

14^e réunion internationale du réseau GABRIEL

3-5 juin 2026

Radisson Blu Hotel, Antananarivo, Madagascar

Organisée par la Fondation Mérieux et le Centre d'Infectiologie Charles Mérieux
Madagascar

Avec le soutien de BioMérieux et de la Fondation Pierre Fabre



Rapport spécial

Du 3 au 5 juin 2026, plus d'une centaine de scientifiques, médecins, universitaires et professionnels de la santé publique issus de 22 pays se sont réunis au Radisson Blu Hotel d'Antananarivo, à Madagascar, à l'occasion de la 14^e réunion internationale du réseau GABRIEL.

La cérémonie d'ouverture a rassemblé des représentants du Centre d'Infectiologie Charles Mérieux, de la Fondation Mérieux, de l'Université d'Antananarivo, des ministères de la Santé et de l'Enseignement supérieur et de la Recherche, ainsi que l'ambassadeur de France à Madagascar. Leurs interventions ont mis en évidence leur engagement commun en faveur de l'avancement de la recherche, de l'innovation en matière de diagnostic et de la qualité des soins prodigués aux patients, dans le cadre de la lutte contre les maladies tropicales négligées, thème central de la première journée du symposium.

Depuis près de vingt ans, le réseau GABRIEL a permis la création d'une communauté scientifique dynamique et de confiance. Dans un monde de plus en plus fragmenté, le réseau joue un rôle essentiel pour pérenniser les partenariats scientifiques internationaux à long terme, promouvoir les collaborations Sud-Sud et Nord-Sud, renforcer les capacités

locales et soutenir les réponses mises en œuvre par les pays pour faire face aux défis liés aux maladies infectieuses. Grâce à des initiatives telles que les GABRIEL Young Scientist Awards, le réseau investit également dans la prochaine génération de chercheurs, en aidant de jeunes scientifiques talentueux issus de pays à faibles revenus et à revenus intermédiaires inférieurs à faire progresser leur carrière et à contribuer à la santé mondiale.

La réunion annuelle du réseau GABRIEL offre une occasion unique d'échanger des connaissances, de partager des expériences et d'explorer de nouvelles opportunités de collaboration. Le programme de cette année était axé sur la résistance aux antimicrobiens, la tuberculose et les infections respiratoires aiguës. Les discussions ont mis en évidence les lacunes en matière de diagnostic, les besoins de surveillance et les approches innovantes visant à améliorer la santé publique et les résultats pour les patients.

Le présent rapport résume les principaux messages et les avancées scientifiques qui ont émergé au cours du symposium, réaffirmant ainsi l'engagement pérenne de la Fondation Mérieux en faveur du renforcement des systèmes de santé et de l'amélioration de la santé mondiale grâce à des solutions locales.

JOURNÉE DU SYMPOSIUM

3 juin 2026

Innovations dans la lutte contre les maladies tropicales négligées : du diagnostic à la prise en charge des patients

SESSION I – Innovations en matière de diagnostic

Diagnostic précoce de la lèpre : stratégies de dépistage, innovations en laboratoire, rôle des soignants de première ligne



Dr Tahinamandranto Rasamoelina, du Centre d'Infectiologie Charles Mérieux, Université d'Antananarivo (Madagascar)

Sa présentation portait sur les défis et les opportunités liés au diagnostic précoce de la lèpre, une maladie tropicale négligée qui continue de toucher plus de 120 pays et qui entraîne des handicaps importants si elle n'est pas détectée à temps. Le dépistage précoce reste difficile en raison de la longue période d'incubation, des symptômes précoces non spécifiques et de la sensibilité limitée des outils de diagnostic classiques, en particulier dans les cas des formes paucibacillaires. Le diagnostic clinique reste donc essentiel, les professionnels de santé de première ligne jouant un rôle crucial dans l'identification des lésions suspectes, l'évaluation des atteintes nerveuses et l'orientation rapide des patients vers des spécialistes. La présentation a mis en avant l'importance des stratégies de dépistage ciblées, notamment la recherche des cas contacts et la recherche active de cas dans les zones d'endémie. Des données provenant de Madagascar et des Comores ont démontré que les contacts

intradomiciliaires et les voisins proches courent un risque nettement plus élevé, d'où l'intérêt des stratégies de dépistage localisées.

Les récentes innovations en laboratoire ont également été abordées. Les méthodes moléculaires, telles que la qPCR, améliorent la sensibilité du diagnostic, tandis que des techniques plus simples comme la technique LAMP constituent des options prometteuses pour les régions à faible ressource. Parallèlement, plusieurs biomarqueurs (moléculaires, sérologiques, immunologiques et transcriptomiques) font l'objet d'études, même si aucun d'entre eux ne permet à lui seul, à l'heure actuelle, d'établir un diagnostic précoce. Une étude opérationnelle a montré que l'association de la recherche active de cas à des outils sérologiques (par exemple, les tests rapides anti-PGL-I) et à une prophylaxie post-exposition permettait de réduire considérablement la transmission. Ces outils permettent également d'identifier les personnes à haut risque et de surveiller l'impact des interventions.

Dans l'ensemble, la présentation a souligné qu'un diagnostic précoce efficace nécessite une approche intégrée alliant expertise clinique, dépistage ciblé et utilisation appropriée des innovations en laboratoire. Il est essentiel de renforcer le rôle des soignants de première ligne et d'accorder la priorité aux populations à haut risque pour améliorer le dépistage et réduire la transmission.

Dynamique de la latence : stratégies d'intervention post-exposition et prophylactiques



Le **Dr Lovasoa Mbolamanana Joseph Andrianiriana**, du Programme national de lutte contre la lèpre du ministère de la Santé publique de Madagascar, a souligné l'importance de la période de latence dans la transmission de la lèpre et le rôle de la prophylaxie post-exposition dans la lutte contre cette maladie. La période de latence correspond à une phase critique au cours de laquelle les personnes infectées restent asymptomatiques, ce qui favorise la transmission asymptomatique et retarde le diagnostic.

La lèpre se transmet principalement par contact étroit et prolongé ; les membres d'un foyer, les voisins et les relations sociales constituent les groupes les plus exposés. Les stratégies recommandées par l'OMS comprennent la recherche des cas contacts et la prophylaxie ciblée afin d'interrompre la transmission à un stade précoce.

L'utilisation de la PEP à rifampicine à dose unique (SDR-PEP) a été présentée comme une intervention efficace, peu coûteuse et largement acceptée, qui réduit la progression de l'infection vers la maladie et protège les contacts à haut risque. Les données issues de programmes internationaux montrent une baisse importante de l'incidence.

Les résultats de l'essai PEOPLE mené à Madagascar et aux Comores ont démontré que l'association d'un dépistage porte-à-porte et d'une couverture prophylactique étendue permet d'obtenir le plus grand impact. Il a été démontré que la transmission était très localisée, souvent dans un rayon de 75 mètres autour des cas index.

Malgré des résultats prometteurs, des défis subsistent, notamment les longues périodes d'incubation, la stigmatisation, les contraintes logistiques et la nécessité de mettre en place des systèmes de surveillance plus efficaces. Dans l'ensemble, les stratégies intégrées alliant

dépistage et prophylaxie sont indispensables pour réduire la transmission et faire avancer la lutte contre la lèpre.

Dans l'ensemble, cette présentation a souligné que le dépistage proactif, associé à une prophylaxie post-exposition ciblée, est essentiel pour réduire la transmission et accélérer les progrès vers la lutte contre la lèpre.

Mycoses d'implantation : avancées dans les outils de diagnostic



Le **Dr Cécile Garnaud**, du CHU Grenoble-Alpes (France), a abordé la question des mycoses d'implantation, un groupe de maladies tropicales négligées causées par des champignons présents dans l'environnement et introduits par des lésions cutanées. Ces infections, notamment la chromoblastomycose et la sporotrichose, touchent principalement les populations à faibles revenus des régions tropicales et subtropicales. Elles sont associées à des maladies chroniques, à une morbidité importante ainsi qu'à un traitement difficile et de longue durée.

Le Dr Cécile Garnaud a souligné les difficultés de diagnostic liées à ces maladies, qui nécessitent souvent à la fois une suspicion clinique et une confirmation en laboratoire. Les méthodes de diagnostic classiques comprennent la microscopie directe, l'histopathologie et la culture, qui restent indispensables, mais présentent certaines limites, telles que des délais d'analyse longs, une sensibilité variable et la nécessité de faire appel à une expertise spécialisée. Les dernières avancées dans les outils de diagnostic ont été présentées, notamment la spectrométrie de masse MALDI-TOF pour l'identification au niveau de l'espèce et les techniques moléculaires telles que la PCR et le séquençage, qui améliorent la sensibilité et la précision. Cependant, ces outils ne sont pas encore largement disponibles dans le cadre des pratiques courantes. Des biomarqueurs et des tests de sensibilité aux antifongiques sont également en cours de développement, mais ne sont pas encore normalisés. Malgré les progrès réalisés, d'importantes lacunes subsistent en matière d'accès à des diagnostics fiables et abordables. Le renforcement des capacités des laboratoires, la mise au point de tests simples et accessibles, ainsi que l'amélioration de la formation sont essentiels pour optimiser le diagnostic, la surveillance et la prise en charge des patients atteints de ces maladies négligées.

Difficultés liées au diagnostic différentiel : identifier la dengue et d'autres arbovirus parmi des maladies fébriles similaires



Le **Dr Felipe Gomes Naveca**, de la Fondation Oswaldo Cruz (Fiocruz), au Brésil, s'est penché sur la complexité du diagnostic de la dengue et d'autres infections arbovirales dans les régions où plusieurs virus co-circulent. Les arbovirus tels que la dengue, l'oropouche et le mayaro se manifestent souvent par des symptômes fébriles non spécifiques similaires, ce qui rend leur différenciation clinique difficile et entraîne fréquemment des erreurs de diagnostic. Le Dr Felipe Gomes Naveca a souligné que la superposition des tableaux cliniques, associée à des capacités limitées de confirmation en laboratoire, peut

conduire à des interprétations épidémiologiques erronées. Un exemple venu du Brésil a illustré ce problème : dans ce pays, une grande partie des cas suspects de dengue se sont avérés par la suite être des infections par le virus Oropouche, ce qui met en évidence le risque de sous-estimation des agents pathogènes émergents.

L'un des points essentiels concernait l'importance de choisir des outils de diagnostic adaptés en fonction du stade de l'infection. Les différentes méthodes, notamment les analyses moléculaires et les tests sérologiques, ont chacune une fenêtre de diagnostic spécifique ; ne pas en tenir compte peut entraîner des faux négatifs. Les techniques moléculaires, en particulier les tests basés sur la PCR, ont été présentées comme les outils les plus fiables pour le dépistage précoce. La présentation a également mis en avant le rôle de la surveillance génomique dans l'amélioration de l'identification des agents pathogènes et le suivi des épidémies. L'intégration du diagnostic moléculaire aux systèmes de surveillance peut renforcer la détection des épidémies et la mise en place de mesures d'intervention. En résumé, la nécessité de mettre en place des approches de diagnostic intégrées et de renforcer les capacités des laboratoires a été identifiée comme essentielle pour améliorer la précision des diagnostics et soutenir la mise en œuvre d'interventions efficaces en matière de santé publique.

SESSION II : INNOVATIONS THERAPEUTIQUES

Prise en charge de la lèpre : innovations thérapeutiques et préventives



La **Pr Lala Soavina Ramarozatovo**, de la Faculté de Médecine de l'Université d'Antananarivo (Madagascar), a passé en revue les récentes avancées thérapeutiques et préventives de la lèpre, une maladie tropicale négligée qui continue d'entraîner une morbidité importante, avec environ 200 000 nouveaux cas signalés chaque année dans le monde.

