AVANT-PROPOS

La Société Tunisienne de Microbiologie a le plaisir de présenter le programme des 18èmes Journées Nationales et des 6èmes Journées Internationales de Microbiologie, organisées cette année sous le thème : **« Global Health, Shared Responsibility »**.

Ce congrès s'inscrit dans une dynamique scientifique visant à renforcer la compréhension des interactions complexes entre les microorganismes, l'environnement, les systèmes de santé et les populations. Dans un contexte marqué par l'émergence de nouveaux agents pathogènes, la progression de l'antibiorésistance et les impacts du changement climatique sur les écosystèmes microbiens, la microbiologie occupe une place stratégique dans l'élaboration de réponses fondées sur des données probantes.

Cette édition marque une étape importante dans la consolidation du rôle de la microbiologie au service de la santé publique, du développement scientifique et de la collaboration interdisciplinaire. Dans un monde où les frontières entre les enjeux sanitaires sont de plus en plus perméables, la compréhension et la maîtrise du monde microbien relèvent plus que jamais d'une responsabilité collective. La santé globale n'est pas un concept abstrait : elle est le reflet d'un engagement partagé entre chercheurs, cliniciens, décideurs, institutions et communautés. Le slogan choisi reflète d'ailleurs la nécessité d'une responsabilité collective dans la surveillance, la prévention et la gestion des risques microbiologiques. Il souligne également le caractère intrinsèquement global des enjeux microbiens, qui appellent une coopération internationale étroite, un partage rigoureux des connaissances et une harmonisation des approches méthodologiques.

Cette édition rassemble des experts nationaux et internationaux pour discuter des avancées récentes en microbiologie clinique, environnementale, alimentaire, industrielle et aussi en parasitologie mycologie. Les sessions aborderont des thématiques prioritaires telles que les innovations diagnostiques, la génomique microbienne, les résistances antimicrobiennes, les interactions hôte–microbiote et les stratégies de contrôle en santé humaine, animale et environnementale conformément au cadre One Health.

Le Comité d'Organisation tient à remercier l'ensemble des intervenants, participants et partenaires dont la contribution scientifique et institutionnelle permet la tenue de cet événement. Nous exprimons également notre reconnaissance aux jeunes chercheurs et doctorants qui enrichissent ce programme par la qualité de leurs travaux.

Nous espérons que ces journées offriront un environnement propice à la réflexion scientifique, à la construction de collaborations futures et à l'avancement de la recherche en microbiologie au niveau national et international.

Le Comité Scientifique et le Comité d'Organisation
Société Tunisienne de Microbiologie

REMERCIEMENTS

Les membres du bureau et le comité d'organisation 18èmes Journées Nationales et des 6èmes Journées Internationales de Microbiologie, organisées cette année sous le thème: «Global Health, Shared Responsibility», expriment leurs vifs remerciements à tous ceux qui ont apporté leur soutien à ces journées et ont contribué à ses préparatifs.

Ces remerciements s'adressent tout particulièrement aux:

- *Ministère de l'Enseignement Supérieur de la Recherche Scientifique*
- *Ministère de la Santé Publique*
- *Université de Monastir*
- *Faculté de Pharmacie de Monastir*

Les Laboratoires et les unités de recherche qui, à travers la prise en charge des frais d'inscription des doctorants ont contribué à l'enrichissement du programme de ces journées.

- *Société Tunisienne d'installation d'équipements scientifiques (STIES)*
- *African Biotechnology Society (ABS)*

Avec le soutien du :

كلية الصيدلة بالمنستير
FACULTE DE PHARMACIE - MONASTIR

STIES
Société Tunisienne d'Installation d'Equipements Scientifiques
IVD Distributor Since 1978

ABS
African Biotechnology Society

Membres du bureau de la STM

Président : AOUNI Mahjoub

Secrétaire générale: Hela JAIDANE ***Trésorière :*** Wejdene MANSOUR

Membres :

Meriam ZRIBI
Sondes HADED BOUBAKER
Hakima KHELIFI
Hayet JAZIRI
Chourouk IBRAHIM
Bassem JAOUADI
Farouk BARGUELIL

Société Tunisienne de Microbiologie (STM)

Adresse : Faculté de Pharmacie de Monastir, Rue Avicenne 5000 Monastir
Tél. : +216 73 466 950
E-mail : s_t_microbio@yahoo.fr
Site web : https://www.ste-tun-microbio.com/
STB BANK : 10 504 017.094954.0 788 86

COMITE D'ORGANISATION

Pr AOUNI Mahjoub
Pr Hela JAIDANE
Pr Wejdene MANSOUR
Pr Meriam ZRIBI
Bassem JAOUADI
Sondes HADED BOUBAKER
Hakima KHELIFI
Chourouk IBRAHIM
Farouk BARGUELIL
Hayet JAZIRI

COMITE SCIENTIFIQUE

Mahjoub AOUNI, FPHM, Monastir, Tunisie
Sonia KHOUFI | CBS, Sfax, Tunisie
Atef JAOUANI | ISSBAT, Tunis, Tunisie
Imen MENSI | ISA-CM, Sousse, Tunisie
Oussama EL FEKIH | IRVT, Tunis, Tunisie
Najoua HAOUAS | FPHM, Monastir, Tunisie
Kalthoum Kallel | CHU La Rabta, Tunis, Tunisie
Meriam ZRIBI | CHU La Rabta, Tunis, Tunisie
Rim ABDELMALEK | CHU La Rabta, Tunis, Tunisie
Médiha KHAMASSI KHBOU | ENMV, Tunis, Tunisie
Daniel Uyeh| Michigan State University, USA
Zehra-esra Ilhan | MICALIS Institute, INRAE, France
Aida BOURATBINE | IPT, Tunis, Tunisie
Alexandre NOIRIEL | UCBL, France
Bassem JAOUADI | CBS, Sfax, Tunisie
Imene OUZARI-CHERIF | FST, Tunis, Tunisie
Amel BOUANANE DARENFED | USTHB, Alger, Algèrie
Wejdene MANSOUR | FMS, Sousse, Tunisie
Badiaa ESSGHAIER | FST, Tunis, Tunisie
Hela JAIDANE | FPHM, Monastir, Tunisie
Mohamed Salah ABBASSI | FMT, Tunis, Tunisie
PFarouk BARGUELLIL| FPHM, Monastir, Tunisie
Abdelatif BOUDABBOUS | FST, Tunis, Tunisie
Maha MASTOURI | CHU FB, Monastir, Tunisie
Sondes HADED BOUBAKER | IPT, Tunis, Tunisie

SOMMAIRE

Avant propos

Remerciements

Membre du bureau

Sponsors

Comité d'organisation

Comité scientifique

Programme 1

Communications Orales

Session 1 : Microbiologie Environnementale et Industrielle

CO1 Environmental and Clinical Surveillance of Norovirus, Rotavirus, and Astrovirus in Tunisia: Comprehensive Insights from 2020 to 2023 **11**

CO2 Solid State Fermentation: Innovative approach for biopesticide production **12**

CO3 Evaluation des activités insecticides et antimicrobiennes des molécules bioactives de huit plantes endémiques Tunisiennes **13**

CO4 Phospholipases D microbiennes : Rôles dans la virulence, la signalisation lipidique et perspectives thérapeutiques **14**

ession 2 : Microbiologie Agricole et Alimentaire

CO5 *In vitro* characterization of *Lavandula angustifolia* L. essential oil and its *in situ* application as innovative biopreservation method of raw white (chicken) meat during refrigerated storage **15**

CO6 Essai d'enrichissement d'un yaourt étuvé par la poudre de datte Mech-Degla **16**

CO7 Nanoencapsulated Cinnamon (*Cinnamomum zeylanicum*) Bark Essential Oil as a Natural Preservative for Milk: Antimicrobial and Antioxidant Efficacy **17**

CO8 Effets bénéfiques de la co-inoculation de consortiums bactériens sur la croissance et les réponses antioxydantes de trois cultivars de pois chiche (Cicer arietinum L.) soumis à un stress salin **18**

CO9 Composition microbiologique et chimique de stupéfiants d'origine végétale **19**

ession 3 : Parasitologie et Mycologie

CO10 Assessment of mixed biofilm formation by *Candida* spp. and *Staphylococcus aureus* co-isolated from pediatric pulmonary expectorations **20**

CO11 Transplacental Transmission of Aflatoxins: Mechanisms, Evidence, and Potential Health Implications for the Fetus **21**

CO12 Microbiological Insights into Vaginal *Candida* spp. during Pregnancy: Species Features and Antifungal Resistance **22**

CO13 Investigation of genetic diversity and bacterial pathogens in human head lice populations in Tunisia **24**

CO14 Diversité des hôtes de *Culicoïdes oxystoma* : nouvelles données pour la surveillance épidémiologique des arboviroses en Tunisie **26**

ession 4 : Microbiologie Clinique et Vétérinaire

CO15 Évolution alarmante du profil d'antibiorésistance de *Proteus mirabilis* : données épidémiologiques récentes à l'hôpital universitaire Tahar Sfar de Mahdia **27**

CO16 Résultats du Contrôle National de Qualité de Bactériologie -Tunisie 2021 **28**

CO17 Apport du panel syndromique BioFire® dans le diagnostic microbiologique rapide des infections **29**

CO18 Les bactéries multi-résistantes à l'EHS S. Zemirli **30**

CO19 Antibiotic and antiseptic resistance genes in methicillin resistant *Staphylococcus aureus* clinical strains **31**

CO20 Analyse métagénomique de la flore muqueuse respiratoire chez les poulets de chair COBB 500 en Algérie **32**

ession 5: Antibiorésistance et Antimicrobiens

CO21 Antimicrobial Resistance Profile of Klebsiella pneumoniae and Escherichia coli isolates from CBEU Samples at Beja University Hospital: ESBL Phenotypes and Resistance Mechanisms **33**

CO22 Whole-genome sequence analysis of carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae* recovered from hospitalized patients in Tunisia **34**

CO23 Etude de la prévalence *d'Escherichia coli* productrice de bêta-lactamase à spectre étendu au niveau des points de ventes des poulets vivants dans la région de Sousse **35**

CO24 Antimicrobial Potential and Mechanistic Insights of *Artemisia vulgaris* and *Laurus nobilis* Aqueous Extracts **36**

CO25 Etude de l'activité antibactérienne de deux souches de *Lactobacillus* isolées à partir du l'urine de chamelle **37**

ession 6 : Microbiologie Fondamentale

CO26 Isolation and characterization of bacteriophages targeting carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* from Tunisian hospital **39**

CO27 Genetic variants of the transporter octn1 are associated with higher abundance and increased proinflammatory capacity of *Fusobacterium nucleatum* in colorectal cancer **40**

CO28 *Anti-inflammatory properties of bacterial exopolysaccharides produced by Lactobacillus plantarum* issued by probiotics *in a murine model* **41**

CO29 Identification de deux nouvelles peptidases (SAPN et SAPV) bactériennes ayant un intérêt biotechnologique **42**

Communications Affichées

Session posters : Microbiologie Environnementale et Industrielle / Microbiologie Agricole et Alimentaire / Mycologie et Parasitologie /

