensitabs user's guide. <https://www.rosco.dk>
- Rytter, M. J. H., Kolte, L., Briend, A., Friis, H., & Christensen, V. B. (2014). The immune system in children with malnutrition — A systematic review. *PLOS ONE*, 9(8), e105017. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0105017>
- Sender, R., Fuchs, S., & Milo, R. (2016). Are we really vastly outnumbered? Revisiting the ratio of bacterial to host cells in humans. *Cell*, 164(3), 337–340. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2016.01.013>
- Tack, B., Vanaenrode, J., Verbakel, J. Y., Toelen, J., & Jacobs, J. (2020). Invasive non-typhoidal Salmonella infections in sub-Saharan Africa: A systematic review on antimicrobial resistance and treatment. *BMC Medicine*, 18(1), 212. <https://doi.org/10.1186/s12916-020-01652-4>
- Tortora, G. J., Funke, B. R., & Case, C. L. (2012). Introduction à la microbiologie (2e éd.). Éditions du Renouveau Pédagogique (ERPI).
- Traoré, A. M. T. (2012). Études des infections bactériennes invasives chez les enfants malnutris dans le département de pédiatrie du CHU Gabriel Touré [Thèse de doctorat, Université des Sciences, des Techniques et des Technologies de Bamako].
- Trehan, I., Goldbach, H. S., LaGrone, L. N., Meuli, G. J., Wang, R. J., Maleta, K. M., & Manary, M. J. (2013). Antibiotics as part of the management of severe acute malnutrition. *The New England Journal of Medicine*, 368(5), 425–435. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa1202851>
- UNICEF. (2023). Rapport mondial sur les crises alimentaires 2023 : Résumé exécutif. <https://www.unicef.org>
- Vonaesch, P., Morien, E., Andrianonimiadana, L., Sanke, H., Mbecko, J.-R., Huus, K. E., Naharimananirina, T., Gondje, B. P., Nigatoloum, S. N., Vondo, S. S., Kandou, J. E. K., Randremanana, R., Rakotondrainipiana, M., Mazel, F., Djorie, S. G., Gody, J.-C., Finlay, B. B., Rubbo, P.-A., Wegener Parfrey, L., Collard, J.-M., Sansonetti, P. J., & The Afribiota Investigators. (2018). Stunted childhood growth is associated with decompartmentalization of the gastrointestinal tract and overgrowth of oropharyngeal taxa. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 115(36), E8489–E8498. <https://doi.org/10.1073/pnas.1806573115>
- Von Platen, C., Collard, J.-M., Marbouty, M., & Moya Alvarez, V. (2024). Projet Afribiota 2 : L'impact de l'hygiène buccale sur la santé globale des tout-petits. Institut Pasteur de Bangui.



How to cite this article: Patrick Banza, Tony Kayembe et Philomene Lungu. PROFIL DES BACTERIES ENTERO-PATHOGENES ET ANTIBIORESISTANCES CHEZ LES ENFANTS MALNUTRIS AIGUE SEVERE. *Am. J. innov. res. appl. sci.* 2026, 22(6): 1-9. DOI: 10.5281/zenodo.20539121

This is an Open Access article distributed in accordance with the Creative Commons Attribution Non Commercial (CC BY-NC 4.0) license, which permits others to distribute, remix, adapt, build upon this work non-commercially, and license their derivative works on different terms, provided the original work is properly cited and the use is non-commercial. See: <http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>