La polychimiothérapie (PCT) recommandée par l'OMS reste la norme thérapeutique, mais elle présente plusieurs limites, notamment une durée de traitement longue, la toxicité et des difficultés liées à l'observance des patients. Parmi les innovations thérapeutiques émergentes, on trouve de nouveaux candidats-médicaments tels que la bédaquiline et le télacébec, ainsi que des schémas thérapeutiques alternatifs comme la rimoxclamine, qui présentent une activité bactéricide prometteuse et pourraient permettre d'améliorer les résultats neurologiques. Toutefois, les données actuelles indiquent que ces approches ne présentent pas encore une nette supériorité par rapport à la PCT et qu'elles doivent donc être utilisées avec prudence.

La Pr Lala Soavina Ramarozatovo a également abordé la prise en charge des réactions liées à la lèpre, en soulignant les limites des corticostéroïdes et le rôle potentiel des agents permettant d'éviter le recours aux stéroïdes, tels que le méthotrexate et d'autres traitements immunomodulateurs.

En matière de prévention, les discussions ont porté sur la prophylaxie post-exposition à base de rifampicine et sur les schémas thérapeutiques renforcés associant la rifampicine à la bédaquiline. La détection active des cas et les stratégies de dépistage ciblé ont été identifiées comme des éléments clés pour réduire la transmission.

En conclusion, même si des innovations prometteuses voient le jour, il reste essentiel de renforcer les systèmes de santé et d'assurer une mise en œuvre efficace pour obtenir des résultats durables dans la lutte contre la lèpre.

Amélioration de la prise en charge thérapeutique et diagnostique de la schistosomiase chez les mères et les jeunes enfants



Le **Pr Raphaël Rakotozandrindrainy**, de l'Université d'Antananarivo, a présenté l'étude freeBILY, une initiative majeure de recherche clinique visant à améliorer le diagnostic et le traitement de la schistosomiase chez les femmes enceintes et les jeunes enfants à Madagascar, l'un des pays les plus durement touchés par cette maladie tropicale négligée. La schistosomiase reste un problème de santé publique majeur en Afrique subsaharienne, où l'accès à l'eau potable et à l'assainissement est limité. Malgré les objectifs d'élimination fixés par l'OMS, les femmes enceintes et les

enfants d'âge préscolaire ont longtemps été négligés dans les programmes de lutte contre la maladie.

Le projet freeBILY, financé par l'EDCTP et parrainé par l'Institut Bernhard Nocht de médecine tropicale, évalue la faisabilité, l'efficacité et l'innocuité d'une stratégie thérapeutique de la schistosomiase fondée sur le dépistage, recourant à un test urinaire rapide POC-CCA (Point of Care - Circulating cathodic antigen) et à un traitement au praziquantel. Menée sur 42 sites d'étude à Madagascar, cette étude randomisée en cluster a admis plus de 5 100 femmes enceintes et a suivi à la fois les mères et leurs enfants pendant deux ans.

Les résultats ont démontré une prévalence initiale très élevée de la schistosomiase, 88,8 % des femmes ayant présenté un résultat positif lors de leur admission. Les taux de positivité ont diminué au cours du suivi post-traitement, tandis que le praziquantel a présenté un profil d'innocuité favorable, seuls des effets indésirables légers ou modérés ayant été signalés. Cette étude met en évidence l'intérêt pratique d'intégrer le diagnostic et le traitement fondés sur des tests dans les services de soins de santé primaires et plaide en faveur de l'inclusion des femmes enceintes et des jeunes enfants dans les programmes nationaux de lutte contre la schistosomiase.

La schistosomiase génitale féminine et les difficultés liées à son traitement



Le **Dr Myriam Lassmann**, de l'Institut Bernhard Nocht de médecine tropicale, en Allemagne, a présenté un aperçu des difficultés liées à la schistosomiase génitale féminine (SGF), une manifestation négligée de l'infection chronique par *Schistosoma haematobium* qui touche près de 56 millions de femmes et de filles dans le monde, principalement en Afrique subsaharienne. Malgré son impact considérable sur la santé, la SGF reste sous-diagnostiquée, souvent confondue avec une infection sexuellement transmissible, et est rarement prise en charge

dans le cadre des services de santé reproductive courants.

La présentation a mis en évidence les conséquences cliniques de la SGF, notamment les symptômes génitaux chroniques, l'infertilité, la grossesse extra-utérine, une susceptibilité accrue à l'infection par le VIH, ainsi qu'un lien possible avec l'infection par le HPV et le cancer du col de l'utérus. Si le praziquantel reste la pierre angulaire du traitement de la schistosomiase, son efficacité contre les lésions inflammatoires et chroniques caractéristiques de la SGF est limitée, ce qui souligne la nécessité de mettre au point de nouvelles approches thérapeutiques.

Plusieurs initiatives innovantes en cours à Madagascar ont été présentées, notamment le projet FIRM-UP, qui intègre le dépistage par colposcopie et le suivi médical dans les services de soins de santé primaires, ainsi que le programme WINGS4FGS/CARE-M, qui évaluera des traitements combinés visant à améliorer les résultats thérapeutiques. Le rôle de l'intelligence artificielle dans l'aide au diagnostic colposcopique a également été abordé, celle-ci étant considérée comme un outil prometteur pour renforcer les capacités de diagnostic dans les régions aux ressources limitées.

La présentation a conclu que la lutte contre la SGF nécessite une stratégie globale associant un diagnostic précoce, des traitements innovants, des services intégrés de santé reproductive, la prévention, la sensibilisation des communautés et le renforcement des programmes de santé publique.

Amélioration de l'accès au diagnostic grâce à la télédermatologie



Le **Pr Ousmane Faye**, de l'hôpital de dermatologie de Bamako, au Mali, a présenté l'expérience du projet de télédermatologie au Mali, en soulignant comment les solutions de santé numériques peuvent améliorer l'accès au diagnostic et aux soins dermatologiques dans les régions aux ressources limitées. Les maladies de peau constituent une charge majeure pour la santé publique à l'échelle mondiale et représentent l'une des principales causes d'invalidité non mortelle ; pourtant, l'accès aux dermatologues reste extrêmement limité dans de nombreux pays d'Afrique de l'Ouest. De plus, une grande partie des patients atteints d'affections cutanées sont d'abord pris en charge par des professionnels de santé de

première ligne dont la formation en dermatologie est limitée, ce qui entraîne fréquemment des erreurs de diagnostic, des traitements inadaptés et une augmentation des coûts de santé.

S'appuyant sur le succès du « projet Bamako », qui a permis d'améliorer les compétences en matière de diagnostic et les pratiques de prescription des professionnels de santé grâce à des formations et à l'accès à des médicaments dermatologiques essentiels, une initiative de télédermatologie a été lancée au Mali en 2015. Grâce à un modèle « store-and-forward » (différé), les professionnels de santé des centres de santé primaire transmettent des informations cliniques et des photographies à des dermatologues spécialisés, qui fournissent des conseils d'experts à distance.

Au cours des dix dernières années, le programme s'est considérablement développé, mobilisant 284 professionnels de santé, 112 centres de santé et couvrant l'ensemble du territoire malien. Plus de 10 000 patients ont bénéficié d'un accompagnement spécialisé, avec un délai de réponse moyen d'environ 24 heures. Ce projet a permis d'améliorer la précision du diagnostic, les connaissances du personnel soignant et les résultats pour les patients.

La présentation a conclu que la télédermatologie constitue une stratégie évolutive et durable pour renforcer les soins dermatologiques dans les zones mal desservies, tandis que les développements futurs pourraient inclure l'intelligence artificielle, la télé-expertise et l'intégration dans les systèmes de santé courants.

SESSION III : STRATEGIES DE SANTE PUBLIQUE

Intégration des programmes de lutte contre les maladies négligées



Le **Dr Alphonse José Nely**, représentant le Programme de lutte contre les maladies tropicales négligées (MTN) du ministère de la Santé publique de Madagascar, a présenté la stratégie nationale visant à intégrer les programmes de lutte contre les MTN afin d'améliorer leur efficacité, leur couverture et leur pérennité. Madagascar continue de faire face à une charge importante de MTN, notamment la filariose lymphatique, la lèpre, la schistosomiase, les helminthiases transmises par le sol et la cysticercose, qui restent toutes endémiques dans de vastes régions du pays.

La présentation a mis en évidence les limites des programmes verticaux traditionnels de lutte contre ces maladies. Si ces approches apportent une expertise spécialisée et un financement dédié, elles entraînent souvent des doublons dans les activités, une fragmentation des services de santé, une utilisation inefficace des ressources et une charge de travail excessive pour les agents de santé communautaire. Ces difficultés peuvent nuire à l'efficacité du système de santé et compromettre la pérennité des progrès réalisés dans la lutte contre les maladies.

Pour remédier à ces problèmes, Madagascar a adopté une approche intégrée aux niveaux stratégique, opérationnel et communautaire. Parmi les principales interventions figurent les campagnes intégrées d'administration massive de médicaments associées à d'autres

activités de santé publique, la formation et la supervision conjointes des distributeurs communautaires, des systèmes de notification harmonisés, ainsi que la participation d'agents de santé communautaires polyvalents au dépistage des maladies et à la pharmacovigilance. Les campagnes intégrées ont permis de réduire considérablement les coûts tout en améliorant la couverture géographique et thérapeutique.

La présentation a conclu que l'intégration des programmes est essentielle dans les régions aux ressources limitées. La poursuite de ces réussites dépendra d'un engagement politique fort, d'une meilleure harmonisation des données, d'une collaboration entre les programmes et d'un financement durable, conformément à la Feuille de route 2021-2030 de l'OMS sur les MTN et à l'objectif de développement durable 3.3.

Système mondial de surveillance en ligne de l'OMS pour la collecte, l'analyse et la diffusion de données sur la leishmaniose et les MTN cutanées



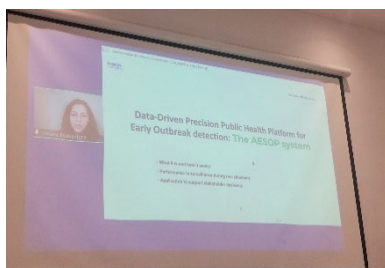
Le **Dr Carme Carrion Ribas**, de l'Université de Gérone (Espagne), a présenté les avancées récentes dans le développement et la validation de l'application SkinNTDs de l'OMS, un outil numérique d'aide à la décision conçu pour renforcer la détection, le diagnostic, la surveillance et la prise en charge des maladies tropicales négligées (MTN) cutanées. Développée conformément à la Feuille de route 2021-2030 de l'OMS sur les MTN, l'application a évolué : d'une version initiale consacrée exclusivement aux MTN cutanées, elle est devenue une plateforme plus

exhaustive qui intègre désormais des algorithmes couvrant 12 MTN cutanées et 24 affections dermatologiques courantes.

La présentation a passé en revue le développement progressif de l'application, notamment l'intégration de l'intelligence artificielle (IA) destinée à aider les professionnels de santé de première ligne dans les régions où l'accès à une expertise dermatologique est limité. Des études de validation internes, externes et menées sur le terrain ont été réalisées dans plusieurs pays, dont le Kenya, la Côte d'Ivoire, Madagascar, le Malawi, la Guinée, le Brésil et le Cameroun. Les résultats préliminaires ont montré des niveaux encourageants de performance de diagnostic, en particulier pour les maladies cutanées courantes et certaines MTN telles que la leishmaniose cutanée et la gale. Les évaluations d'aptitude à l'utilisation ont également révélé un niveau élevé de satisfaction chez les professionnels de santé.

Des études pilotes de mise en œuvre ont mis en évidence le potentiel de cette application pour améliorer la précision du diagnostic, favoriser le renforcement des capacités et consolider les services intégrés de santé cutanée au niveau des soins de santé primaires. La présentation a souligné l'importance d'une validation rigoureuse en conditions réelles, de la formation des utilisateurs, de la recherche sur la mise en œuvre et de l'implication des patients pour garantir un déploiement sûr et efficace des outils de diagnostic basés sur l'IA dans les régions endémiques.