CA1 La mer, vecteur de contaminants microbiologiques : Etude de cas de la région de mahdia **44**

CA2 *Extraction and characterization of exopolysaccharides produced by Lactobacillus plantarum* issued by probiotics **45**

CA3 Fungal strains from goat milk as a source of extracellular enzymes **46**

CA4 Valorisation of black cumin seed cake: Antimicrobial, biological and physicochemical properties **48**

CA5 Évaluation de la cinétique d'adsorption microbienne des eaux usées par les argiles HJ1 et AM activée à l'HCl **49**

CA6 Potentiel des substances polymériques extracellulaires pour le traitement durable des eaux contaminées **50**

CA7 Optimization Study Using Central Composite Design: Effect of Potassium Sorbate on Raw Milk Microbiological Quality **51**

CA8 Phytochemical composition, *in vitro* biological activities and *in situ* preservative potentialities of *Laurus nobilis* L. essential oil on raw red meat **52**

CA9 Détection et caractérisation des bactéries responsables des pathologies en pisciculture de *Sparus aurata* et *Dicentrarchus labrax* en Tunisie **53**

CA10 Preliminary Inventory of Endoparasites in the Vulnerable *Ammotragus levia* from the Djelfa Hunting Reserve, Algeria **54**

CA11 Séroconversion toxoplasmique au T3 : un risque persistant pour le nouveau-né **55**

CA12 In vitro susceptibility of *Leishmania major* clinical isolates to pentavalent antimonial (Glucantime®) and analysis of the expression of three target genes (MRPA, GCS, AQP1) in Tunisia **56**

Session posters : Microbiologie Clinique et Vétérinaire

CA13 Épidémiologie et microbiologie des infections urinaires masculines : étude rétrospective au CHU La Rabta **58**

CA14 Investigation of dual-species biofilm interactions between *Candida glabrata* and *Klebsiella pneumoniae* co-isolated from a peripheral venous catheter using scanning electron microscopy and Raman mapping **59**

CA15 Propagation d'un foyer épidémique au virus du Nil occidental dans l'Est algérien : état des lieux épidémiologique et approche de diagnostic biologique **60**

CA16 Etude des altérations buccodentaires polymicrobiennes chez les enfants cancéreux de l'ouest et du sud-ouest Algérien **61**

CA17 Towards Measles elimination in Tunisia: The critical role of molecular surveillance **62**

CA18 Multidrug-Resistant Shiga Toxin-Producing Escherichia coli in Wild Boars (Sus scrofa) in Tunisia: A Public Health Risk **64**

CA19 Impact de la résistance aux biocides sur la persistance et la dissémination d'un même clone de *Klebsiella pneumoniae* multi résistant isolé dans l'environnement hospitalier d'un service de soins intensifs **65**

CA20 Acinetobacter baumannii et infections respiratoires en réanimation **66**

CA21 Les infections urinaires au service de néphrologie du CHU Fattouma Bourguiba **68**

CA22 Etude des souches de *Serratia marcescens* à l'hôpital universitaire Tahar Sfar de Mahdia : aspects épidémiologiques et profils d'antibiorésistance **69**

CA23 Enquête de l'Evaluation Externe de la Qualité de Microbiologie en Tunisie (2016 – 2021) **71**

CA24 Risk Factors for Multidrug-Resistant Bacterial Infections in Intensive Care Units: Insights from a Prospective Study **72**

CA25 Profil épidémiologique de la résistance bactérienne aux antibiotiques à l'hôpital Haj Ali Soua de Ksar Hellal en 2025 **74**

Session posters : Antibiorésistance et Antimicrobiens / Microbiologie Fondamentale

CA26 Molecular epidemiology of multidrug-resistant *Enterobacteriaceae* isolated from the paediatric ward of Fattouma Bourguiba Hospital, Monastir **75**

CA27 Evaluation de l'effet antimicrobien de l'huile essentielle de l'écorce de citron sur la formation de biofilms de quelques souches isolées de la cavité buccale d'enfants de la ville de Tlemcen (Algérie) **76**

CA28	Etude de l'activité antibactérienne de l'association huile essentielle / huile essentielle et huile essentielle / antibiotique	**77**
CA29	*In Vitro* Evaluation of Antibacterial and Antibiofilm Effects of Arugula Ethanolic Seed Extract Against Peri-Implantitis-Associated oral Pathogens	**78**
CA30	Development of nanotechnology-based drug delivery systems for controlling clinical multidrug-resistant *Staphylococcus aureus* and *Escherichia coli* associated with aerobic vaginitis	**79**
CA31	Profil de résistance aux antibiotiques des staphylocoques à coagulase négative isolés d'hémocultures dans un hôpital universitaire tunisien (2022–2024)	**80**
CA32	Épidémiologie et profil bactériologique de Pseudomonas aeruginosa isolé à partir des hémocultures (2018–2022) à l'hôpital Farhat Hached de Sousse	**81**
CA33	Profil de résistance des bactéries multirésistantes isolées dans un service de maladies infectieuses : Etude rétrospective (2020-2024)	**82**
CA34	First description of *Klebsiella pneumoniae* KPC-producing isolates at Rabta Hospital, Tunis	**83**
CA35	Bactériémies pédiatriques : Tendances, agents pathogènes et résistances aux antibiotiques en milieu hospitalier tunisien	**84**
CA36	Bactériémies en pédiatrie au CHU La Rabta (2021–2024) : évolution épidémiologique et résistances bactériennes	**85**
CA37	Gram-Negative Predominance in Multidrug-Resistant Healthcare-Associated Infections: A Point Prevalence Survey at Fattouma Bourguiba University Hospital, Monastir, Tunisia (August–September 2025)	**87**
CA38	Molecular typing of multidrug resistant *Klebsiella pneumoniae* clinical isolates	**89**
CA39	Hémocultures à l'hôpital universitaire Tahar Sfar de Mahdia : un an de surveillance des pathogènes et des résistances aux antibiotiques vers les perspectives d'amélioration	**90**
CA40	Impact of Au-TiO_2 nanocomposite on biofilm formation and heat shock protein expression in pathogenic bacteria	**92**
CA41	Apprentissage Automatique pour la prédiction des variants du SARS-CoV-2 à partir des données biologiques	**93**

Liste des participants **94**

PROGRAMME

Vendredi 21 novembre 2025	
8h00 - 10h00	**Inscription**
10h00	**Ouverture des journées**
10h20 – 12h40	**Session 1 : Microbiologie Environnementale et Industrielle** **Modérateurs : Pr Mahjoub AOUNI (FPHM), Pr Bassem JAOUADI (CBS), Pr Amel BOUANANE DARENFED (USTHB Alger**)
10h20 - 10h40	**Conférence 1: "Towards global health through shared responsibility: The role of methanisation in sustainable waste management"** **Pr Sonia KHOUFI |** CBS, Sfax, **Tunisie**
10h40 – 11h00	**Conférence 2: Microbiological biotechnologies for the environmental valorization of agricultural by-products: solid-state fermentation by lignolytic fungi for ruminant nutrition** **Pr Atef JAOUANI |** ISSBAT, Tunis, **Tunisie**
11h00 – 11h20	**Discussion**
11h20 – 12h20	**Communications orales**
CO1	**Environmental and Clinical Surveillance of Norovirus, Rotavirus, and Astrovirus in Tunisia: Comprehensive Insights from 2020 to 2023** **Rawand HAMDI,** Javier Caballero-Gomez, Hakima Gharbi-Khelifi, Ines Othman, Maha Mastouri, Mahjoub AOUNI, Antonio Rivero-Juarez
CO2	**Solid State Fermentation: Innovative approach for biopesticide production** **Wafa JALLOULI,** Sarra Khlifi, Molka Cherif, Souad Rouis
CO3	**Evaluation des activités insecticides et antimicrobiennes des molécules bioactives de huit plantes endémiques Tunisiennes** **Sameh SELLAMI** et Ghofrane JBELI
CO4	**Phospholipases D microbiennes : Rôles dans la virulence, la signalisation lipidique et perspectives thérapeutiques** **Alexandre NOIRIEL**
12h20-14h00	**Pause-déjeuner**
14h00 – 16h45	**Session 2 : Microbiologie Agricole et Alimentaire** **Modérateurs : Pr Abdelatif BOUDABBOUS(FST), Pr Alexandre NOIRIEL (UCBL), Pr Sondes HADDAD NOUBBAKER (IPT)**

14h00 - 14h20 **Conférence 3 : Les bactéries pathogènes de plantes : symptomatologie versus mécanismes de pathogénie.**
Dr Imen MENSI | ISA-CM, Sousse, **Tunisie**

14h20 - 14h40 **Conférence 4 : Microbiologie alimentaire : rôle du laboratoire aujourd'hui et défis de demain.**
Dr Oussama EL FEKIH | IRVT, Tunis, **Tunisie**

14h40 - 15h00 **Discussion**

15h00 - 16h10 **Communications orales**

CO5 ***In vitro* characterization of *Lavandula angustifolia* L. essential oil and its *in situ* application as innovative biopreservation method of raw white (chicken) meat during refrigerated storage**
Olfa BEN BRAÏEK, Ibrahim DJELASSI, Maha MASTOURI

CO6 **Essai d'enrichissement d'un yaourt étuvé par la poudre de datte Mech-Degla**
Soundous MERMECHE, Ikram AZZOUZ, Maha REMANA et **Amel BOUANANE DARENFED**

CO7 **Nanoencapsulated Cinnamon (*Cinnamomum zeylanicum*) Bark Essential Oil as a Natural Preservative for Milk: Antimicrobial and Antioxidant Efficacy**
Ilyes DAMMAK

CO8 **Effets bénéfiques de la co-inoculation de consortiums bactériens sur la croissance et les réponses antioxydantes de trois cultivars de pois chiche (Cicer arietinum L.) soumis à un stress salin**
Imen HEMISSI, Amira HACHAN, Hanen ARFAOUI et Mohamed ANNABI

CO9 **Composition microbiologique et chimique de stupéfiants d'origine végétale**
Amel BOUANANE- DARENFED, K. Boudjema, H. Chekiri, Z. Hafiane et Tahar BENAYAD

16h10 – 16h30 **Pause-café**

16h30 – 17h15 **Symposium de sponsor**
Nom du présentateur | Société ABS ; Tunisie

17h15 – 18h15 **Session posters : Microbiologie Environnementale et Industrielle / Microbiologie Agricole et Alimentaire / Mycologie et Parasitologie**
Modérateurs : Pr Wejdene MANSOUR (FMS), Pr Bassem JAOUADI (CBS), Pr Badiaa SGHAIER (FST)

CA1 **La mer, vecteur de contaminants microbiologiques : Etude de cas de la région de Mahdia**
Sana ALIBI, Sabrine AFSA, Amel JEBARA, Ferdawes FENNI, Hedi BEN MANSOUR

CA2 ***Extraction and characterization of exopolysaccharides produced by Lactobacillus plantarum* issued by probiotics**
Mariem MOUELHI, Wisaal ROUIHEM, Nadia LEBAN, Hassen BOUZIDI, Abdelkarim MAHDHI