Plateforme de santé publique de précision fondée sur les données, destinée à la détection précoce des épidémies : le système AESOP



Le **Dr Viviane Boaventura**, de la Fiocruz (Brésil), a présenté AESOP, une plateforme de surveillance innovante développée au Brésil afin de faciliter la détection précoce et le suivi des foyers épidémiques présentant un risque épidémique ou une pandémie. La plateforme intègre plusieurs sources de données, notamment les consultations en soins de santé primaires, les ventes de médicaments en vente libre et des informations numériques telles que les signaux et les rumeurs sur les réseaux sociaux. En associant l'intelligence artificielle et l'apprentissage automatique à des données épidémiologiques, environnementales, socio-économiques, de mobilité et génomiques, AESOP permet d'identifier rapidement des événements sanitaires inhabituels, d'en étudier les causes potentielles et de suivre leur propagation.

La présentation a mis en évidence la manière dont AESOP exploite des ensembles de données de routine à grande échelle et utilise des algorithmes d'évaluation de la qualité des données et de détection des anomalies pour générer des alertes en temps réel. Les résultats des mises en œuvre pilotes ont démontré la capacité du système à détecter une recrudescence des maladies respiratoires plusieurs semaines avant les systèmes de surveillance traditionnels. Dans la région d'Amazonas, par exemple, AESOP a identifié une forte augmentation des cas de maladies respiratoires avec 3 à 4 semaines d'avance par rapport à la surveillance classique, pendant le festival de Parintins.

Le Dr Boaventura a également évoqué l'extension de la plateforme aux maladies arbovirales et diarrhéiques, ainsi que sa mise en œuvre dans plusieurs États brésiliens. AESOP a été présenté comme un outil précieux pour faciliter la prise de décision en matière de santé publique, optimiser les réseaux de surveillance sentinelle et renforcer la préparation face aux menaces liées aux maladies infectieuses émergentes.

SESSION IV : Changement climatique et maladies tropicales négligées

Propagation des arbovirus et changements climatiques : impact sur les maladies à l'échelle mondiale et mesures de lutte



Le **Dr Felipe Gomes Naveca**, de la Fondation Oswaldo Cruz (Fiocruz), au Brésil, a présenté un aperçu de l'impact croissant du changement climatique sur l'émergence, la propagation et la lutte contre les maladies arbovirales. La présentation a souligné que la transmission des arbovirus résulte d'une interaction complexe entre des facteurs environnementaux, écologiques et sociétaux, notamment les changements d'affectation des sols, l'urbanisation, la mobilité humaine croissante et la variabilité climatique.

Ces facteurs contribuent à la propagation des moustiques vecteurs et augmentent les risques de transmission d'agents pathogènes.

S'appuyant sur des données récentes provenant du Brésil et d'autres régions des Amériques, le Dr Naveca a démontré comment la hausse des températures et les anomalies climatiques persistantes ont favorisé l'expansion géographique de la dengue, y compris dans des zones de haute altitude jusqu'alors épargnées. Il a été démontré que la température était un facteur déterminant de la compétence vectorielle d'*Aedes aegypti*, la transmission optimale de la dengue se produisant aux alentours de 29 °C. Les phénomènes météorologiques extrêmes, les inondations, les sécheresses et les perturbations climatiques liées au phénomène El Niño influencent également la répartition du vecteur et la dynamique de la maladie.

La présentation a également passé en revue l'évolution de l'épidémiologie d'autres arbovirus, notamment le chikungunya, la fièvre jaune, le virus Zika et le virus Oropouche (OROV). Les récentes recrudescences d'OROV dans la région amazonienne ont été associées à des conditions climatiques extrêmes, tandis que les changements environnementaux et l'expansion agricole pourraient contribuer à sa propagation. La modélisation prédictive et les approches d'apprentissage automatique ont été présentées comme des outils précieux pour identifier les domaines de risque émergents.

La présentation a conclu que le changement climatique devient un facteur majeur de l'émergence et de l'expansion géographique des arbovirus, ce qui nécessite un renforcement de la surveillance, une modélisation prévisionnelle et des réponses intégrées en matière de santé publique afin d'anticiper et d'atténuer les futures épidémies.

Changement climatique et dynamique de la peste à Madagascar : une approche d'apprentissage approfondi pour la prévision précoce des risques



Le **Dr Parfait Rakotonindrainy**, de l'Université d'Antananarivo (Madagascar), a présenté une étude explorant la relation entre le changement climatique et la dynamique de la peste à Madagascar, en mettant particulièrement l'accent sur l'utilisation d'approches d'apprentissage approfondi pour la prévision précoce des risques. Madagascar reste l'un des pays les plus touchés par la peste à l'échelle mondiale, et sa grande vulnérabilité au changement climatique soulève d'importantes questions quant à l'influence des facteurs environnementaux sur la transmission de la maladie.

Cette étude a adopté une approche One Health qui intègre des ensembles de données épidémiologiques, climatiques et environnementales recueillies sur plusieurs décennies. Ces données comprenaient des registres de surveillance de la peste, des mesures de température et de précipitations, ainsi que des indicateurs environnementaux tels que l'altitude, la couverture végétale et la déforestation. L'objectif était de déterminer dans quelle mesure les anomalies climatiques influent sur la transmission de la peste et si l'intelligence artificielle pouvait permettre de mieux identifier les situations à haut risque.

L'analyse a mis en évidence des tendances climatiques significatives dans les régions endémiques, notamment une augmentation des anomalies de température et une diminution des précipitations. C'est au cours des périodes caractérisées par des anomalies thermiques positives et de faibles niveaux de précipitations que l'on a observé la plus forte incidence de la peste. L'analyse statistique a démontré un lien important entre les anomalies climatiques et l'apparition de la peste, ce qui corrobore l'hypothèse selon laquelle les changements environnementaux influencent la résurgence de la maladie.

S'appuyant sur ces résultats, l'étude a mis au point un cadre d'apprentissage approfondi visant à prédire le risque de peste et à améliorer les capacités d'alerte précoce. La présentation a mis en évidence le potentiel de l'association des données climatiques, de la surveillance environnementale et de l'intelligence artificielle pour renforcer la surveillance de la peste, orienter les interventions de santé publique et améliorer la préparation face au changement climatique en cours.

PRESENTATIONS ORALES DE 5 MINUTES DES AFFICHES

Renforcement de la lutte contre les infections grâce à l'échantillonnage de l'air : enseignements tirés des hôpitaux et des centres d'autopsie brésiliens



Le **Dr Layla Honorato**, de l'Institut de médecine tropicale de l'Université de São Paulo (Brésil), a présenté une étude pilote sur l'utilisation de l'échantillonnage actif de l'air pour la surveillance des agents pathogènes respiratoires dans les établissements de santé brésiliens. Ce projet examine comment la surveillance de l'air peut venir compléter les mesures traditionnelles de lutte contre les infections et de surveillance de la santé publique en proposant une approche non invasive pour détecter les agents pathogènes présents dans l'air.

L'étude est menée dans quatre environnements de soins de santé très différents à travers le Brésil : une unité d'observation des urgences et un centre d'autopsie à São Paulo, un service municipal d'urgences à Jataí (État de Goiás) et un service d'urgence situé dans une région isolée à Atalaia do Norte (État d'Amazonas). Ces sites ont été sélectionnés afin de refléter la diversité des populations de patients, des niveaux d'infrastructure et des profils de risque de transmission.

À l'aide des échantillonneurs d'air ambiant Apollo™, des échantillons d'air sont prélevés deux fois par semaine pendant six mois. Les analyses moléculaires comprennent un dépistage par qPCR des principaux virus respiratoires (notamment la grippe, le SARS-CoV-2, le VRS, l'adénovirus et le rhinovirus/entérovirus), la détection du complexe *Mycobacterium tuberculosis* et le séquençage métagénomique d'échantillons sélectionnés.

Les résultats préliminaires obtenus à São Paulo ont démontré la faisabilité de cette approche. Lors d'une épidémie de grippe au service des urgences, le virus de la grippe A a été détecté avec succès dans les filtres à air, et tous les échantillons analysés répondaient aux critères de contrôle qualité. Ces premiers résultats suggèrent que le prélèvement actif d'échantillons d'air constitue un outil simple, sûr et efficace pour surveiller les agents

pathogènes respiratoires et qu'il pourrait renforcer la prévention des infections, la détection des épidémies et la préparation aux épidémies dans divers établissements de santé.

Présence de mycobactéries non tuberculeuses chez les cas présumés de tuberculose au Cameroun



Le Dr Valérie Flore Donkeng-Donfack, du Centre Pasteur du Cameroun, a présenté une étude portant sur la présence de mycobactéries non tuberculeuses (MNT) chez des patients chez lesquels on soupçonnait une tuberculose (TB) au Cameroun. Cette étude a été motivée par le constat que de nombreux cas présumés de tuberculose présentent des symptômes qui se confondent avec ceux d'autres maladies respiratoires, notamment les infections causées par les MNT, ce qui peut entraîner des erreurs de diagnostic et une prise en charge inadaptée. En combinant des techniques de microscopie, de culture et d'identification moléculaire, cette étude visait à caractériser les espèces de MNT présentes chez les cas présumés de tuberculose et à évaluer leur contribution à la charge des maladies respiratoires dans le pays.

Les résultats ont révélé que 4,5 % des 5 267 patients étudiés étaient infectés par des MNT, ce qui correspond à 236 cas confirmés. Il est important de noter que plus de la moitié de ces infections par des MNT (52,1 %) présentaient un frottis négatif et auraient donc probablement échappé au dépistage systématique de la tuberculose. Les espèces les plus fréquemment identifiées étaient *Mycobacterium fortuitum* (32,4 %) et *Mycobacterium intracellulare* (19,4 %), toutes deux couramment associées à des réservoirs environnementaux tels que l'eau et le sol.

Cette étude met en évidence une lacune importante en matière de diagnostic dans les régions où la TB est endémique et suggère qu'une partie des personnes classées comme négatives à la TB pourraient en réalité être atteintes d'une MNT. Elle a également souligné la nécessité de renforcer la surveillance des MNT, de développer les capacités de diagnostic au niveau de l'espèce et de recourir au séquençage du génome complet afin de mieux comprendre l'épidémiologie, la dynamique de transmission et la pertinence clinique des MNT en Afrique.

Facteurs sociocomportementaux associés au risque de variole du singe en République du Congo : une analyse transversale des connaissances, des attitudes et des pratiques



Le **Dr Claujeans Chastel Mfoutou Mapanguy**, de la Fondation Congolaise pour la recherche médicale (République du Congo), a présenté les résultats d'une étude transversale portant sur les facteurs sociocomportementaux liés au risque de variole du singe en République du Congo. Menée en réponse à l'augmentation de la charge épidémiologique de la variole du singe et au manque de données locales permettant d'orienter les stratégies de communication sur les risques, cette étude visait à évaluer les connaissances, les perceptions et les pratiques

relatives à la variole du singe au sein des populations vivant dans les zones endémiques et les régions voisines. L'analyse s'est appuyée sur le cadre des systèmes socioécologiques et a porté sur les districts de Likouala, de la Cuvette, des Plateaux et de Brazzaville. Un questionnaire structuré a été soumis aux participants adultes afin de recueillir des informations sur leurs caractéristiques sociodémographiques, leurs connaissances sur la variole du singe, leur perception des risques, ainsi que leurs comportements en matière de prévention et de recours aux soins.

Les résultats ont dévoilé d'importantes lacunes en matière de connaissances de la population interrogée. Seuls 5 % des participants ont démontré une bonne connaissance de la variole du singe, tandis que plus de la moitié n'avaient jamais eu accès à des informations sur cette maladie. Bien que 45 % des personnes interrogées aient exprimé leur inquiétude concernant cette maladie, les idées fausses restaient fréquentes : 29 % pensaient que la variole du singe n'existait pas et 34 % approuvaient la discrimination à l'encontre des personnes infectées. Néanmoins, la volonté d'adopter des mesures préventives s'est avérée encourageante, 56,3 % des personnes interrogées se déclarant favorables à la vaccination contre la variole du singe. Parmi les sources d'information fiables figuraient la radio, la télévision et les professionnels de santé.

L'étude a conclu que la prévention de la variole du singe en République du Congo est davantage entravée par des lacunes en matière de connaissances et des obstacles structurels que par une résistance aux mesures de santé publique. Le renforcement de l'engagement communautaire, l'amélioration de l'accès à des informations fiables et la mise en œuvre d'interventions socioécologiques intégrées ont été identifiés comme des priorités essentielles pour améliorer la préparation et la réponse face à la variole du singe.

Cohorte prospective pédiatrique sur la pneumonie acquise en communauté (CAP) intégrant des mesures de biomarqueurs en série, la détection d'agents pathogènes et une biobanque longitudinale afin d'étudier la gravité de la maladie et le processus de guérison



La **Pr Graciela Russomando**, de l'Université nationale d'Asunción (Paraguay), a présenté une étude de cohorte pédiatrique prospective menée au Paraguay afin de mieux comprendre la pneumonie acquise en communauté chez les enfants hospitalisés. Ce projet associe des mesures de biomarqueurs en série, la détection d'agents pathogènes, un suivi clinique et la mise en place d'une biobanque

longitudinale afin d'étudier la gravité de la maladie, la réponse au traitement et les processus de guérison. L'étude suit les patients à trois moments clés : à leur admission à l'hôpital, 48 heures après le début du traitement et à leur sortie, ce qui permet aux chercheurs de caractériser l'évolution des réponses inflammatoires de l'hôte tout au long de l'évolution de la maladie.

Les principaux objectifs consistent à décrire le profil inflammatoire des enfants atteints de PAC, à identifier les biomarqueurs associés à la gravité et à l'évolution de la maladie, à évaluer les facteurs prédictifs d'une réponse favorable au traitement et à développer des modèles pronostiques intégrant des données cliniques et biologiques. Une attention

particulière est accordée aux voies impliquées dans l'immunité innée, les lésions tissulaires, la régulation immunitaire et l'activation vasculaire.

Les analyses microbiologiques ont révélé une charge importante d'agents pathogènes respiratoires et de co-infections. Sur 103 prélèvements nasopharyngés, 26 isolats de *Streptococcus pneumoniae* ont été mis en culture, dont 20 présentaient une résistance à au moins un antibiotique et 6 étaient multirésistants à plus de cinq antibiotiques. Des co-infections virales et bactériennes ont également été fréquemment détectées à l'aide de technologies de diagnostic multiplex.

Cette étude a démontré que le suivi régulier de biomarqueurs tels que la protéine C-réactive à haute sensibilité, la procalcitonine et la numération leucocytaire fournit des informations plus pertinentes que des mesures ponctuelles effectuées lors de l'admission. La cohorte et la biobanque ainsi constituées forment une plateforme précieuse pour la découverte future de biomarqueurs et pour faire progresser les approches personnalisées dans la prise en charge de la pneumonie pédiatrique.



Le **Dr Rayane Rafei**, de l'Université libanaise (Liban), a présenté une étude transversale multicentrique portant sur la prévalence, les facteurs de virulence et la sensibilité aux antimicrobiens de *Clostridium perfringens* dans le nord du Liban, dans le cadre d'une approche One Health. Cette étude a permis de combler une lacune importante en matière de connaissances sur la circulation de cet agent pathogène d'origine alimentaire entre les sources humaines, animales et alimentaires dans la région du Moyen-Orient et de l'Afrique du Nord. Le *C. perfringens* est une bactérie anaérobie sporulée susceptible de provoquer des intoxications alimentaires, une gangrène gazeuse et des maladies entériques tant chez les humains que chez le bétail.

Au total, 490 échantillons ont été prélevés, dont 167 échantillons de selles humaines provenant de patients atteints de diarrhée, 300 échantillons de viande crue et 23 échantillons de selles de bovins, provenant d'hôpitaux, de boucheries et d'exploitations agricoles du nord du Liban. Les isolats ont été cultivés dans des conditions anaérobies, identifiés par MALDI-TOF, caractérisés au niveau des gènes de la neuraminidase, soumis à des tests de sensibilité aux antimicrobiens conformément aux directives de l'EUCAST, puis analysés à l'aide du système de typage de souches IR-Biotyper.

La prévalence la plus élevée de *C. perfringens* a été observée dans les échantillons de selles de bovins (50 %), suivis des cas de diarrhée aiguë (23,7 %), des cas de diarrhée nosocomiale (15,7 %) et des échantillons de viande crue (5,7 %). Les gènes de la neuraminidase étaient très répandus : tous les isolats issus de viande crue portaient les gènes *nanI*, *nanHet* *nanJ*. La plupart des isolats sont restés sensibles aux antibiotiques couramment utilisés, bien qu'une résistance à la clindamycine, à la moxifloxacine et à la tigécycline ait été détectée chez certaines souches. L'analyse IR-Biotyper a révélé à la fois une diversité génétique et un regroupement des isolats, ce qui suggère l'existence de plusieurs profils de souches en circulation.

Cette étude met en évidence l'intérêt d'une approche One Health pour comprendre les voies de transmission de *C. perfringens* et encourage la poursuite des recherches à l'aide du

séquençage du génome complet, du typage des toxines et de l'échantillonnage environnemental afin de renforcer les stratégies de surveillance et de prévention.

RÉUNION INTERNATIONALE DU RESEAU GABRIEL

4-5 juin 2026

Le réseau GABRIEL : principales réalisations



Le **Dr Florence Komurian-Pradel**, de la Fondation Mérieux, a présenté le réseau GABRIEL, un consortium scientifique international coordonné par la Fondation Mérieux qui regroupe 22 instituts de recherche, des universités, des hôpitaux et des ONG à travers l'Afrique, l'Asie et l'Amérique du Sud. Ce réseau a pour objectif de renforcer les capacités locales en matière de recherche et de surveillance dans les pays à revenu faible et intermédiaire, grâce à des projets collaboratifs, au renforcement des capacités et à des partenariats Sud-Sud axés sur les maladies infectieuses présentant un intérêt majeur pour

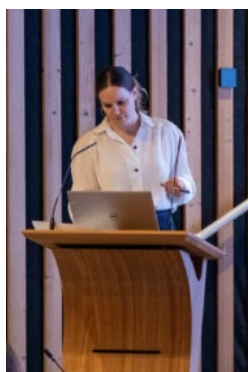
la santé publique.

Les activités du réseau GABRIEL s'articulent autour de domaines thématiques clés, notamment la tuberculose, la résistance aux antimicrobiens (RAM), les infections respiratoires aiguës et les agents pathogènes émergents. Les projets multinationaux en cours portent sur des méthodes innovantes de diagnostic de la tuberculose, la surveillance de la RAM chez les humains et les animaux, les impacts du changement climatique sur la résistance aux antimicrobiens, ainsi que l'épidémiologie des agents pathogènes respiratoires et la découverte de biomarqueurs. Le réseau soutient ces initiatives par le biais de financements de démarrage, de partenariats externes, de réunions scientifiques, de webinaires et de groupes de travail spécialisés.

Le renforcement des capacités constitue un élément essentiel du réseau. Le réseau GABRIEL encourage l'amélioration de la qualité des laboratoires, organise des ateliers de formation, propose des activités d'apprentissage en ligne, octroie des bourses de doctorat et gère le programme Young Scientist Award. Depuis 2019, treize bourses de doctorat ont été attribuées, tandis que quatorze jeunes chercheurs ont reçu des prix scientifiques récompensant leurs contributions exceptionnelles. Le réseau a également donné lieu à près d'une centaine de publications scientifiques collectives depuis 2012.

La présentation a également mis en avant des partenariats stratégiques, notamment la collaboration avec la Fiocruz, qui vise à renforcer la recherche sur les arbovirus et l'épidémiologie basée sur les eaux usées. Enfin, les participants ont découvert trois groupes de travail One Health consacrés à la transmission de la tuberculose, à la résistance aux antimicrobiens dans les systèmes de production avicole et aux bactéries multirésistantes au niveau de l'interface patient-personnel soignant-hôpital, jetant ainsi les bases de futurs projets collaboratifs et d'opportunités de financement.

Application de la biostatistique au service du réseau GABRIEL



Emilie Westeel, de la Fondation Mérieux, a présenté un aperçu des activités de bio-informatique, de biostatistique et de formation mises en œuvre au sein du réseau GABRIEL afin d'aider les laboratoires partenaires à analyser et à interpréter des ensembles de données de recherche de plus en plus complexes. À mesure que les technologies de séquençage deviennent plus accessibles, de nombreux laboratoires sont désormais en mesure de générer d'importants volumes de données génomiques et épidémiologiques. Cependant, la transformation de ces données en informations de santé publique pertinentes, reproductibles et exploitables reste un défi de taille.

La présentation a mis en avant trois domaines d'accompagnement complémentaires : la bio-informatique, la biostatistique et le renforcement des capacités. Les activités dans le domaine de la bio-informatique comprennent la caractérisation des agents pathogènes, l'analyse de la résistance aux antimicrobiens, les études phylogénétiques et le développement de pipelines d'analyse reproductibles à partir de données de séquençage Illumina et Nanopore. L'accompagnement en biostatistique couvre la gestion des données, leur visualisation, la modélisation statistique, l'évaluation des tests de diagnostic, le calcul de la taille des échantillons, ainsi que l'aide à la rédaction de publications scientifiques et de rapports. Les activités de renforcement des capacités visent à consolider l'autonomie analytique grâce à des formations sur le langage R, les statistiques, les outils en ligne de commande, la reproductibilité des flux de travail et l'analyse des données de séquençage de nouvelle génération.

Entre 2025 et 2026, un accompagnement a été fourni à des équipes dans huit pays à travers cinq sessions de formation et cinq projets de recherche, touchant 26 stagiaires, auxquels s'ajoutent plus de 145 inscriptions à la formation en ligne sur la bio-informatique proposée par l'INSEQBIN. Parmi les exemples concrets, on peut citer une formation sur les processus reproductibles de séquençage du génome complet au Burundi et une évaluation statistique des tests de dépistage de la variole du singe en République démocratique du Congo.

La présentation a souligné que la simple production de données ne suffit plus. Un impact durable nécessite de solides capacités d'analyse, des méthodologies reproductibles et des collaborations à long terme permettant aux laboratoires d'analyser et d'interpréter leurs propres données en toute autonomie.

SESSION I : RESISTANCE AUX ANTIMICROBIENS

Surveillance de la RAM grâce à l'approche One Health – Surveillance de la RAM dans les foyers humains et chez les animaux de compagnie : quel rôle jouent-ils dans les voies de transmission ?