CA3 **Fungal strains from goat milk as a source of extracellular enzymes**
Katia Louiza ASMANI, Amina ZAREB, Kahina TALEB, Melissa AOUCHICHE, Kenza HADDAD, Mustapha DJELLOULI, Khelifa BOUACEM

CA4 **Valorisation of black cumin seed cake: Antimicrobial, biological and physicochemical properties**
Ahlem BEN SASSI, Samar AOUINA, Sarra MSEHLI, Maha MASTOURI

CA5 **Évaluation de la cinétique d'adsorption microbienne des eaux usées par les argiles HJ1 et AM activée à l'HCl**
Hakima GHARBI-KHELIFI, Firas FKI, Mahjoub AOUNI, Maha MASTOURI

CA6 **Potentiel des substances polymériques extracellulaires pour le traitement durable des eaux contaminées**
Jihen ELLEUCH, Marwa DRIRA, Imtinen GHRIBI, Farah HADJKACEM, Philippe MICHAUD, Imen FENDRI, Slim ABDELKAFI

CA7 **Optimization Study Using Central Composite Design: Effect of Potassium Sorbate on Raw Milk Microbiological Quality**
Chedia AOUADHI, Samar BRAHMI and Abderrazak MAAROUFI

CA8 **Phytochemical composition, *in vitro* biological activities and *in situ* preservative potentialities of *Laurus nobilis* L. essential oil on raw red meat**
Olfa BEN BRAÏEK, Ibrahim DJELASSI, Maha MASTOURI

CA9 **Détection et caractérisation des bactéries responsables des pathologies en pisciculture de *Sparus aurata* et *Dicentrarchus labrax* en Tunisie**
Ikbel DENDEN, Amel RJEB, Maha MASTOURI

CA10 **Preliminary Inventory of Endoparasites in the Vulnerable *Ammotragus levia* from the Djelfa Hunting Reserve, Algeria**
Ouardia CHAHEB LAIN, Nora KHAMMES- EL HOMSI & Farid BOUNACEUR

CA11 **Séroconversion toxoplasmique au T3 : un risque persistant pour le nouveau-né**
Oumaima SASSI, Fida MAATALLAH, Rania MAATOUG, Karim AOUN, Aida BOURATBINE, Rym BEN ABDALLAH

Samedi 22 novembre 2025

8h30 - 11h00	**Session 3 : Parasitologie et Mycologie** **Modérateurs : Pr Najoua HAOUAS, Pr Badiaa ESSGHAIER (FST)**
8h30 – 8h50	**Conférence 5 : Leishmanioses en Tunisie : Approches épidémiologiques, diagnostics et perspectives de recherche** **Pr Najoua HAOUAS** | Faculté de Pharmacie de Monastir, Monastir, **Tunisie**
8h50 – 9h10	**Conférence 6 : La mycologie médicale: vers quel avenir** **Dr Kalthoum Kallel** | CHU La Rabta, Tunis, **Tunisie**
9h10 – 9h30	**Discussion**
9h30 – 10h00	**Communications orales**
CO10	**Assessment of mixed biofilm formation by *Candida* spp. and *Staphylococcus aureus* co-isolated from pediatric pulmonary expectorations** **Zahia BOUCHERIT-OTMANI,** Karima GOURARI-BOUZOUINA, Imene BENDOUKHA, Abdelfatteh SEGHIR, Zakia Zahira KAZI Tani-BABA AHMED and Kebir BOUCHERIT
CO11	**Transplacental Transmission of Aflatoxins: Mechanisms, Evidence, and Potential Health Implications for the Fetus** **Sana ALIBI,** Adem BAYOUDH, Dhekra TOUMI, Guiseppe DI BELLA, Hedi BEN MANSOUR
10h00 – 10h20	**Pause-café**
10h20 – 11h00	**Communications orales**
CO12	**Microbiological Insights into Vaginal *Candida* spp. during Pregnancy: Species Features and Antifungal Resistance** **Wafa BOUGLITA,** Sameh RABHI, Natacha RAICH, Cyrine BOUABID, Cyrine BELGHITH, Olfa SLIMANI, Chaima HKIMI, Kais GHEDIRA, Roger E. KARESS, Lamia GUIZANI-TABBANE, Leila ATTIA and Imen RABHI
CO13	**Investigation of genetic diversity and bacterial pathogens in human head lice populations in Tunisia** **Dhekra FARJALLAH,** Alissa HAMMOUD, Oleg MEDIANNIKOV, Florence FENOLLAR, Sameh BELGACEM, Latifa REMADI, Hamouda BABBA, Najoua HAOUAS
CO14	**Diversité des hôtes de *Culicoïdes oxystoma* : nouvelles données pour la surveillance épidémiologique des arboviroses en Tunisie** **Essid RANIA,** Slama DARINE, Sghaier SOFIEN, Babba HAMOUDA

11h00 – 12h00 **Session posters : Microbiologie Clinique et Vétérinaire**
Modérateurs : Pr Farouk BARGUELLIL (FPHM), Pr Wejdene MANSOUR (FMS), Pr Hela JAIDANE (FPHM)

CA12 **In vitro susceptibility of *Leishmania major* clinical isolates to pentavalent antimonial (Glucantime®) and analysis of the expression of three target genes (MRPA, GCS, AQP1) in Tunisia**
Nihel CHERNI, **Hala BABA**, Latifa REMADI, Amara JEMLI, Hamouda BABBA, Najoua HAOUAS

CA13 **Épidémiologie et microbiologie des infections urinaires masculines : étude rétrospective au CHU La Rabta**
O. LAYEB, H. LAAJAILIA, A. ZNAZEN, M. ZRIBI

CA14 **Investigation of dual-species biofilm interactions between *Candida glabrata* and *Klebsiella pneumoniae* co-isolated from a peripheral venous catheter using scanning electron microscopy and Raman mapping**
Abdelfettah SEGHIR, Abdeselem BENAHMED, Fayçal DERGAL, Anisse CHIALI , Zahia BOUCHERIT-OTMANI

CA15 **Propagation d'un foyer épidémique au virus du Nil occidental dans l'Est algérien : état des lieux épidémiologique et approche de diagnostic biologique**
Amel BOUARICHA, Nassima DJAHMI, Sabrina NEDJAI

CA16 **Etude des altérations buccodentaires polymicrobiennes chez les enfants cancéreux de l'ouest et du sud-ouest Algérien**
Zahia BOUCHERIT-OTMANI, Karima GOURARI-BOUZOUINA, Rania BENMOSTEFA DAHO, and Kebir BOUCHERIT

CA17 **Towards Measles elimination in Tunisia: The critical role of molecular surveillance**
Bochra OUERTANI, Anissa CHOUIKHA, Hela HANNACHI, Zina MEDDEB, Henda TOUZI, Henda TRIKI

CA18 **Multidrug-Resistant Shiga Toxin-Producing Escherichia coli in Wild Boars (Sus scrofa) in Tunisia: A Public Health Risk**
Ghassan TAYH, Sinda SRAIRI, Rachid SELMI and Lilia MESSADI

CA19 **Impact de la résistance aux biocides sur la persistance et la dissémination d'un même clone de *Klebsiella pneumoniae* multi résistant isolé dans l'environnement hospitalier d'un service de soins intensifs**
Sana Azaiez, Safa MNAFEK, Ahlem MAHJOUB, Amine BEN IBRAHIM, Wejdene MANSOUR

CA20 **Acinetobacter baumannii et infections respiratoires en réanimation**
M SKANDRANI, Y KADRI, S GHEDIRA, B JELLALI, Y MAATOUK, M MASTOURI

CA21 **Les infections urinaires au service de néphrologie du CHU Fattouma Bourguiba**
O. BOUZGARROU, N. DAGHARI, M. BHOURI, H. RHIM, O. HADDAD, Y. KADRI, M. MASTOURI

CA22 **Etude des souches de *Serratia marcescens* à l'hôpital universitaire Tahar Sfar de Mahdia : aspects épidémiologiques et profils d'antibiorésistance**
Ikram EL AHMER**, Naim MEKACHER,** Nedra HARBACH, Nedra MDIMEGH, Maha MASTOURI

CA23 **Enquête de l'Evaluation Externe de la Qualité de Microbiologie en Tunisie (2016 – 2021)**
Asma GNOUMA, Imen MKADA, Mouna MEJRI, Safa BOUWAZRA

CA24 **Risk Factors for Multidrug-Resistant Bacterial Infections in Intensive Care Units: Insights from a Prospective Study**
Louay jelili , Nesrine Chebil, Aymen Gamra , Lamia Tilouche, Nadia Jaidane, Sameh Boughattas, Yomna Ben lamine, Soumaya Ketata, Abdelhalim Trabelsi

CA25 **Profil épidémiologique de la résistance bactérienne aux antibiotiques à l'hôpital Haj Ali Soua de Ksar Hellal en 2025**
Sahar Gnaba, **Rania Ben Cheikh**, Mohamed Jaffeli, Amira Cherif

12h00 – 14h00 **Pause-déjeuner**

14h00 – 17h00 **Session 4 : Microbiologie Clinique et Vétérinaire**
Modérateurs : Pr Mohamed Salah ABBASSI (FMT), Pr Farouk BARGUELLIL (FPHM), Pr Maha MASTOURI (FPHM)

14h00 – 14h20 **Conférence 7 : La Brucellose: le point sur le diagnostic bactériologique et situation épidémiologique**
Pr Meriam ZRIBI | CHU La Rabta, Tunis, **Tunisie**

14h20 – 14h40 **Conférence 8 : La brucellose : la grande simulatrice**
Pr Rim ABDELMALEK | CHU La Rabta, Tunis, **Tunisie**

14h40 – 15h00 **Conférence 9 : La brucellose à l'interface Homme-Animal-Environnement**
Pr. Ag. Médiha KHAMASSI KHBOU | ENMV, Tunis, **Tunisie**

15h00 – 15h30 **Discussion**

15h30 – 15h50 **Pause-café**

15h50 – 17h20 **Communications orales**

CO15 **Évolution alarmante du profil d'antibiorésistance de *Proteus mirabilis* : données épidémiologiques récentes à l'hôpital universitaire Tahar Sfar de Mahdia**
Ikram EL AHMER, Arij ELLAFI, Chourouk CHIKH Ali, Maha MASTOURI

CO16 **Résultats du Contrôle National de Qualité de Bactériologie - Tunisie 2021**
Asma GNOUMA, Imen MKADA, Mouna MEJRI, Safa BOUWAZRA

CO17 **Apport du panel syndromique BioFire® dans le diagnostic microbiologique rapide des infections**
O. LAYEB, H, LAAJAILIA, S. ABBES, M. ZRIBI

CO18 **Les bactéries multi-résistantes à l'EHS S. Zemirli**
TOUATI Dj., BELAKEHEL H

CO19 **Antibiotic and antiseptic resistance genes in methicillin resistant *Staphylococcus aureus* clinical strains**
Rim WERHENI AMMERI, Yosra CHEBBI, Salma ABBASSI, Eya MAHJOUB, Anis RADDAOUI, Siwar FRIGUI, Meriem ZRIBI, Wafa ACHOUR