Étude au Bangladesh



Le **Dr Rofiqur Rahman**, de l'Institut pour le développement de la science et de la santé au Bangladesh, a présenté une étude One Health portant sur la transmission potentielle de bactéries résistantes aux antimicrobiens (RAM) entre les femmes enceintes et leurs animaux de compagnie. La recherche portait sur la présence d'*Escherichia coli* productrice de β -lactamase à spectre élargi (BLSE) au cours des sixième et neuvième mois de grossesse. Le séquençage du génome complet de 95 isolats a permis de caractériser les gènes de résistance aux antimicrobiens, les facteurs de virulence, les

plasmides, les sérotypes et les types de séquence. L'analyse a révélé une forte prévalence de déterminants de résistance, en particulier *bla*CTX-M-15, *bla*TEM-1B, *bla*DHA-1 et du gène de résistance aux quinolones *qnr*SI, ainsi que plusieurs gènes de virulence et des plasmides associés à la multirésistance. Une diversité génétique considérable a été observée parmi les isolats. Toutefois, malgré la présence généralisée de gènes RAM dans les échantillons tant humains qu'animaux, l'analyse génomique n'a révélé aucun chevauchement significatif entre les paires mère-animal ni aucune preuve de transmission directe. Cette étude a mis en évidence la circulation de facteurs déterminants importants de la RAM au sein des foyers et a démontré l'intérêt d'une approche One Health pour la surveillance de la RAM.

Étude au Brésil



Le **Dr Nazareno Scaccia**, de l'Université de São Paulo (Brésil), a présenté le volet brésilien du projet, mené à São Paulo. L'étude a évalué la prévalence et les caractéristiques génétiques de l'*E. coli* producteur de BLSE chez les femmes enceintes et les animaux de compagnie. Parmi les 180 femmes testées à six mois de grossesse, 8,3 % étaient porteuses d'*E. coli* productrice de BLSE, tandis que la prévalence est tombée à 2,5 % chez les 122 femmes testées à neuf mois. Des isolats producteurs de BLSE ont également été détectés chez les animaux de compagnie, bien qu'à une fréquence moindre. Le séquençage du génome complet de 23 isolats a

permis d'identifier plusieurs variants *bla*CTX-M cliniquement pertinents et a mis en évidence une grande diversité génomique, comprenant notamment des types de séquence tels que ST131 et ST744, tant chez les humains que chez les animaux. Aucune souche identique productrice de BLSE n'a été détectée chez le même hôte au fil du temps, et les comparaisons génomiques n'ont fourni aucune preuve d'une transmission directe de l'animal à l'humain. Les résultats ont néanmoins confirmé la présence de déterminants de résistance

importants dans les deux populations et ont mis en évidence la nécessité d'approfondir l'étude de la dynamique de transmission au sein des foyers.

Étude au Paraguay

Le **Dr Graciela Russomando, au nom du Dr Rosa Guillen**, de l'Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud du Paraguay, a présenté le volet paraguayen de l'étude. Menée dans le département central du Paraguay, la cohorte comportait 59 femmes enceintes et 31 animaux de compagnie au sixième mois de grossesse, avec un suivi de 38 femmes et 18 animaux de compagnie au neuvième mois. La prévalence d'*E. coli* productrice de BLSE était supérieure à celle observée au Brésil, atteignant respectivement 15,3 % et 18,4 % chez les femmes au sixième et neuvième mois de grossesse, tandis que la prévalence chez les animaux de compagnie est passée de 16,1 % à 33,3 %. Des analyses longitudinales ont révélé des schémas dynamiques d'acquisition et d'élimination de la colonisation par les BLSE, tant chez les femmes que chez les animaux. Le séquençage du génome complet de 22 isolats a révélé une forte variabilité génétique, les gènes BLSE prédominants étant *bla*CTX-M-15 et *bla*CTX-M-55. La plupart des isolats étaient multirésistants, et tous portaient le gène de la pompe d'efflux *mdf(A)*, associé à une résistance à plusieurs classes d'antimicrobiens. Les comparaisons génomiques n'ont pas permis de confirmer une transmission directe entre les femmes et leurs animaux de compagnie, ce qui souligne la complexité de la circulation de la RAM dans les milieux communautaires et l'importance d'une surveillance intégrée One Health.

Analyses génomiques d'*Escherichia coli* productrices de β -lactamase à spectre élargi et de carbapénémases impliquées dans les infections des voies urinaires (IVU) à Yaoundé, au Cameroun



Le **Dr Pierrette Simo**, du Centre Pasteur du Cameroun, a présenté les résultats d'une étude génomique portant sur des souches d'*Escherichia coli* productrices de BLSE et de carbapénémases, associées à des infections des voies urinaires (IVU) à Yaoundé, au Cameroun. Elle a d'abord souligné la charge mondiale croissante des IVU et le défi de plus en plus important que représente la résistance aux antimicrobiens, en particulier au Cameroun, où les données génomiques sur *E. coli* uropathogène restent rares. Cette étude a été menée entre septembre 2024 et mars 2025 dans le cadre d'une collaboration entre le Centre Pasteur du Cameroun et quatre hôpitaux de référence de Yaoundé. Parmi les 121 isolats d'*E.*

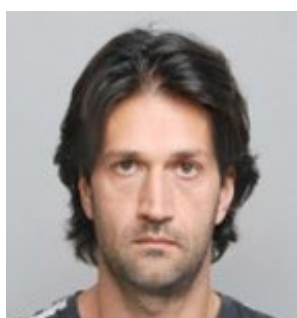
coli multirésistants prélevés en milieu hospitalier et en milieu communautaire, un sous-ensemble de 63 souches productrices de BLSE a fait l'objet d'un séquençage du génome complet. Les résultats ont révélé une résistance généralisée à plusieurs classes d'antibiotiques et une prédominance du gène BLSE *bla*CTX-M-15. Des gènes de carbapénémases, notamment *bla*NDM-1, *bla*NDM-5 et *bla*OXA-181, ont également été détectés dans les deux secteurs.

La caractérisation génomique a permis d'identifier plusieurs clones à haut risque et émergents, notamment les ST131, ST410, ST156, ST73 et ST1193, ainsi qu'une prédominance de souches appartenant au phylogroupe B2, réputé virulent. Les analyses phylogénétiques ont

démontré de fortes similitudes génétiques entre les isolats provenant des hôpitaux et ceux provenant de la communauté, ce qui suggère une circulation possible de souches résistantes entre ces deux milieux. Le Dr Pierrette Simo a conclu que la propagation de souches d'*E. coli* hypervirulentes et multirésistantes souligne la nécessité urgente d'une surveillance génomique, d'une détection

précoce de la résistance aux antimicrobiens et d'un renforcement des stratégies de prévention et de lutte afin d'atténuer l'impact de la résistance aux antimicrobiens au Cameroun.

Évaluation d'un test de diagnostic rapide permettant de détecter la résistance aux antibiotiques chez les bactéries responsables d'infections des voies urinaires d'origine communautaire à Madagascar



Le **Dr Milen Milenkov**, de la Fondation Mérieux, a présenté le projet BLSE-IVU, une étude prospective menée dans des établissements de soins de santé primaires à Antananarivo (Madagascar), portant sur le problème croissant posé par l'*Escherichia coli* producteur de bêta-lactamase à spectre élargi (BLSE) dans les infections des voies urinaires (IVU). La forte prévalence des souches productrices de BLSE d'origine communautaire à Madagascar réduit l'efficacité des céphalosporines de troisième génération couramment prescrites et contribue à un usage inadéquat des antibiotiques.

Cette étude a pour objectif d'évaluer l'utilité clinique du NG-Test® CTX-M MULTI, un test rapide au chevet du patient permettant de détecter les bactéries productrices de BLSE de type CTX-M directement à partir d'échantillons d'urine. Environ 900 patients présentant des symptômes d'IVU seront admis afin d'évaluer la prévalence des BLSE, de décrire les pratiques de prescription d'antibiotiques et de déterminer la performance diagnostique du test par rapport aux méthodes standard basées sur la culture.

Parallèlement, les isolats bactériens feront l'objet d'une caractérisation phénotypique et génomique afin d'identifier les mécanismes de résistance aux antimicrobiens et d'examiner les liens potentiels avec les souches circulant dans la communauté, en s'appuyant sur les données générées dans le cadre de l'initiative de surveillance Tricycle de l'OMS.

Le projet devrait fournir des données importantes sur la faisabilité et l'impact de la mise en œuvre de tests de diagnostic rapide de la résistance aux antimicrobiens dans les soins courants, dans les régions à faible ressource. En favorisant une prescription plus appropriée des antibiotiques, ce projet est susceptible de renforcer la gestion des antimicrobiens et d'améliorer les résultats pour les patients.

SESSION II : INFECTIONS RESPIRATOIRES

Perspectives épidémiologiques et diversité du microbiome respiratoire dans les infections aiguës des voies respiratoires supérieures : évaluation des risques suite à la pandémie de COVID-19



Le **Dr Rofiqur Rahman**, de l'Institut pour le développement des initiatives scientifiques et sanitaires du Bangladesh, a présenté une étude portant sur l'épidémiologie des infections aiguës des voies respiratoires supérieures (IVRS) et la diversité du microbiome respiratoire au Bangladesh dans l'ère post-COVID-19. Sa présentation a mis l'accent sur la charge mondiale considérable que représentent les infections respiratoires aiguës, ainsi que sur les interactions complexes entre l'hôte, l'agent pathogène et les facteurs environnementaux qui influencent la transmission et la gravité de la maladie. Une

attention particulière a été accordée au contexte du Bangladesh, où la forte densité démographique, la pollution atmosphérique, la malnutrition généralisée, le tabagisme passif et l'utilisation de combustibles issus de la biomasse peuvent contribuer à l'augmentation de la charge épidémiologique des maladies respiratoires.

Cette étude a été conçue comme une étude prospective de type cas-témoins d'une durée de 24 mois, visant à évaluer la diversité du microbiome respiratoire et son association avec la gravité des IVRS. Les objectifs consistent notamment à comparer les profils microbiens entre les cas symptomatiques et les témoins sains, à identifier les profils de microbiote associés à la gravité de la maladie, et à caractériser les agents pathogènes, les gènes de résistance aux antimicrobiens, les facteurs de virulence et les variants émergents grâce au séquençage métagénomique shotgun. Les travaux cliniques et de laboratoire sont menés à l'ideSHi au Bangladesh, les analyses métagénomiques étant réalisées en collaboration avec le CML en Chine.

Il a indiqué que le recrutement et le prélèvement des échantillons étaient terminés, avec un total de 300 cas et 150 témoins. Le dépistage par PCR primaire des premiers échantillons a permis de détecter plus fréquemment des agents pathogènes viraux que bactériens ; la grippe A a présenté des taux de détection similaires chez les groupes symptomatiques et témoins, tandis que le VRS et les agents pathogènes bactériens ont été détectés à de faibles fréquences.

Ce projet devrait permettre de combler d'importantes lacunes en matière de connaissances post-pandémie en caractérisant les modifications du microbiome, la diversité des agents pathogènes et les profils de résistance aux antimicrobiens au Bangladesh. L'intégration des données relatives aux microbiomes et des données cliniques pourrait permettre de mieux comprendre la gravité des maladies respiratoires et favoriser l'élaboration de stratégies préventives et thérapeutiques plus ciblées.

Biomarqueurs de l'hôte pour l'évaluation de la gravité et le diagnostic du VRS



Le **Dr Marilda Siquiera**, de la Fiocruz (Brésil), a présenté un projet collaboratif visant à identifier et à évaluer les biomarqueurs humains associés à la gravité clinique de l'infection par le virus respiratoire syncytial (VRS) au Brésil. Elle a tout d'abord mis en avant l'importance épidémiologique du VRS et sa circulation saisonnière dans différentes régions du Brésil, en soulignant la charge des infections respiratoires aiguës graves causées par ce virus.

Ce projet, élaboré en collaboration avec le laboratoire Christophe Mérieux en Chine, vise à mettre en place une biobanque structurée consacrée au VRS, contenant des échantillons respiratoires et sériques classés en fonction de la gravité de la maladie. Ses principaux objectifs consistent à identifier les biomarqueurs associés au diagnostic et à la gravité de l'infection par le VRS, à quantifier certaines cibles moléculaires, notamment l'ostéopontine, la protéine p53 et la CXCL4, à caractériser les profils de cytokines inflammatoires et à évaluer les associations avec la charge virale, les sous-groupes du VRS et les résultats cliniques.

L'étude recrutera des participants de toutes les tranches d'âge et les classera en trois groupes : les témoins négatifs pour le VRS, les cas légers positifs pour le VRS et les cas graves positifs pour le VRS. Des données démographiques, cliniques et virologiques exhaustives seront recueillies, notamment concernant l'hospitalisation, l'admission en soins intensifs, les besoins en assistance respiratoire, les résultats cliniques et le sous-type du VRS. Les analyses des biomarqueurs seront réalisées à l'aide des techniques ELISA, RT-qPCR et d'analyses du génome viral, en s'appuyant sur des approches statistiques multivariées.

Le Dr Marilda Siquiera a indiqué que le projet s'appuie sur un réseau en pleine expansion de collaborateurs nationaux, comprenant notamment plusieurs hôpitaux et instituts de recherche à travers le Brésil. Parmi les résultats attendus figurent la validation de biomarqueurs permettant de diagnostiquer le VRS et d'évaluer la gravité de la maladie, la création d'une base de données destinée à soutenir les recherches futures, la participation à des études collaboratives internationales, la publication d'articles dans des revues à comité de lecture et la présentation des résultats lors de congrès scientifiques. Elle a également relevé les contraintes actuelles, notamment la disponibilité limitée des échantillons de sérum et les procédures d'autorisation éthique en cours pour les nouveaux sites d'étude.



Le **Dr Lili Ren**, du Laboratoire Christophe Mérieux, Institut national de biologie des agents pathogènes (Chine), a abordé la pathogenèse de l'infection par le virus respiratoire syncytial (VRS) et l'identification des biomarqueurs associés aux formes graves de la maladie. Le VRS est l'une des principales causes d'infections des voies respiratoires chez les enfants et les personnes âgées. Il représente une charge importante pour la santé publique mondiale. S'appuyant sur des travaux antérieurs qui décrivent les profils épidémiologiques du VRS en Chine, notamment la circulation alternée des souches

VRS-A et VRS-B, le Dr Lili Ren a souligné la nécessité de mieux comprendre les mécanismes à l'origine des infections graves par le VRS.

Pour cela, elle a présenté deux stratégies de recherche complémentaires associant la génomique fonctionnelle et des approches multiomiques unicellulaires. Un dépistage à l'échelle du génome a permis d'identifier le facteur plaquettaire 4 (FP4/CXCL4) comme un facteur hôte doté d'une forte activité antivirale contre le VRS. Les taux de FP4 se sont révélés plus élevés chez les patients infectés par le VRS, en particulier dans les cas graves, et le FP4 a été identifié comme un biomarqueur candidat pour la gravité de la maladie. Les données expérimentales ont également montré qu'un traitement préventif par FP4 réduisait la charge virale et l'inflammation.

Grâce à un séquençage optimisé de l'ARN unicellulaire, un atlas regroupant plus de 330 000 cellules a été établi à partir d'échantillons prélevés dans les voies respiratoires et dans le sang périphérique. Les analyses ont révélé que les caractéristiques immunitaires au niveau des voies respiratoires différaient nettement de celles observées dans le sang périphérique. Des différences importantes ont été observées entre les cas légers et les cas graves au niveau des populations de cellules immunitaires des voies respiratoires, tandis que le sang périphérique a montré des changements limités. Des sous-ensembles spécifiques de macrophages ont été associés à la gravité de la maladie.

Le Dr Lili Ren a conclu que ces résultats apportent de nouvelles perspectives sur la pathogenèse du VRS d'un point de vue unicellulaire et confirment que le FP4 est un biomarqueur prometteur d'une infection grave par le VRS.

Évaluation des innovations pour le diagnostic différentiel de la tuberculose et de la pneumonie chez les enfants au Bangladesh (RISK4KIDS)



Le **Dr Zakir Hossain**, de l'Institut des maladies tropicales et infectieuses du Bangladesh (BITID), a présenté l'étude RISK4KIDS, qui vise à améliorer le diagnostic différentiel de la tuberculose (TB) et de la pneumonie chez les enfants au Bangladesh. La TB et la pneumonie chez les enfants restent des causes majeures de morbidité et de mortalité, en particulier dans les pays à revenu faible ou intermédiaire, où la similitude des symptômes cliniques et les limites des méthodes de diagnostic actuelles conduisent fréquemment à

des erreurs de diagnostic, à des traitements inadaptés et à une augmentation de la résistance aux antimicrobiens.

Cette étude évalue deux outils de triage innovants non basés sur l'expectoration : la signature transcriptomique sanguine RISK6 et la radiographie thoracique numérique associée au système de détection assistée par ordinateur qXR. RISK6 est un biomarqueur basé sur l'ARN de l'hôte qui mesure six transcrits lié au système immunitaire, tandis que qXR utilise l'intelligence artificielle pour faciliter l'interprétation standardisée des radiographies thoraciques. L'objectif principal est d'évaluer la faisabilité, l'acceptabilité et la précision diagnostique de ces outils, utilisés individuellement ou ensemble, pour différencier la tuberculose de la pneumonie chez les enfants de moins de 10 ans.

Cette étude multicentrique est menée au BITID et à l'icddr,b, les analyses en laboratoire étant réalisées au Laboratoire Rodolphe Mérieux. Les participants sont soumis à une évaluation clinique, à des analyses sanguines, à des examens microbiologiques, à une radiographie thoracique numérique et à une analyse RISK6.

En mai 2026, 121 enfants avaient été pris en charge sur le site du BITID, dont 83 cas présumés de pneumonie et 38 cas présumés de TB. Cinq cas de TB ont été confirmés, tandis que tous les cas de pneumonie ont été traités et les patients se sont rétablis. Des difficultés techniques ont retardé les analyses qXR et RISK6, mais ces problèmes sont en passe d'être résolus. Cette étude devrait apporter des éléments d'information importants sur la faisabilité et les performances diagnostiques de RISK6 et de qXR, et permettre de déterminer si leur utilisation combinée peut améliorer la différenciation précoce et précise entre la TB et la pneumonie chez les enfants. De telles innovations pourraient contribuer à améliorer la prise de décision clinique, à réduire le recours à des traitements inadaptés et à orienter les futures stratégies diagnostiques dans les régions à ressource limitée.

Aspects zoonotiques de la tuberculose dans la région sud-est de Madagascar



Le **Dr Joëlle Razafimahefa**, de la Faculté de Médecine de Fianarantsoa (Madagascar), a présenté une étude One Health portant sur les aspects zoonotiques de la tuberculose (TB) dans la région de la Haute Matsiatra, au sud-est de Madagascar, une zone caractérisée par un élevage intensif de zébus, une riche biodiversité faunique et une charge importante de tuberculose extrapulmonaire (TBEP). Cette étude avait pour objectif d'évaluer la charge épidémiologique de la tuberculose zoonotique (TBz) et de la tuberculose bovine (TBb), d'identifier les souches de *Mycobacterium* en circulation, d'étudier les risques de transmission interspèces et d'évaluer les connaissances ainsi que les pratiques des populations à risque.

Le projet a adopté une approche transversale et comprenait des volets consacrés aux humains, aux animaux domestiques et à la faune sauvage. Des patients humains présentant des lésions histopathologiques compatibles avec une TBEP ont été recrutés dans 34 centres de soins de santé primaires et deux CHU. Des études parallèles ont été menées sur des zébus au principal abattoir de Fianarantsoa, tandis que la surveillance de la faune

sauvage comprenait le prélèvement d'échantillons de matières fécales chez les lémuriens et les fossas dans les zones protégées. Les échantillons présentant des lésions suspectes de TB ont été analysés à l'aide du système GeneXpert, de cultures et de méthodes de caractérisation moléculaire.

Les résultats préliminaires ont montré que 52 cas humains sur 155 (33,5 %) ont été diagnostiqués comme des cas de TBEP, dont 28 cas de MTBC positifs au test GeneXpert et un taux de confirmation par culture de 12,1 %. Sur les 179 zébus examinés, 20 cas de TB bovine (11,2 %) ont été identifiés, dont 11 cas positifs au test GeneXpert et un taux de positivité des cultures de 22,2 %. L'ADN du MTBC a également été détecté dans des échantillons prélevés sur des animaux sauvages, notamment des lémuriens, tandis que des enquêtes en cours ont révélé une connaissance limitée de la TBz et l'adoption de pratiques à risque parmi les groupes professionnels exposés, en particulier les travailleurs des abattoirs.

Cette étude met en évidence l'importance potentielle de la transmission zoonotique au niveau de l'interface entre les humains, le bétail et la faune sauvage, et souligne la nécessité de renforcer la surveillance dans le cadre de l'approche One Health, d'améliorer la sensibilisation et de renforcer la collaboration entre les secteurs de la santé publique et de la médecine vétérinaire. Les futures analyses génomiques devraient permettre de mieux cerner les voies de transmission et de contribuer à la mise en place de stratégies de lutte contre la TB fondées sur des données probantes à Madagascar.

Évaluation d'un test respiratoire rapide et d'un test salivaire rapide, non invasif, pour le dépistage et le suivi thérapeutique de la tuberculose au Cameroun et à Madagascar (projet LAM4RO)



Le **Dr Valérie Flore Donkeng Donfack**, du Centre Pasteur du Cameroun, a présenté le projet LAM4RO, une étude de recherche opérationnelle multinationale menée au Cameroun et à Madagascar visant à évaluer des approches innovantes et non invasives pour le diagnostic de la tuberculose (TB) et le suivi thérapeutique. Ce projet explore l'utilisation du lipoarabinomannane (LAM), un antigène de *Mycobacterium tuberculosis* détectable dans le condensat d'air expiré et dans la salive, comme alternative aux tests de dépistage basés sur les expectorations, souvent difficiles à mettre en œuvre en milieu communautaire.

Cette étude comprend deux cohortes : des patients atteints d'une TB pulmonaire confirmée par des analyses microbiologiques, suivis tout au long de leur traitement et des contacts intradomiciliaires, surveillés pendant 18 mois afin d'identifier une TB active ou subclinique. Les informations cliniques et les échantillons biologiques sont prélevés lors de consultations programmées, puis analysés à l'aide de tests basés sur la détection du LAM. Les performances diagnostiques sont évaluées par rapport à des algorithmes de prise en charge standard nationaux, les analyses de laboratoire étant réalisées à l'aveugle.

Ce projet vise à fournir des données probantes sur la sensibilité, la spécificité, la faisabilité opérationnelle et le rapport coût-efficacité des tests respiratoire et salivaire du LAM, dans des conditions réelles. En facilitant le dépistage précoce, le dépistage décentralisé et le suivi

thérapeutique grâce à des échantillons faciles à prélever, LAM4RO pourrait permettre de combler d'importantes lacunes en matière de diagnostic de la TB et contribuer à la mise en place de stratégies de lutte contre la TB plus efficaces dans les régions fortement touchées par la maladie.

SESSION SUR LE YOUNG SCIENTIST AWARD

La signature transcriptomique RISK6 permet de prédire l'évolution vers une tuberculose active et d'améliorer la stratification des risques chez les contacts intradomiciliaires au Cameroun et à Madagascar



Étienne Yuh Jam, du Centre Pasteur du Cameroun, a présenté des travaux de recherche sur l'utilisation de la signature transcriptomique sanguine de l'hôte RISK6 comme outil permettant d'identifier les contacts intradomiciliaires présentant un risque accru de développer une tuberculose active. Cette étude, menée au sein d'une cohorte prospective de contacts intradomiciliaires dans deux régions africaines fortement touchées par la tuberculose, s'est penchée sur un défi majeur de la prévention de cette maladie : distinguer les personnes simplement infectées de celles qui présentent le

plus grand risque de développer la maladie.