CO20 **Analyse métagénomique de la flore muqueuse respiratoire chez les poulets de chair COBB 500 en Algérie**
Amine El-Mokhtar DRICI

17h20 – 18h30 **Session 5: Antibiorésistance et Antimicrobiens**
Modérateurs : Pr Maha MASTOURI (FPHM), Pr Wejdene MANSOUR (FMS), Pr Farouk BARGUELLIL (FPHM)

17h20 – 17h40 **Conférence 10 (En ligne): When Algorithms Meet Antibiotics: AI's Role in the Fight Against Antimicrobial Resistance**
Ph.D. Daniel Uyeh| the Department of Biosystems and Agricultural Engineering, Michigan State University, **USA**

17h40 – 18h50 **Communications orales**

CO21 **Antimicrobial Resistance Profile of Klebsiella pneumoniae and *Escherichia coli* isolates from CBEU Samples at Beja University Hospital: ESBL Phenotypes and Resistance Mechanisms**
Chourouk IBRAHIM, Mohamed SALAH ABBASSI, Hadhemi CHAOUCH KORKAD, Salah HAMMAMI, Ismail TRABELSI, Abdennaceur HASSEN

CO22 **Whole-genome sequence analysis of carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae* recovered from hospitalized patients in Tunisia**
Safia DAHMEN, Saoussen OUESLATI, Houcemeddine OTHMAN, Imen CHATTI, Olfa BOUZGARROU, Hajer RHIM, Thierry NAAS and Maha MASTOURI

CO23 **Etude de la prévalence *d'Escherichia coli* productrice de bêta-lactamase à spectre étendu au niveau des points de ventes des poulets vivants dans la région de Sousse**
Meriem MAHER MTIBAA, Sana AZAIEZ, Jean-YVES MADEC, Marisa HAENNI et Wejdene MANSOUR

CO24 **Antimicrobial Potential and Mechanistic Insights of *Artemisia vulgaris* and *Laurus nobilis* Aqueous Extracts**
Marwa TABOUI, Mohamed MENDILI, Ayda KHADHRI and **Chedia AOUADHI**

CO25	**Etude de l'activité antibactérienne de deux souches de *Lactobacillus* isolées à partir du l'urine de chamelle** **Noura ELMNASSER,** Tarek ZMANTAR, Wafa HASSEN, Sihem BAYAR, Mejdi SNOUSSI, Hassan BOUZIDI
CO26 **En ligne**	**Isolation and characterization of bacteriophages targeting carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* from Tunisian hospital** **Ahlem Khachroub Mahjoub**, Marisa Haenni, Jacob Diderich, Aurélie Leroux, ,Damien Thiry and Wejdene Mansour
21h00 – 00h00	**Dîner et soirée gala**

Dimanche 23 novembre 2025

8h30 - 10h00	**Session 6 : Microbiologie Fondamentale** **Modérateurs: Pr Meriam ZRIBI(FPHM), Pr Abdelatif BOUDABBOUS(FST), Pr Hela JAIDANE (FPHM)**
8h30 – 8h50	**Conférence 11: The microbial dimension in cancer: The role of host microbiomes in pathogenesis and therapy response** **Dr. Zehra-esra Ilhan** | Research Scientist: MICALIS Institute, INRAE, **France**
8h50 – 9h10	**Conférence 12 : Microbiote Intestinal et maladie de Crohn en Tunisie** **Pr Aida BOURATBINE** | Institut Pasteur de Tunis; **Tunisie**
9h10 – 9h40	**Table ronde "Le microbiote intestinal: moteur caché des maladies?"**
9h40 – 10h30	**Communications orales**
CO27	**Genetic variants of the transporter octn1 are associated with higher abundance and increased proinflammatory capacity of *Fusobacterium nucleatum* in colorectal cancer** **Samah CHOUAIBI,** Veronica FERTITTA, Leila NJIM, Khadija ZHOUARI, Maha MASTOURI , Yosr KADRI, and Giovambattista PANI
CO28	***Anti-inflammatory properties of bacterial exopolysaccharides produced by Lactobacillus plantarum* issued by probiotics *in a murine model*** **Mariem MOUELHI,** Nadia LEBAN, Wisaal ROUIHEM, Hassen BOUZIDI, Abdelkarim MAHDHI
CO29	Identification de deux nouvelles peptidases (SAPN et SAPV) bactériennes ayant un intérêt biotechnologique **Khelifa BOUACEM,** Sondes MECHRI, Fawzi ALLALA, Farida NATECHE, Amel BOUANANE-DARENFED, and Bassem JAOUADI

10h30 – 11h45 Pause-café et visite des posters

Session posters : Antibiorésistance et Antimicrobiens / Microbiologie Fondamentale
Modérateurs: Pr Meriam ZRIBI (FPHM), Pr Lamjed BOUSLAMA (CBBC), Pr Hela JAIDANE (FPHM)

CA26 Molecular epidemiology of multidrug-resistant *Enterobacteriaceae* isolated from the paediatric ward of Fattouma Bourguiba Hospital, Monastir
Imen CHATTI, Belly DIALLO, Olfa BOUZGARROU, Maha MASTOURI, Safia DHAMEN

CA27 Evaluation de l'effet antimicrobien de l'huile essentielle de l'écorce de citron sur la formation de biofilms de quelques souches isolées de la cavité buccale d'enfants de la ville de Tlemcen (Algérie)
Imane HASSAINE LAHFA, Zahia BOUCHERIT-OTMANI, Abdelfettah SEGHIR, Nadia LAOUEDJ

CA28 Etude de l'activité antibactérienne de l'association huile essentielle / huile essentielle et huile essentielle / antibiotique
Khelifa BOUACEM, Naoual BERROUANE, Anies ABIB, Céline LAZIB, Katia-Louiza ASMANI, Mohamed-Lounes SEMRI

CA29 In Vitro Evaluation of Antibacterial and Antibiofilm Effects of Arugula Ethanolic Seed Extract Against Peri-Implantitis-Associated oral Pathogens
Tarek ZMANTAR, Rym KAMMOUN, Ghada HASSAIRI, Hassen BOUZIDI

CA30 Development of nanotechnology-based drug delivery systems for controlling clinical multidrug-resistant *Staphylococcus aureus* and *Escherichia coli* associated with aerobic vaginitis
Najla HADDAJI, Badr BAHLOUL, Wael BAHIA, Abdelkarim MAHDHI

CA31 Profil de résistance aux antibiotiques des staphylocoques à coagulase négative isolés d'hémocultures dans un hôpital universitaire tunisien (2022–2024)
W. LAZREG ; S. KOUKI ; M. BHOURI ; Y. KADRI ; O. HADDED ; H. RHIM ; M. MASTOURI

CA32 Épidémiologie et profil bactériologique de Pseudomonas aeruginosa isolé à partir des hémocultures (2018–2022) à l'hôpital Farhat Hached de Sousse
A. KHALFALLAH, Y. BEN SALEM

CA33 Profil de résistance des bactéries multirésistantes isolées dans un service de maladies infectieuses : Etude rétrospective (2020-2024)
E. MHAMDI, M. BHOURI, H. RHIM, B. KOUIDHI, O. HADDAD, M. MASTOURI

CA34 **First description of *Klebsiella pneumoniae* KPC-producing isolates at Rabta Hospital, Tunis**
Safa BLIBECH, Rihab GHEDIRA, Feryel MLIKI, Salma ABBES, Mariem ZRIBI

CA35 **Bactériémies pédiatriques : Tendances, agents pathogènes et résistances aux antibiotiques en milieu hospitalier tunisien**
O.RABIA, H. RHIM, M. BHOURI, B. KOUIDHI, Y. KADRI, O. HADDAD, M. MASTOURI

CA36 **Bactériémies en pédiatrie au CHU La Rabta (2021–2024) : évolution épidémiologique et résistances bactériennes**
W.BEN MANSOUR, F. MLIKI, A. ZNAZEN, M. ZRIBI

CA37 **Gram-Negative Predominance in Multidrug-Resistant Healthcare-Associated Infections: A Point Prevalence Survey at Fattouma Bourguiba University Hospital, Monastir, Tunisia (August–September 2025)**
Ahmed ARAOUD, **Mayssa REBEI**, Héla ABROUG

CA38 **Molecular typing of multidrug resistant *Klebsiella pneumoniae* clinical isolates**
Fethi BEN ABDALLAH, Rihab LAGHA

CA39 **Hémocultures à l'hôpital universitaire Tahar Sfar de Mahdia : un an de surveillance des pathogènes et des résistances aux antibiotiques vers les perspectives d'amélioration**
Ikram EL AHMER, Maha MASTOURI

CA40 **Impact of Au-TiO_2 nanocomposite on biofilm formation and heat shock protein expression in pathogenic bacteria**
Rihab LAGHA, Amine MEZNI, Fethi BEN ABDALLAH

CA41 **Apprentissage Automatique pour la prédiction des variants du SARS-CoV-2 à partir des données biologiques**
Narjess AOUNI, Nabil ABID, Besma RABHI, Emna HAJLAOUI

12h00 – 12h30 **Clôture du congrès et distribution des prix des Meilleures Communications Orales et Affichées**

COMMUNICATIONS ORALES

Session 1 :

Microbiologie Environnementale et Industrielle

Environmental and Clinical Surveillance of Norovirus, Rotavirus, and Astrovirus in Tunisia: Comprehensive Insights from 2020 to 2023

Rawand HAMDI[1,2], Javier Caballero-Gomez[3,4,5], Hakima Gharbi-Khelifi [1,6], Ines Othman [1,7], Maha Mastouri[1,7], Mahjoub AOUNI[1,7], Antonio Rivero-Juarez[3,4]

[1] Laboratory of transmissible diseases and biologically active substances, Faculty of Pharmacy, University of Monastir, 5000 Monastir, TUNISIA
[2] Higher Institute of Biotechnology of Monastir, University of Monastir, 5000 Monastir, TUNISIA
[3] Unit of Infectious Diseases, Hospital Universitario Reina Sofia, Instituto Maimonides de Investigacion Biomedica de Cordoba (IMIBIC), Universidad de Cordoba (UCO), Cordoba, SPAIN
[4] Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Infecciosas, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, Spain
[5]Animal Health and Zoonoses Research Group (GISAZ), Animal Health Department, UIC Zoonosis y Enfermedades Emergentes ENZOEM, Universidad de Córdoba, Córdoba, Spain
[6] Department of Biotechnology, Faculty of Science and Technology of Sidi Bouzid, University of Kairouan, 9100 Sidi Bouzid, Tunisia.
[7] Faculty of Pharmacy Monastir, University of Monastir, 5000 Monastir, TUNISIA
Corresponding author: rawandhamdi5@gmail.com

Wastewater surveillance of enteric viruses is a crucial tool to assess their community spread and to prevent outbreaks. This study aims to detect and quantify the presence of norovirus, rotavirus and astrovirus in urban wastewater as well as infantile stools in Tunisia. 171 wastewater samples collected at the entry and the exit of each wastewater treatment plant considered by our survey. WWTPs are distributed in different regions of Tunisia: Sidi bouzid, Kasserine, Sbeitla, Kairouan, Tunis, Gabes, Gafsa and Monastir which covers almost the majority of the Tunisian territory. Along with 60 stool samples taken from patients of age <5 years old presenting gastrointestinal symptoms in the regional hospital of sidi Bouzid from 2020-2021. Samples were analyzed using real-time PCR and specific qualitative detection kits. Fifty out of 171 wastewater samples were positive for Norovirus GII, indicating a detection rate of 29.24%; similarly, fifty out of 171 samples were positive for Rotavirus, also with a detection rate of 29.24%, while 83 out of 171 samples tested positive for Astrovirus, reflecting a detection rate of 48.53%. For clinical results, ffifteen out of sixty stool samples were confirmed to be positive for Norovirus GII with prevalence equal to 25% and six out of sixty stool samples were confirmed to be positive for Norovirus GII with prevalence equal to 10%.