Elle a comparé les performances de RISK6 à celles des tests classiques actuellement utilisés pour l'évaluation des infections tuberculeuses et a examiné sa valeur ajoutée en matière de stratification des risques. Les résultats ont mis en évidence la capacité des approches transcriptomiques à mettre en évidence les processus biologiques associés à la progression de la maladie, plutôt que de simples signes d'exposition. Les résultats ont suggéré que RISK6 pourrait fournir des informations pertinentes sur le plan clinique pour identifier les personnes susceptibles de tirer le meilleur parti d'interventions préventives ciblées.

Des analyses supplémentaires ont évalué l'association entre RISK6 et les outils diagnostiques existants. Elles ont examiné son rôle en relation avec des facteurs démographiques et cliniques. Les résultats globaux confirment que l'utilisation de biomarqueurs transcriptomiques constitue une piste prometteuse pour les stratégies de prévention de précision. La présentation a conclu qu'il était nécessaire de procéder à une validation plus approfondie auprès de populations plus larges et dans des milieux épidémiologiques variés, ainsi que de poursuivre les efforts visant à simplifier la mise en œuvre dans les environnements aux ressources limitées et à évaluer sa faisabilité opérationnelle et économique pour les programmes de lutte contre la tuberculose.

Défis du diagnostic de la schistosomiase : comparaison entre les méthodes UCP-LF CAA et POC-CCA chez les enfants d'âge préscolaire dans trois régions endémiques de Madagascar



Matthieu Razafindralav, du Centre d'Infectiologie Charles Mérieux à Madagascar, a présenté une étude comparant deux outils de diagnostic antigéniques : le test POC-CCA (Point-of-Care Circulating Cathodic Antigen) et le test UCP-LF CAA (Up-Converting Phosphor Lateral Flow Circulating Anodic Antigen), pour la détection de la schistosomiase chez des enfants d'âge préscolaire dans trois régions endémiques de Madagascar (Bongolava, Itasy et Amoron'i Mania). La schistosomiase reste un défi majeur de santé publique à Madagascar, où environ la

moitié de la population a besoin d'un traitement préventif. Les méthodes parasitologiques classiques manquent souvent de sensibilité pour détecter les infections de faible intensité chez les jeunes enfants. Cette étude a porté sur 2 008 enfants âgés de 6 à 24 mois, recrutés dans 42 centres de soins de santé primaires entre 2020 et 2021. Des échantillons d'urine ont été prélevés, conservés dans une biobanque et analysés à l'aide des tests POC-CCA et UCP-LF CAA. L'analyse a permis de comparer les estimations de prévalence et la concordance diagnostique entre les deux méthodes. Les résultats ont montré des divergences importantes entre les tests, notamment en ce qui concerne les résultats « traces » du test POC-CCA, qui représentaient environ un tiers des résultats positifs du test POC-CCA et qui n'étaient souvent pas confirmés par le test UCP-LF CAA. La présentation a mis en évidence la spécificité et la sensibilité supérieures du test UCP-LF CAA, en particulier chez les enfants d'âge préscolaire, grâce à son étape de concentration des antigènes et à son approche quantitative en laboratoire.

Ces résultats plaident en faveur de l'intégration de tests diagnostiques hautement sensibles, tels que le test UCP-LF CAA, dans les programmes de surveillance et d'élimination, afin d'améliorer la cartographie de l'infection, d'orienter les stratégies de lutte et de contribuer à la réalisation des objectifs 2030 de l'OMS en matière d'élimination de la schistosomiase.

Résistance aux antimicrobiens dans le *Mycoplasma genitalium* : résultats cliniques et tendances temporelles observées à São Paulo (Brésil)



Victor Cabelho Passarelli, de l'Université de São Paulo (Brésil), a présenté des travaux de recherche sur la résistance aux antimicrobiens dans le *Mycoplasma genitalium*, un agent pathogène sexuellement transmissible émergent mais souvent négligé. La présentation a mis en évidence les préoccupations croissantes concernant la résistance aux classes d'antimicrobiens couramment utilisées, ainsi que le caractère limité des données épidémiologiques et de surveillance de la résistance disponibles dans les régions à revenu faible et intermédiaire.

L'étude a analysé des échantillons cliniques prélevés dans un service ambulatoire spécialisé dans le VIH et les IST au Brésil, et a examiné les mutations associées à la résistance liées aux principales options thérapeutiques. Les informations cliniques et les résultats thérapeutiques ont également été examinés afin de mieux comprendre le lien entre la résistance aux antimicrobiens et la prise en charge des patients. L'analyse a porté sur l'évolution dans le temps des profils de résistance et a examiné les différences en fonction du tableau clinique.

Les résultats ont souligné l'importance de renforcer la surveillance du *Mycoplasma genitalium* et de la résistance aux antimicrobiens, ainsi que la nécessité d'adapter les stratégies diagnostiques et thérapeutiques en fonction de l'évolution des profils de résistance. La présentation a mis l'accent sur les implications pour la santé publique de l'émergence d'une résistance dans les infections sexuellement transmissibles et sur les défis que cela pose pour les approches de prise en charge syndromique. Les orientations futures comprennent le renforcement des initiatives nationales de surveillance, la promotion des collaborations internationales, la sensibilisation des professionnels de santé et des populations, ainsi que la production de données probantes destinées à étayer les recommandations cliniques et les stratégies de gestion des antimicrobiens.

Aperçu génomique et phylogénétique de l'épidémie de dengue de 2023-2024 au Bangladesh



Md Ridwan, de l'Institut pour le développement des initiatives scientifiques et sanitaires, au Bangladesh, a présenté les résultats génomiques et phylogénétiques de l'épidémie de dengue de 2023-2024 au Bangladesh, la plus grande épidémie de dengue jamais enregistrée dans le pays, avec plus de 321 000 cas signalés et 1 705 décès confirmés en 2023.

L'étude avait pour objectif de caractériser les souches virales responsables de l'épidémie grâce au séquençage du génome complet, à l'analyse phylogénétique, au profilage des mutations et à des analyses évolutives. Au total, 405 patients atteints de dengue ont été admis à l'hôpital général de Kurmitola, à Dacca, et les échantillons positifs ont fait l'objet d'un sérotypage par

RT-qPCR et d'un séquençage du génome complet par la technologie Nanopore. La plupart des cas se sont déclarés entre juillet et novembre, la charge épidémiologique la plus élevée ayant été observée chez les jeunes adultes âgés de 20 à 35 ans.

Les résultats ont révélé un changement majeur de sérotype, le DENV-2 représentant désormais 69,6 % des infections, remplaçant ainsi la lignée DENV-3 qui prédominait auparavant. Les analyses phylogénétiques ont démontré une connectivité régionale étendue, tout en révélant des signes d'une transmission locale persistante. La quasi-totalité des virus séquencés appartenait au génotype Cosmopolitan DENV-2, avec une prédominance quasi exclusive de la lignée 2II_F.1.1. Les analyses évolutives ont suggéré un goulot d'étranglement démographique récent, suivi d'une expansion virale rapide accompagnée de changements adaptatifs limités.

Les résultats soulignent l'importance d'intégrer la surveillance génomique dans les systèmes de santé publique afin de renforcer la préparation aux épidémies, de surveiller l'évolution du virus, d'évaluer l'efficacité des vaccins et d'orienter les stratégies ciblées de lutte contre la dengue au Bangladesh et dans la région.

Évaluation des réponses immunitaires humores et cellulaires aux vaccins contre la grippe et le SARS-CoV-2 : impact de l'immunité antérieure, de la co-administration et des variables démographiques



Artur Capão, de l'Institut Oswaldo Cruz - Fiocruz (Brésil), a présenté des travaux de recherche évaluant les réponses immunitaires humores et cellulaires aux vaccins contre la grippe et le SARS-CoV-2, en mettant particulièrement l'accent sur l'impact de l'immunité antérieure, des variants viraux et de la co-administration de vaccins. L'étude portait sur les principaux défis liés à l'efficacité des vaccins, à la protection immunitaire et aux stratégies de vaccination suite à la pandémie de COVID-19.

Cette étude a évalué les réponses anticorps et cellulaires chez des adultes en bonne santé ayant reçu des vaccins contre la grippe et différents schémas de vaccination contre le SARS-CoV-2. Les réponses immunitaires ont été mesurées à l'aide de tests d'inhibition de l'héماغglutination pour la grippe, de la détection des IgG spécifiques à la protéine de Spike, de tests de neutralisation par réduction des plaques et de dosages des marqueurs induits par l'activation par cytométrie en flux. Les réponses immunitaires contre plusieurs variants du SARS-CoV-2, notamment les variants Alpha, Bêta, Gamma, Delta, Omicron, Eta et Iota, ont été évaluées.

Les résultats ont démontré une augmentation importante des titres d'anticorps après la vaccination. Les vaccins contre la grippe ont apporté une séroprotection élevée, même si les réponses immunitaires contre la grippe B étaient moindres et que les taux d'anticorps ont diminué au bout de six mois, ce qui confirme la nécessité d'une vaccination une fois par an. En ce qui concerne le SARS-CoV-2, de fortes réponses humores et cellulaires ont été observées, celles-ci étant plus marquées après le vaccin Pfizer et chez les personnes ayant déjà été infectées. Les réponses immunitaires sont restées globalement efficaces contre les variants étudiés et n'ont pas montré de baisse importante à long terme. La co-

administration des vaccins contre la grippe et la COVID-19 n'a pas eu d'effet négatif sur l'immunogénicité.

Ces résultats confirment l'innocuité et l'efficacité des stratégies de co-administration et soulignent le rôle bénéfique de l'immunité antérieure dans la protection induite par le vaccin.

SESSION III : SCIENTIFIQUES EN DEBUT DE CARRIERE SOUTENUS PAR LE RESEAU GABRIEL ET LA FONDATION MERIEUX

Développement et évaluation d'outils de diagnostic pour la lèpre et d'autres maladies tropicales négligées à Madagascar



Jonah Claude Luca Maharavo, du Centre d'Infectiologie Charles Mérieux à Madagascar, a présenté les travaux de recherche en cours sur le développement et l'évaluation d'outils de diagnostic innovants pour la lèpre et d'autres maladies tropicales négligées à Madagascar. Ces travaux portent sur la transmission continue de la lèpre dans le pays, qui recense près de 1 500 nouveaux cas par an et n'est toujours pas en voie d'élimination. La présentation a mis en avant trois domaines de recherche complémentaires. Premièrement, l'évaluation des biomarqueurs d'origine hôte,

notamment les signatures protéiques et transcriptomiques, afin d'améliorer le diagnostic et de distinguer la lèpre multibacillaire de la lèpre paucibacillaire, ce qui permettra une prise en charge plus personnalisée des patients. Les résultats préliminaires ont montré des différences d'expression de biomarqueurs tels que les IgM anti-PGL-I, le CCL4, la CRP, l'ApoA1 et les marqueurs de cytokines chez les patients atteints de lèpre par rapport à un groupe témoin sain.

Deuxièmement, une vaste enquête sérologique évalue la transmission récente du *Mycobacterium leprae* chez 2 000 écoliers âgés entre 5 et 9 ans, en milieu urbain et rural, à l'aide du nouveau test rapide PGL-I QURapid.

Troisièmement, une surveillance moléculaire est menée afin de caractériser les génotypes de *M. leprae* et de surveiller la résistance aux médicaments à l'aide du séquençage Deeplex Myc-Lep. Les résultats préliminaires ont confirmé la prédominance du génotype ID à Madagascar et n'ont permis d'identifier qu'une seule souche présentant une mutation dont la signification clinique reste incertaine.

Dans l'ensemble, ce projet vise à renforcer le diagnostic de la lèpre, sa surveillance, le suivi de sa transmission et la détection des résistances à Madagascar.

Escherichia coli producteur de bêta-lactamase à spectre élargi au niveau de l'interface humain-environnement-animal : expérience au Burkina Faso au cours de la première année de mise en œuvre du projet Tricycle



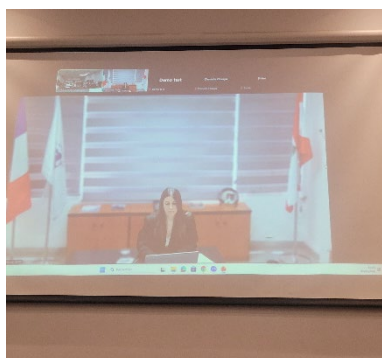
Hervé Kafando, du Laboratoire des agents pathogènes émergents et réémergents de l'Université Nazi Boni (Burkina Faso), a présenté les résultats de la première année de mise en œuvre du projet Tricycle de l'OMS au Burkina Faso. Ce projet évalue la prévalence et les profils de résistance aux antimicrobiens d'*Escherichia coli* productrice de bêta-lactamase à spectre élargi (Ec-BLSE) au niveau de l'interface entre les humains, les animaux et l'environnement, selon une approche One Health.

Cette étude transversale a été menée en 2024 à Ouagadougou et à Bobo-Dioulasso. Les échantillons comprenaient des prélèvements rectaux provenant de 465 femmes enceintes, 3 840 hémocultures, 388 échantillons de cæcum de poulet et 49 échantillons d'eau prélevés dans des rivières, des abattoirs et des stations d'épuration. Les Ec-BLSE ont été identifiées à l'aide de méthodes de culture, d'une identification par MALDI-TOF et de tests de sensibilité aux antimicrobiens, conformément aux recommandations de l'EUCAST.

Les résultats ont révélé une forte prévalence d'Ec-BLSE chez les porteurs humains (66 %) et dans les eaux environnementales (77,6 %), tandis que cette prévalence était plus faible chez la volaille (29,3 %). Dans les infections sanguines, les Ec-BLSE représentaient environ 70 % de l'ensemble des isolats d'*E. coli* responsables de bactériémies. Les stations d'épuration ont réduit la charge bactérienne de 1,5 à 2 unités log, mais n'ont pas éliminé les souches résistantes. Des taux élevés de co-résistance au cotrimoxazole et aux fluoroquinolones ont été observés, tandis que les carbapénèmes, la ceftazidime-avibactam, l'amikacine et la fosfomycine sont restés largement efficaces.

Ces résultats mettent en évidence la propagation généralisée d'Ec-BLSE au Burkina Faso et soulignent l'importance d'une surveillance intégrée One Health pour orienter les stratégies de lutte contre la résistance aux antimicrobiens.

Résistance aux nouveaux médicaments antituberculeux et diversité phylogénétique du complexe *Mycobacterium tuberculosis* : une étude in silico et expérimentale menée au Liban



Marianne Antar, du Laboratoire Rodolphe Mérieux au Liban, a présenté une étude intégrée bio-informatique et expérimentale examinant la relation entre la diversité phylogénétique au sein du complexe *Mycobacterium tuberculosis* (MTBC) et la résistance aux médicaments antituberculeux neufs et réutilisés. Ces travaux ont été menés en collaboration avec le Laboratoire National de Référence pour la Tuberculose du Liban, le Centre National de Référence pour les Mycobactéries (CNR-MyRMA) en France et l'unité de

recherche de l'IAME.

Cette étude était axée sur les déterminants génétiques de la résistance au prêtomanid, au délamanid, à la bédaquiline, au linézolide et à la clofazimine. À l'aide de la plateforme TB-Annotator et d'une base de données contenant près de 124 000 génomes de MTBC, l'équipe a réalisé une analyse *in silico* afin d'identifier les polymorphismes nucléotidiques simples associés à la résistance et d'évaluer leur répartition au sein des lignées phylogénétiques. Une attention particulière a été accordée aux différences spécifiques à chaque lignée, notamment la sensibilité réduite au prêtomanid déjà signalée chez les souches de la lignée 1.

Une validation expérimentale a été réalisée sur des isolats cliniques provenant du Liban, sélectionnés grâce au séquençage du génome complet. Au total, 196 souches de haute qualité ont été retenues pour l'analyse et ont fait l'objet de tests de concentration minimale inhibitrice selon la méthodologie de référence de l'EUCAST.

Cette étude souligne l'importance d'intégrer les données phylogénétiques dans la surveillance de la résistance aux antimicrobiens et contribue à une meilleure compréhension des mécanismes sous-jacents à la résistance aux nouveaux traitements contre la TB.

Évaluation d'approches innovantes afin d'améliorer le dépistage de l'infection tuberculeuse et des formes asymptomatiques de TB active au Cameroun



Erika Londi, du Centre Pasteur du Cameroun, a présenté un projet de recherche visant à évaluer des approches innovantes non basées sur l'expectoration, pour le dépistage précoce de l'infection tuberculeuse (TB) et de la TB active asymptomatique chez les contacts intradomiciliaires de patients atteints de TB au Cameroun et à Madagascar. Cette étude comble une lacune majeure en matière de diagnostic, car une grande partie des infections tuberculeuses et des cas de TB active restent asymptomatiques et échappent donc aux stratégies de dépistage classiques.

Ce projet porte sur deux nouvelles approches diagnostiques : la détection du lipoarabinomannane dans le condensat de l'air expiré à l'aide du test LIODETECT® au chevet du patient, et la détection de l'ADN de *Mycobacterium tuberculosis* dans les cellules mononucléaires du sang périphérique à l'aide de la PCR numérique. Un objectif secondaire consiste à caractériser les modes de transmission de la TB grâce au séquençage de nouvelle génération d'isolats cliniques.

Les analyses rétrospectives préliminaires ont porté sur les contacts intradomiciliaires suivis pendant 18 mois dans la cohorte APRECIT. Le contact étroit avec le cas index constituait le facteur de risque le plus important de progression d'une TB active. Les marqueurs traditionnels d'infection, notamment la réactivité au test cutané à la tuberculine et les réponses quantitatives au test T-SPOT.TB, ainsi que des biomarqueurs de l'hôte tels que le gène BATF2 et un score tuberculeux à trois gènes, ont été associés à la progression ultérieure de la maladie. En revanche, la détection de l'ADN de *M. tuberculosis* dans le sang s'est révélée peu performante en matière de discrimination lorsqu'elle était utilisée seule.

Ces résultats contribuent à l'élaboration d'une stratégie de dépistage à plusieurs marqueurs combinant des biomarqueurs microbiens et des biomarqueurs de l'hôte afin d'améliorer l'identification précoce des personnes à risque de TB avant l'apparition des symptômes.

Zoom sur l'épidémiologie de *Brucella* au Liban : une approche One Health



Fatima Fayad, du Laboratoire de microbiologie, de santé et d'environnement, au Liban, a présenté un projet de recherche One Health portant sur l'épidémiologie de la brucellose au Liban, où la maladie reste endémique avec près de 300 cas signalés chaque année et des épidémies récurrentes liées au contact avec les animaux et à la consommation de produits laitiers non pasteurisés.

Ce projet vise à estimer la prévalence de l'infection par *Brucella* chez les humains, le bétail et dans les produits laitiers ; à caractériser les espèces et les clones en circulation, ainsi que leurs profils de résistance aux antimicrobiens ; à identifier les facteurs de risque de transmission ; et à contribuer aux stratégies de lutte intégrées. Cette étude associe des approches microbiologiques, sérologiques, moléculaires et épidémiologiques, y compris la caractérisation des souches par MALDI-TOF, la PCR, les tests de sensibilité aux antimicrobiens et le séquençage prévu du génome complet.

Les analyses préliminaires d'une collection de souches conservée entre 2011 et 2025 ont révélé des profils de résistance préoccupants : tous les isolats testés étaient résistants à la ciprofloxacine et 85 % d'entre eux étaient résistants au triméthoprime-sulfaméthoxazole.

La présentation a également fait état des résultats d'une étude clinique rétrospective menée à l'hôpital Nini, dans le nord du Liban. Parmi les 3 504 personnes testées entre 2013 et 2025, 108 cas confirmés de brucellose ont été recensés. Cette étude a décrit les caractéristiques démographiques, les manifestations cliniques, les complications, les difficultés diagnostiques et les résultats thérapeutiques, y compris des cas rares de neurobrucellose et de *spondylite à Brucella* associée à un abcès épidual.

Dans l'ensemble, ces travaux soulignent la nécessité d'une surveillance intégrée des humains, des animaux et des denrées alimentaires afin de mieux comprendre la dynamique de transmission et de renforcer la lutte contre la brucellose au Liban.

La cérémonie du Young Scientist Award du réseau GABRIEL

Le Young Scientist Award du réseau GABRIEL de la Fondation Mérieux est une initiative majeure qui soutient la prochaine génération de scientifiques et encourage l'excellence en recherche chez les chercheurs en début de carrière.

Les deux lauréats ont été sélectionnés en fonction de la valeur scientifique, de l'originalité et de l'intérêt pour la santé publique de leurs travaux de recherche, ainsi que de la clarté et de la qualité de leurs présentations.

À l'issue d'une évaluation approfondie et d'une délibération minutieuse, les membres du jury, le Dr Lili Ren, le Dr Graciela Russomando, le Dr Rayanne Rafei, le Pr Abdoul-Salam Ouedraogo et le Dr Zakir Hossain ont décidé d'attribuer le Young Scientist Award 2026 du réseau GABRIEL à :

M. Étienne Yuh Jam, du Centre Pasteur du Cameroun, pour sa présentation intitulée « RISK6 transcriptomic signature enhances detection of latent TB and accurately predicts progression to active tuberculosis in a Cameroonian cohort » (La signature transcriptomique RISK6 améliore la détection de la tuberculose latente et permet de prédire avec précision son évolution vers une tuberculose active dans une cohorte camerounaise)

M. Victor Cabelho Passarelli, de l'Institut de médecine tropicale de l'Université de São Paulo (Brésil), pour sa présentation intitulée « Antimicrobial resistance in *Mycoplasma genitalium*: clinical outcomes and temporal trends from São Paulo, Brazil » (Résistance aux antimicrobiens dans le *Mycoplasma genitalium*: résultats cliniques et tendances temporelles à São Paulo, au Brésil)



Clôture de la réunion internationale du réseau GABRIEL



Pour clôturer cette édition de la réunion internationale du réseau GABRIEL, le **Dr Robert Seybag**, vice-président de la Fondation Mérieux, a tenu à exprimer sa sincère gratitude à tous les participants pour leurs précieuses contributions, leur engagement et le partage de leur expertise tout au long de l'événement.

Il a souligné que la Fondation Mérieux restait pleinement engagée à faire progresser la santé publique et à renforcer les programmes d'éducation et de renforcement des capacités dans tous les pays membres.

Réunissant des professionnels du monde entier, notamment du Bangladesh, du Brésil, du Burkina Faso, du Cambodge, du Cameroun, de Chine, de République démocratique du Congo, d'Inde, du Laos, du Liban, de Madagascar, du Mali et de République du Congo, ainsi que de nombreux autres pays, le réseau GABRIEL démontre la force d'une collaboration internationale. Malgré la diversité de nos cultures et de nos contextes, nous sommes confrontés à bon nombre de défis communs

en matière de santé publique. Le monde est interconnecté, et notre réponse collective doit être tout aussi unie.

Il a rappelé aux participants que chaque membre du réseau GABRIEL est un ambassadeur de cette communauté unique, qui partage une vision et un objectif communs : améliorer la santé de tous grâce à la coopération, au partage des connaissances et à l'innovation.

Enfin, il s'est penché sur la signification du prénom Gabriel, figure de messager et d'ange dans de nombreuses religions et cultures à travers le monde. Dans cet esprit, il a décrit le réseau GABRIEL comme « l'ange de la Fondation Mérieux », porteur de ses valeurs, de son message de solidarité et de son engagement au service des communautés du monde entier.