The results show a significant prevalence of these viruses, reflecting the population's health status and highlighting the health risks related to water contamination. These data help establish an effective environmental surveillance system in Tunisia, contributing to the prevention of viral gastroenteritis infections.

CO2

Solid State Fermentation: Innovative approach for biopesticide production

Jallouli Wafa[1], Khlifi Sarra[1], Cherif Molka[1], Rouis Souad[1]

1Centre of Biotechnology of Sfax, Biopesticides Laboratory, BP '1177', 3018 Sfax, Tunisia..
Corresponding author: wafa.jallouli@cbs.rnrt.tn

Biopesticides derived from *Bacillus thuringiensis* (Bt) are the most well-known biological agents for selective control of pest insects. However, the high cost of raw materials has stalled their commercial application to a great extent. Research into suitable nutrient has enabled use of several agricultural, waste or industrial by-products for mass-production of Bt. These materials include oats (O), sesame (S), corn (C), barley (B), millet (M), barley bran (BB), livestock feed (L), soybean meal (SM), potato peel (PP), pomegranate peel (PP), orange peel (Op) and kitchen waste (KW).

In this study, the bioconversion of these organic materials into Bt-based biopesticides was operated under Solid-State Fermentation (SSF) as an innovative technology offering an alternative method to submerged fermentation. Evaluation of the effectiveness of the listed substrates in supporting Bt growth, sporulation and δ-endotoxin production by SSF showed that M, O and SM achieved the best yields and spore production. By using the mixing plan, it was demonstrated that using the percentage of SM, O and M of 69.4%, 17.2% and 13.4%, respectively, is the most adequate. For an enhanced biopesticide production by SSF, the optimum operating conditions using the CCD design were as follows: Temperature of 32°C, Humidity of 100% and an inoculum size of 0.5 OD units. Scaling up the SSF process to the 3L bioreactor showed that it is necessary to use clay granules as a support and keep the humidified inlet air flow at 30 mL/h to maintain the same Bt production yield.

CO3

Evaluation des activités insecticides et antimicrobiennes des molécules bioactives de huit plantes endémiques Tunisiennes

Sellami Sameh et Ghofrane Jbeli

Laboratoire des Biopesticides, Centre de Biotechnologie de Sfax

Corresponding author: sellamisameh@gmail.com

La protection des cultures vis-à-vis des bio-agresseurs est un élément majeur de la gestion des cultures. Ainsi, notre travail s'intéresse à l'évaluation des activités antimicrobiennes et insecticides des molécules bioactives de huit plantes endémiques tunisiennes récoltées des régions de Gafsa et de Sousse. L'extraction hydroalcoolique a démontré que les rendements les plus élevés ont été obtenus avec les extraits de *P. granatum* (25%) et de *T. hirsuta* (21,5%). Le dosage des taux des polyphénols a montré que les fractions à l'acétate d'éthyle de *T. garganica* et de *M. vulgaris* s'avèrent les plus riches en polyphénols en comparaison avec les extraits bruts (100,11 et 73,3 mg GAE/g, respectivement). Cependant, le dosage des flavonoïdes a révélé que les extraits bruts de *M. vulgaris* et de *T. garganica* possèdent les taux les plus importants de l'ordre de 54,41 et 26,01 mg EQ/g, respectivement. Le criblage de l'activité antibactérienne sur les deux souches d'*A. tumefaciens* B6 et C58 a montré que les fractions organiques de *T. garganica*, de *M. vulgaris* et de *P. granatum* sont les plus actives, ces mêmes fractions organiques ont présenté une activité antifongique contre la quasi-totalité des champignons phytopathogènes testés. L'effet insecticide des extraits hydroalcooliques et des différentes fractions vis-à-vis de deux lépidoptères et deux coléoptères a révélé que les extraits hexaniques s'avèrent les plus toxiques essentiellement la fraction *T. garganica* avec des valeurs de CL50 de 0,102± 0,33 mg/g, 0,125± 0,55, 0,153± 0,23 mg/g et 0,561 mg/g pour *E. kuehniella*, *T. confusum*, *P. interpunctella* et *B. Rufimanus*, respectivement.

Phospholipases D microbiennes : Rôles dans la virulence, la signalisation lipidique et perspectives thérapeutiques

Alexandre NOIRIEL

Univ Lyon, Université Claude Bernard Lyon 1 (UCBL), Institut de Chimie et de Biochimie Moléculaires et Supramoléculaires (ICBMS), UMR 5246 CNRS, Génie Enzymatique, Membranes Biomimétiques et Assemblages Supramoléculaires (GEMBAS), Bât Raulin, 43 Bd du 11 Novembre 1918, F-69622, Villeurbanne Cedex, France

Corresponding author: alexandre.noiriel@univ-lyon1.fr

Résumé : Certaines bactéries pathogènes, telles que *Legionella pneumophila*, *Chlamydia trachomatis* ou *Pseudomonas aeruginosa*, ainsi que des champignons opportunistes comme *Aspergillus niger* ou *Aspergillus fumigatus*, produisent ou sécrètent des **phospholipases D (PLD)**, enzymes clés impliquées dans leurs mécanismes de virulence. Ces **enzymes lipolytiques** catalysent l'hydrolyse des phospholipides membranaires pour générer de la **phosphatidate** et de la **choline**, deux métabolites jouant un rôle central dans la **signalisation intracellulaire**, la **régulation du trafic vésiculaire** et la **modulation des réponses inflammatoires** de la cellule hôte. Chez les microorganismes pathogènes, les PLD contribuent à plusieurs étapes critiques du processus infectieux, notamment l'adhésion aux cellules hôtes, l'internalisation, l'évasion du système immunitaire et la survie intracellulaire prolongée. Leur activité provoque des modifications profondes de la structure et de la perméabilité membranaire, ainsi qu'une réorganisation du cytosquelette, facilitant la propagation et la persistance du pathogène. La caractérisation moléculaire, biochimique et structurale de ces enzymes est donc essentielle pour élucider leurs relations structure-fonction, comprendre leurs effets sur le métabolisme lipidique de l'hôte et décrypter leurs interactions avec d'autres facteurs de virulence. Ces travaux ouvrent également la voie à l'identification de nouveaux inhibiteurs sélectifs, ciblant spécifiquement les PLD microbiennes tout en préservant les homologues eucaryotes, constituant ainsi une stratégie prometteuse pour le développement d'agents antimicrobiens innovants et de nouvelles approches thérapeutiques.

Mots-clés : *Phospholipase D ; Pathogénicité microbienne ; Lipides membranaires ; Virulence ; Inhibiteurs enzymatiques.*

Session 2 :

Microbiologie Agricole

et Alimentaire

In vitro characterization of *Lavandula angustifolia* L. essential oil and its *in situ* application as innovative biopreservation method of raw white (chicken) meat during refrigerated storage

Olfa Ben Braïek[1,2], Ibrahim Djelassi[1], Maha Mastouri[1]

[1]: Laboratory of Transmissible Diseases and Biologically Active Substances (LR99ES27), Faculty of Pharmacy of Monastir, University of Monastir, 5000, Monastir, Tunisia

[2]: Faculty of Sciences and Techniques of Sidi Bouzid, University of Kairouan

Corresponding author: olfa_bbraiek@yahoo.fr

Abstract

This study aimed to extract the essential oil (EO) from dried lavender plant (*Lavandula angustifolia* L.), determine its chemical composition by GC-MS, evaluate its *in vitro* antimicrobial and antioxidant activities, and apply it *in situ* for the biopreservation of raw white meat (chicken) during 10 days of refrigerated storage at 4°C. The extraction was performed by Clevenger hydrodistillation and the yield was 0.45%. The GC-MS analysis identified 14 chemical compounds in this EO with the dominance of Linalyl acetate (45.39%) representing thus its chemotype. In addition, *Lavandula angustifolia* L. EO demonstrated strong antimicrobial activities ($P<0.05$) against 14 target microorganisms. In fact, the inhibition zone diameters varied from 15.33±0.44 mm to 33.67±0.44 mm, and the minimum inhibitory concentrations (MIC) ranged from 3.12 to 12.5 mg/ml. On the other hand, lavender EO displayed potent *in vitro* antioxidant activities using the two colorimetric tests of DPPH and ABTS (IC_{50} = 36.65 mg/ml and IC_{50} = 30.71 mg/ml respectively) similar to the standard used (Ascorbic acid). Regarding its *in situ* application in raw chicken meat, results showed that lavender EO significantly ($P<0.05$) inhibited microbial growth, effectively ($P<0.05$) delayed the formation of metmyoglobin (MetMb) in treated white meat, relatively stabilized ($P<0.05$) its organoleptic properties (color, odor and appearance), and strongly enhanced its shelf life up to 7 days during refrigerated storage at 4°C. In conclusion, these findings attested that *Lanvandula angustifolia* L. EO could be employed as natural food additive to extend the shelf life of raw chicken meat during cold storage.

Keywords: Essential oil, *Lavandula angustifolia* L., GC-SM, Antimicrobial activity, Antioxidant activity, Biopreservation, White meat.

Essai d'enrichissement d'un yaourt étuvé par la poudre de datte Mech-Degla

Soundous Mermeche, Ikram Azzouz, Maha Remana et **Amel Bouanane Darenfed**

Université des Sciences et de la Technologie Houari Boumediene (USTHB), Faculté des Sciences Biologiques, Laboratoire de Biologie Cellulaire et Moléculaire, Equipe de Microbiologie,

USTHB, Alger

Corresponding author: amelbouanane@gmail.com

Abstract

La présente étude vise à valoriser les produits alimentaires transformés à base de dattes, notamment en utilisant la poudre de dattes de faible valeur commerciale pour la préparation de yaourt étuvé. Dans ce travail, nous avons employé la poudre d'une variété de dattes connue sous le nom de « Mech-Degla » comme ingrédient dans la fabrication de yaourt étuvé. Quatre types de yaourts ont été étudiés, chacun préparé avec diffèrents pourcentages de poudre de dattes : 0%, 8%, 10% et 12%. Les résultats des analyses physico-chimiques et microbiologiques des quatre yaourts ont démontré leur parfaite conformité aux normes. Les analyses organoleptiques et les tests de dégustation, réalisés auprès de dégustateurs naïfs, montrent une excellente acceptabilité des yaourts. Les tests et analyse sensorielle pour les différents yaourts révèlent une préférence marquée pour le yaourt contenant 10% de poudre de datte, en raison de ses qualités organoleptiques. L'incorporation de la de poudre de dattes « Mech Degla » dans le yaourt étuvé non seulement améliore ses caractéristiques nutritionnelles mais aussi son acceptabilité sensorielle, ce qui pourrait contribuer à une meilleure valorisation de ce produit alimentaire.

Nanoencapsulated Cinnamon (*Cinnamomum zeylanicum*) Bark Essential Oil as a Natural Preservative for Milk: Antimicrobial and Antioxidant Efficacy

Ilyes Dammak

Department of Biological Engineering, Sfax Engineering National School, 3038 Sfax, Tunisia

Corresponding author: ilyes.dammak@enis.tn

Abstract

Milk is an excellent medium for microbial growth due to its rich nutrient composition. Conventional chemical preservatives extend shelf life but raise health and safety concerns, prompting interest in natural alternatives. Cinnamon (*Cinnamomum zeylanicum*) bark essential oil (EO), rich in cinnamaldehyde (83.8%) and eugenol (5.9%), exhibits strong antimicrobial and antioxidant activities; however, its direct use is limited by poor solubility and strong aroma. In this study, EO was nanoencapsulated in an oil-in-water nanoemulsion (NE) prepared with 70% EO, 30% soybean oil, and 1% SDS, homogenized at 12,000 rpm and ultrasonicated to yield ~260 nm droplets. Pasteurized milk inoculated with *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, or *Enterococcus faecalis* (10^5 CFU/mL) was treated with free EO or NE (2 mg/mL EO equivalent) and incubated at 37 °C for 24 h. Both treatments markedly reduced bacterial growth ($<10^5$ CFU/mL vs. 10^7 CFU/mL in controls), protein degradation, and lipid peroxidation, while lowering acidification (2.8 vs. 4.5 g lactic acid/L). NE showed superior inhibition of *E. coli* and improved antioxidant protection (peroxide value < 2.0 meq O_2/kg fat). These results highlight the potential of cinnamon EO nanoemulsion as a clean-label preservative to enhance microbial safety and oxidative stability in milk and dairy systems.

Keywords: *Cinnamomum zeylanicum*, nanoemulsion, milk preservation, antimicrobial, antioxidant, clean-label.

CO8

Effets bénéfiques de la co-inoculation de consortiums bactériens sur la croissance et les réponses antioxydantes de trois cultivars de pois chiche (Cicer arietinum L.) soumis à un stress salin

Imen Hemissi[1], Amira Hachan[1], Hanen Arfaoui[1] et Mohamed Annabi[1]

[1] Laboratoire des sciences et techniques agronomiques (LR16INRAT05), Institut National de la Recherche Agronomique de Tunisie (INRAT), Université de Carthage.

Corresponding author: imen.hemissi@yahoo.fr

Abstract

La salinité constitue l'un des principaux facteurs abiotiques limitant la croissance et la productivité des cultures. Bien que le rôle bénéfique des rhizobactéries promotrices de la croissance des plantes (PGPR) soit largement documenté, les effets synergétiques de consortiums bactériens spécifiques, notamment ceux associant Streptomyces, Bacillus et Mesorhizobium, ainsi que leurs interactions génotype-dépendantes dans la régulation des mécanismes antioxydants sous stress salin, demeurent encore peu élucidés.La présente étude vise à évaluer l'efficacité de deux consortiums bactériens, C1 (*Bacillus subtilis* + *Mesorhizobium* sp. "Bj1") et C2 (*Streptomyces diastaticus* subsp. *diastaticus* + *Mesorhizobium* sp. "Bj1"), sélectionnés pour leurs activités complémentaires favorisant la croissance et la symbiose, dans l'atténuation des effets d'un stress salin induit par 100 mM de NaCl chez trois cultivars tunisiens de pois chiche (Amdoun, Béja 1 et Nour). Les résultats montrent que la salinité a significativement réduit la croissance, la teneur en chlorophylle et la nodulation des plantes non inoculées. En revanche, la co-inoculation a efficacement atténué ces effets négatifs, entraînant une amélioration notable de la biomasse aérienne et racinaire. Les consortiums ont également réduit les dommages oxydatifs, comme en témoignent les concentrations plus faibles de peroxyde d'hydrogène (H_2O_2) et de malondialdéhyde (MDA) par rapport aux témoins soumis au stress. Par ailleurs, l'inoculation a induit une régulation positive du système antioxydant enzymatique, avec une augmentation significative des activités de la superoxyde dismutase (SOD) et de la guaiacol peroxydase (GPX), selon une réponse modulée par le cultivar. Le cultivar Nour s'est distingué par une activation antioxydante particulièrement marquée suite à l'inoculation avec C1. En conclusion, la co-inoculation de consortiums bactériens constitue une approche agrobiologique prometteuse pour renforcer la tolérance au sel du pois chiche en stimulant sa croissance, en limitant le stress oxydatif et en optimisant les défenses enzymatiques antioxydantes. Ces résultats ouvrent des perspectives pour le développement de bioformulations efficaces adaptées aux conditions salines des zones arides et semi-arides.

Composition microbiologique et chimique de stupéfiants d'origine végétale

(1) Amel Bouanane- Darenfed , (1) Boudjema K., (1) Chekiri H., (1) Hafiane Z. et (2) Tahar Benayad

(1) Laboratoire de Biologie Cellulaire et Moléculaire, Equipe de Microbiologie, Faculté des Sciences Biologiques, USTHB, Alger. (2) Laboratoire de Contrôle Alimentaire et Environnement, Ben Aknoun (Alger)

Corresponding author: amel.bouanane_darenfed_fsb@usthb.edu.dz

Abstract

Les effets psychoactifs de certaines plantes entières comme la marijuana (sommités fleuries du chanvre indien), la coca (feuilles du cocaïer), les champignons hallucinogènes (végétal entier), ou résulter d'une production végétale grossièrement préparée comme le haschich (résine du chanvre) et l'opium (latex du pavot) sont provoqués par des substances chimiques qu'elles contiennent. Il s'agit d'alcaloïdes extraits des plantes et purifiés, conduisant à des drogues actives à très faible dose comme la cocaïne, la morphine, la mescaline, etc. Ils peuvent également être transformés chimiquement en produits de semi synthèse comme l'héroïne, encore plus actifs que leurs précurseurs naturels.

Notre étude a porté sur l'identification de trois substances stupéfiantes d'origine végétale : la cocaïne, la résine de cannabis et l'héroïne par des examens physiques chimiques, chromatographiques et spectrométriques et par la recherche et l'identification des germes microbiens susceptibles d'être présents.

Les spectres et chromatogrammes obtenus ont permis d'identifier : Les principaux composés des produits analysés, mais également la présence de nombreux produits de coupage. Les résultats de l'analyse microbiologique ont permis de retrouver plusieurs groupes microbiens, pour la plus part des pathogènes. Nous avons pu détecter la présence d'une flore assez variée qui va des Saprophytes aux pathogènes.

Malgré les interdictions, la consommation de ces produits est en nette augmentation dans le monde. Ainsi le cannabis reste la drogue interdite la plus prisée. Rappelons que ces produits consommés majoritairement sans surveillance, sont fumés, injectés ou snifés et peuvent causés des infections ou même des septicémies.

Keywords: Végétaux, Drogues, analyses, effets sur la santé

Session 3 :

Parasitologie Mycologie

Assessment of mixed biofilm formation by *Candida* spp. and *Staphylococcus aureus* co-isolated from pediatric pulmonary expectorations

Zahia BOUCHERIT-OTMANI [a], Karima GOURARI-BOUZOUINA[a], Imene BENDOUKHA[a] Abdelfatteh SEGHIR[a], Zakia Zahira KAZI TANI-BABA AHMED[a] and Kebir BOUCHERIT[a]

[a] *Antibiotics Antifungal Laboratory, Physico-Chemistry, Synthesis and Biological Activity (LapSab), Department of Biology, Faculty SNVSTU, University of Tlemcen, BP 119, Tlemcen 13000, Algeria*

Corresponding author: *zahia.otmani@univ-tlemcen.dz karimabouzouina@gmail.com* , *imenebendoukha31@gmail.com*, *safs.bio@gmail.com*, *zaketkazitani@gmail.com*, *boucheritkebir@yahoo.fr*

Abstract

This study aimed to characterize polymicrobial biofilms formed by *Candida* spp. and *S. aureus*, co-isolated from pulmonary sputum samples of Cystic fibrosis (CF) patients followed up at the Pneumology and Allergology Department of the SPH-Oran (Algeria)

Candida spp. and *Staphylococcus aureus*, collected from the same sputum samples, were evaluated for their biofilm-forming ability in terms of microbial density, metabolic activity, and structural organization. Biofilm biomass was measured using the crystal violet assay, while metabolic activity was determined via the MTT reduction assay. The architecture of the *C. tropicalis1/S. aureus24* biofilm was examined through scanning electron microscopy.

67 sputum samples were recovered from 28 CF children from western Algeria. The overall alteration rate was 96%, with the predominance of polymicrobial alterations (79.68%). Mixed yeast/Gram-positive bacteria alterations, which were the focus of our study, accounted for 23%. *Candida* spp. isolates demonstrated the ability to form mixed biofilms with *S. aureus*, with biomass and metabolic activity variations. The *C. tropicalis/S. aureus24* association exhibited the highest production of biofilm and metabolic activity, along with the *C. albicans17/C. rugosa/S. aureus7* in both single and mixed biofilms. Scanning electron microscope observations revealed the presence of a three-dimensional structure of the mixed biofilms formed by *C. tropicalis1*/*S. aureus24*, demonstrating that *S. aureus24* preferentially attached to the hyphal filaments of *C. tropicalis*1.

This study highlighted differences in biomass and metabolic activity. In mixed biofilms, *S. aureus* was observed adhering to the hyphal elements of *C. tropicalis*, which complicates the treatment of chronic infections in CF patients.

Keywords: Cystic fibrosis, mixed alterations, *Candida* spp, *S. aureus*, mixed biofilms

CO11

Transplacental Transmission of Aflatoxins: Mechanisms, Evidence, and Potential Health Implications for the Fetus

Sana ALIBI[1,2], Adem Bayoudh [3], Dhekra Toumi[3], Guiseppe Di Bella[4], Hedi Ben Mansour[2,5]

1 Faculty of sciences Gafsa, Tunisia. alibi_sana@hotmail.fr
2 Research Unit Analaysis and Process Applied to the environment UR17 ES32, Tunisia
3 Maternity and neonatology center, Monastir. dhekratoumi1982@yahoo.fr
4 University of Messina, Italy. giuseppa.dibella@unime.it
5 High institut of applied sciences and technology, Mahdia, Tunisia. hdbenmansour@gmail.com

Abstract:

Aflatoxins, secondary metabolites produced by *Aspergillus* species, are among the most potent naturally occurring toxins. Chronic exposure, especially in pregnant women, raises concerns about potential transplacental transmission and fetal toxicity.

In this study, occurrence of Aflatoxins (B1, B2, G1 and G2) in four human specimes : placenta, fetal blood, amniotic fluid and urine collected from 32 tunisian pregnant women was determined using HPLC-method.

Aflotoxin G1 was detected in almost all the samples studied with values ranging from 0 ,15ng/ml to 2,86ng/ml. All the samples were highly contaminated by the aflatoxin B1, the most dangerous toxin, reaching 86,63 ng/ml in a placenta sample.

Our results provide the first direct evidence of the actual transfer of Aflatoxins B1 and G1, and their metabolism aflatoxicol B2 and G2 from the mother to the fœtus which highlights the prenatal contamination by toxins involving health risks and eventual hepatic diseases evoluating to a cancer.

Key words: Alatoxin, placenta, fetus, transmission

CO12

Microbiological Insights into Vaginal *Candida* spp. during Pregnancy: Species Features and Antifungal Resistance

Wafa Bouglita[1,2,3], Sameh Rabhi[1], Natacha Raich[4], Cyrine Bouabid[1,2], Cyrine Belghith[5], Olfa Slimani[5], Chaima Hkimi[6], Kais Ghedira[6], Roger E. Karess[4], Lamia Guizani-Tabbane[1], Leila Attia5 and Imen Rabhi[1,3],

[1]Laboratoire de Parasitologie Médicale, Biotechnologie and Biomolecules, Institut Pasteur de Tunis, Tunis, Tunisia;
[2]Université Tunis El-Manar, 13 Place Pasteur -BP74, 1002 Tunis-Belvédère,Tunisia;
[3]Higher Institute of Biotechnology of Sidi Thabet, University of Manouba, Manouba, Tunisia;
[4]Université de Paris Cité, CNRS, Institut Jacques Monod, F-750013 Paris, France;
[5]Service de Gynécologie Obstétrique A, Hôpital Charles Nicolle, Faculté de Médecine de Tunis, Tunis, Tunisia;
[6]Laboratory of Bioinformatics, BioMathematics and Biostatistics (LR16IPT09), Pasteur Institute of Tunisia, University of Tunis, El Manar, 1002 Tunis, Tunisia.

Authors' email list:
Wafa Bouglita: wafabouglita@gmail.com, **Sameh Rabhi:** samehrabhi@gmail.com, **Natacha Raich :**natacha.raich@ijm.fr, **Cyrine Bouabid :** cyrine.bouabid@pasteur.utm.tn, **Cyrine Belghith:** cyrinebelghith2812@gmail.com, **Olfa Slimani:** slimani_olfa@yahoo.fr, **Chaima Hkimi:** hkimichaima27@gmail.com, **Kais Ghedira:** kais.ghedira@pasteur.tn, **Roger E. Karess:** roger.karess@ijm.fr, **Lamia Guizani-Tabbane :** lamia.guizani@pasteur.rns.tn, **Leila Attia :** leila.atmah@gmail.com, **Imen Rabhi:** imen.rabhi@pasteur.tn

Abstract:

The vaginal fungal microbiota is a key component of the genital ecosystem, where Candida species typically exist in a commensal state. However, during pregnancy, hormonal and immune changes may favor fungal overgrowth, thereby increasing the risk of vulvovaginal candidiasis (VVC). This common condition can be associated with adverse outcomes such as preterm birth and neonatal infections.

This study investigated the prevalence of *Candida* spp. colonization in the vaginal fungal microbiota of asymptomatic pregnant women in Tunisia and explored molecular markers associated with antifungal resistance. In a prospective cohort, 65 vaginal and endocervical swabs were obtained from consenting participants. Isolates were identified using microbiological and molecular approaches, and antifungal susceptibility was assessed. Quantitative gene expression (qRT-PCR) was performed to evaluate resistance-related genes, including *CDR1*, *ERG11*, *HWP1*, and *EPA3*. *Candida* colonization was detected in 37% (24/65) of the women, with *C. albicans* (61%) predominating over *C. glabrata* (39%). Fluconazole resistance was observed in 63% of *C. albicans* and 16% of *C.*

glabrata isolates, and resistant strains exhibited significant overexpression of resistance-associated genes.

These findings reveal a high prevalence of fluconazole-resistant *Candida* spp. in the vaginal microbiota of asymptomatic pregnant women, underscoring the need for resistance monitoring to support clinical management and reduce associated risks.

CO13

Investigation of genetic diversity and bacterial pathogens in human head lice populations in Tunisia

Dhekra Farjallah [1], Alissa Hammoud [2], Oleg mediannikov [3], Florence fenollar [2], Sameh Belgacem [1], Latifa Remadi [1 4], Hamouda Babba [1], Najoua Haouas [1*]

[1]Medical and Molecular Parasitology-Mycology Laboratory, Department of Clinical Biology B, Faculty of Pharmacy, University of Monastir, Tunisia. Farjallahdhekra5@gmail.com
[2] Institut Hospitalo-universitaire (IHU) Méditerranée Infection, Marseille, France. Aix Marseille Univ, AP-HM, SSA, RITMES, Marseille, France. alissa.h.hammoud@gmail.com
[3] Institut Hospitalo-universitaire (IHU) Méditerranée Infection, Marseille, France. Aix Marseille Univ, AP-HM, MEPHI, Marseille, France. IRD, Marseille, France
[4]Molecular Entomology Laboratory, Institute of Molecular Biology and Biotechnology, Foundation for Research and Technology, Hellas, Heraklion, Greece.

Corresponding author:
***Najoua Haouas**, Laboratory of Medical and Molecular Parasitology, Department of Clinical Biology B, Faculty of Pharmacy Monastir Tunisia/street 1, Avicenne 5000 Monastir, Tel:+216 73 461 000 Fax:+216 73 461 830, E-mail: najoua.h@laposte.net

ORCID iD: https://orcid.org/0000-0001-8853-352X

Background: Head lice (*Pediculus humanus capitis*) infest millions worldwide, with a prevalence of 17.5% recently reported among Tunisian schoolchildren. While body lice are recognized disease vectors, the role of head lice in pathogen transmission remains uncertain. No prior studies have examined their genetic diversity or bacterial carriage in Tunisia.

Objectives: To assess the genetic diversity of Tunisian head lice and investigate their potential as reservoirs for bacterial pathogens.

Methods: A total of 304 specimens were collected from 211 individuals across northern and central Tunisia. Haplotypes were identified, and molecular screening targeting several bacterial pathogens was performed using qPCR and sequencing.

Results: Phylogenetic analysis revealed two clades: Clade A (58.7%) and Clade B (41.3%), comprising five haplotypes. The most common were A17 (46.6%) and B36 (40.9%). Mixed clade infestations occurred in 4.6% of individuals. No classical louse-borne pathogens (*Rickettsia spp.*, *Bartonella quintana*, *Borrelia spp.*, *Yersinia pestis*, *Coxiella burnetii*, *Anaplasma spp.*) were detected. However, *Acinetobacter* DNA was identified in 28.9% of individuals, with *A. baumannii* confirmed in 15.5% of positive samples. Other detected species included *A. johnsonii*, *A. lowffii*, *A. schindleri*, and *A. variabilis*.

Conclusions: This first molecular survey of Tunisian head lice highlights notable genetic diversity, consistent with historical human migration between Africa and Europe. Although no established louse-borne pathogens were detected, the frequent detection of *Acinetobacter* spp., particularly the clinically relevant *A. baumannii*, suggests head lice may act as reservoirs for opportunistic bacteria. These findings underscore the need for enhanced surveillance of lice-associated microbes and their potential role in antimicrobial resistance.

Keywords: Head lice, *Pediculus humanus capitis*, genetic diversity, *Acinetobacter spp.*, Tunisia, bacterial pathogens, phylogenetic analysis

CO14

Diversité des hôtes de *Culicoïdes oxystoma* : nouvelles données pour la surveillance épidémiologique des arboviroses en Tunisie

ESSID Rania 1,SLAMA darine 1, SGHAIER Sofien 2, BABBA Hamouda 1,3

1 Laboratoire de Parasitologie Mycologie Médicale et Moléculaire, Département de biologie clinique B, Faculté de Pharmacie Monastir, Université de Monastir, Monastir, Tunisie
2: Laboratoire de virologie, Institut de Recherche Vétérinaire de Tunisie (IRVT), Tunis, Tunisie
3: Laboratoire du centre de Maternité et de Néonatologie de Monastir, Monastir, Tunisie

Corresponding author:
darineslama132@yahoo.fr, **raniaessid1999@gmail.com,** sghaiersoufien@yahoo.fr, **hamouda.babba@rns.tn**

Les *Culicoides* sont des petits diptères hématophages présents sur toutes les surfaces terrestres à l'exception de l'Antarctique. Malgré leur importance en tant que vecteurs d'agents pathogènes affectant surtout les animaux domestiques et sauvages, ils sont encore peu étudiés.

Notre étude explore la spécificité vecteur-hôte en analysant les préférences trophiques des femelles gorgées de l'espèce *Culicoides oxystoma*, un vecteur clé dans la surveillance des maladies transmises par ces insectes en Tunisie et dans le monde.

Deux régions tunisiennes ont été prospectées : Tozeur et Kairouan. Ainsi un total de 24366 moucherons adultes a été capturé à l'aide de deux types de pièges (CDC et OVI). 1345 femelles gorgées de l'espèce *Culicoides oxystoma* ont été isolées et soigneusement disséqués et montées entre lame et lamelle dans une goutte de mélange baume alcool phénol. Une partie de l'abdomen a été isolé pour l'extraction de l'ADN total afin d'identifier l'origine du repas sanguin. Au total, 108 femelles gorgées, ont été analysées et soumis à une amplification par PCR ciblant des fragments spécifiques du gène Cytb, suivie d'un séquençage et analyse des séquences obtenues. Cependant, les séquences d'ADN de seulement 56 individus (51,85%) ont été obtenues. L'analyse de ces séquences a révélé que ces moucherons se nourrissaient de divers mammifères, y compris les humains, avec une prédominance de l'espèce *Mus musculus* et *Bos taurus.*

Notre étude est la première du genre en Tunisie ainsi que dans le nord d'Afrique, visant à identifier une gamme diversifiée d'hôtes à partir duquel l'espèce *Culicoides oxystoma* prenait du sang.

Session 4 :

Microbiologie Clinique et Vétérinaire

CO15

Évolution alarmante du profil d'antibiorésistance de *Proteus mirabilis* : données épidémiologiques récentes à l'hôpital universitaire Tahar Sfar de Mahdia

The Alarming Rise of Antibiotic Resistance in Proteus mirabilis: Recent epidemiological data from Tahar Sfar University Hospital, Mahdia

Ikram El Ahmer[1,2,3], Arij Ellafi[1,2], Chourouk Chikh Ali[1,2], Maha Mastouri[1,3]

1. Hôpital universitaire Tahar Sfar, Service de Microbiologie, 5100, Mahdia, Tunisie
2. Université de Monastir, Faculté de pharmacie de Monastir, 5000, Monastir, Tunisie
3. Université de Monastir, Faculté de pharmacie de Monastir, Laboratoire de recherche Maladies transmissibles et substances biologiquement actives LR99ES27, 5000, Monastir, Tunisie

Corresponding author: ikram_elahmer@yahoo.fr

Proteus mirabilis est une entérobactérie pathogène opportuniste, causant diverses infections, principalement urinaires. L'émergence et la dissémination d'isolats multirésistants est un problème thérapeutique croissant. Cette étude a pour but de caractériser les souches de *P. mirabilis* isolées en milieu hospitalier et de réaliser un suivi de leur antibiorésistance.
Il s'agit d'une étude rétrospective conduite au service de microbiologie de l'hôpital universitaire Tahar Sfar de Mahdia du 01/09/2023 au 31/08/2025. Les souches bactériennes ont été identifiées par les techniques conventionnelles. La sensibilité aux antibiotiques a été déterminée selon les recommandations de l'EUCAST/CA-SFM. L'analyse des données était réalisée à l'aide des logiciels Excel et SPSS.
Un total de 287 souches non-redondantes de *P.mirabilis* a été documenté, isolé principalement des cultures des urines (47%), majoritairement du service des urgences (22,6%). La population étudiée englobe 215 patients avec une prédominance masculine et une moyenne d'âge de 44 ± 26,7 ans.
Un total de 42,5% des souches présentaient un phénotype sauvage sensible vis-à-vis béta-lactamines, soit seulement 36,6% au cours de la deuxième annné d'étude ($p<0,05$). De même, le taux de sensibilité à la ceftazidime a diminué de 96,5% à 76,6%. Treize souches étaient rapportées résistantes à l'imipénème. Les taux de résistance à la ciprofloxacine, la gentamine et le cotrimoxazole étaient de 16,8%, 19,8% et 27,1% respectivement.
Notre étude met en évidence une progression alarmante des résistances de *P. mirabilis* et souligne la nécessité d'une surveillance épidémiologique et d'une utilisation plus rationnelle des antibiotiques pour limiter la propagation des souches multirésistantes.

Résultat du contrôle de Qualité de Bactériologie- Tunisie 2021

Asma Gnouma[1], Imen Mkada[2], Mouna Mejri[3], Safa Bouwazra[4]

1- Faculté des Sciences de Tunis, Université de Tunis el Manar
2- Faculté des Sciences de Bizerte, Université de Carthage
3- Unité des Laboratoires de Biologie Médicales (ULBM), Ministère de la Santé
4- Centre de Greffe de Moelle Osseuse- Ministère de la Santé

Résumé

Contexte et objectif : Conformément à l'arrêté du ministre de la santé publique du 22 janvier 2010, le ministère organise annuellement des contrôles nationaux de la qualité (CNQ) pour les analyses microbiologiques. Cette étude présente les résultats du CNQ de bactériologie effectuée en 2021 au sein de l'Unité des Laboratoires de Biologie Médicale (ULBM).

Matériel et méthodes : Six souches bactériennes de référence ont été préparées et répliquées sur milieu gélosé : 2 *Escherichia coli*, 2 *Enterococcus faecalis*, 1 *Staphylococcus aureus* et 1 *Klebsiella pneumoniae*. Chaque laboratoire participant a reçu de manière aléatoire et confidentielle 2 souches parmi les 6 disponibles, avec pour mission de procéder à leur identification et à la réalisation d'un antibiogramme

Résultats : L'identification des souches témoins a été correcte pour 86,09 % des laboratoires participants. Concernant l'antibiogramme, les résultats ont été satisfaisants pour les souches d'*E. coli* (90 % de bonnes réponses), mais plus modestes pour les autres souches (maximum 85 % de bonnes réponses).

Un troisième test portait sur la recherche de bacilles acido-alcoolo-résistants à partir de deux frottis d'expectoration fixés non colorés. Sur les 262 laboratoires participants ayant reçu deux échantillons parmi quatre possibles (lame négative, lame positive +, lame positive ++ et lame < 10 comptable), 79 % des résultats ont été jugés corrects (415 réponses correctes sur 524 réponses reçues).

Mots clés

Contrôle national de qualité (CNQ), bactériologie, antibiogramme, identification bactérienne, Bacilles acido-alcoolo-résistants

Apport du panel syndromique BioFire® dans le diagnostic microbiologique rapide des infections

O.Layeb, H,Laajailia, S.Abbes, M.Zribi

Laboratoire de microbiologie, CHU La Rabta, Tunis

Introduction: Le systèmeBioFire® est une PCR multiplexe permettant l'identification rapide des pathogènes associés aux syndromes infectieux courants.Cette étude évalue sa performance et son apport clinique comparés aux méthodes de culture classiques en milieu hospitalier.
Méthodes: Une étude prospective monocentrique a été menée au laboratoire de microbiologie du CHU La Rabta sur 104prélèvements analysés par BioFire entre mars et septembre2025, afin d'évaluer ses performances et sa concordance avec la culture bactérienne conventionnelle.
Résultats: Les échantillons provenaient majoritairement de la réanimation(38%), des maladies infectieuses(21%) et de la pédiatrie(17%). L'âge moyen était de 45ans avec un sexe ratioH/F=1,8.Les prélèvements étaient majoritairement pulmonaires(59,6%),suivis des LCR(28%), hémocultures(7%), prélèvements respiratoires(8,6%)et de selles(2cas).Sur 104échantillons,51,9% étaient positifs au BioFire,45,2% négatifs et 2,9%invalides.
Le panel*Pneumoniae*(74%) dominait, avec le coronavirus(30%),le rhinovirus(20%), *H. influenzae*(22,5%) et *S.aureus*. Le panel*Méningitis*(11,1%) montrait une diversité d'agents, principalement HSV-1,CMV,pneumocoque et méningocoque. Le panelRespiratoire(3cas) était dominé par des virus tels que le métapneumovirus,VRS et rhinovirus. Le panelHémoculture(3cas) révélait des germes variés: *Stenotrophomonas.maltophilia* et *Acinetobacter baumannii*.Les panelsArticulaire et Gastro-intestinal(1cas chacun) ont respectivement isolé un SARM et une co-infection Campylobacter/E.colientéropathogène.
La comparaison avec la culture sur 29échantillons positifs au BioFire montre une concordance de22% surtout pour *Acinetobacter.baumannii* et *Pseudomonas.aeruginosa*, avec78 % de discordances liées à des bactéries fastidieuses(*Mycoplasma*,*H.influenzae*).Dix-huit faux négatifs ont été rattrapés. Le panelMéningitis était plus concordant, notamment pour les streptocoques, tandis que celui des hémocultures l'était surtout pour *Stenotrophomonas.maltophilia* et *Acinetobacter.baumannii*.

Conclusion: Le panel BioFire offre une sensibilité accrue et une bonne concordance avec la culture,tout en permettant une détection rapide des pathogènes et une antibiothérapie ciblée précoce,surtout en soins intensifs.

Les bactéries multi-résistantes à l'EHS S. Zemirli

Touarti Dj., Belakehel H.

Résumé :

Les BMR sont des bactéries fréquentes au niveau des unités d'hospitalisation, leur prise en charge est difficile par le nombre restreint de l'arsenal thérapeutique, la surveillance des BMR est une priorité internationale avec les *Staphylococcus aureus* résistant à la méticilline, les entérobactéries productrices de B lactamase à spectre élargi, *Pseudomonas aeruginosa* et *Acinetobacter baumannii* résistants aux Blactamines et aux les fluoroquinolones. La situation se complique avec les bactéries hautement résistantes émergeantes(BHRe) dont les entérobactéries résistantes aux carbapénémes et *Enterococcus faecium* résistant à la vancomycine. L'objectif de ce travail a été de donner les différentes BMR et BHRe selon les espèces bactériennes et leur prédominance dans les différents services de l'EHS S. Zemirli

Il s'agit d'une étude rétrospective du 01 janvier au 31 décembre 2024.
Les différents prélèvements ont été réalisés dans un but diagnostic, chez les malades hospitalisés au niveau de l'EHS S. ZEMERLI
Toutes les souches suspectes ont bénéficié d'une identification biochimiques et un test de sensibilité aux antibiotiques selon les normes CLSI 2023.
Les bactéries sont retrouvées avec des prédominances qui varient selon les services et des profils de BMR importants :
Staphylococcus aureus 38,8% SARM dont 40,3% au niveau du service d'orthopédie avec 57% SARM.
Acinetobacter baumannii avec 47% au niveau du service de la réanimation 96,77% de résistance à la ceftazidime et l'imipéneme.
Klebsiella pneumoniae avec 40% au niveau du service de la réanimation avec 53% de BLSE et 36% de BHRe.
Pseudomonas aeruginosa 44% au niveau du service d'orthopédie dont 26% de résistance à l'imipeneme.
Escherichia coli 44% au niveau du service de chirurgie générale avec 16% de BLSE et seulement 04% de BHRe.
Le taux de BMR ne cesse d'augmenter, l'absence de nouveaux antibiotiques, doit nous faire réfléchi à un usage plus rationnel des antibiotiques et donner une plus grande place à la prévention et l'hygiène au milieu hospitalier.

Antibiotic and antiseptic resistance genes in methicillin resistant *Staphylococcus aureus* clinical strains

Rim Werheni Ammeri[1,2], Yosra Chebbi[1,2], Salma Abbassi[3], Eya Mahjoub[1], Anis Raddaoui[1,2], Siwar Frigui[1,2], Meriem Zribi[4], Wafa Achour[1,2]

[1]Service des Laboratoires, Centre National de Greffe de Moelle Osseuse, 1006, Tunis, Tunisie
[2]LR18ES39, Faculté de Médecine de Tunis, Université Tunis El Manar, 1006, Tunis, Tunisie
[3]Service de Microbiologie, Hôpital La Rabta, 1006, Tunis, Tunisie

Abstract

Hospital-acquired *Staphylococcus aureus* infections are a persistent global concern. The widespread use of biocides in healthcare settings to control contamination may select biocide and antibiotic resistant strains. This study aimed to determine the prevalence of both antiseptic and antibiotic resistance genes in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) strains. It included 50 randomly chosen MRSA strains, responsible of infection, isolated at the National Bone Marrow Transplant Center of Tunisia (NBMTC) (N=25) and the Rabta Hospital (N=25), between 2016 and 2024. Bacterial identification was performed using conventional methods. Antibiotic susceptibility testing was determined by disk diffusion method, according to the CA-SFM guidelines. Antibiotic and antiseptic resistance genes were detected by PCR assay (*mec*A, NorA, smr, qacC and qacA/B, qacEΔ1/sul1 and emr). MRSA strains were mainly isolated, respectively, in the NBMTC vs La Rabta hospital, from blood culture (N=5 vs N=12) and pus (N=6 vs N=4). All strains were positive for *mec*A gene. Resistance genes observed, in the NBMTC vs La Rabta hospital, were respectively, of 92% vs 60% for *nor*A, 72 % vs 52 % qacEΔ1/sul1, 35 % vs 28 % emr, 16% vs 8% for *smr*, 16% vs 8 % for *qac*C and 16 % vs 12 for qac A/B. This study showed high prevalence, in clinical MRSA strains, of resistance genes, encoding efflux pumps, responsible for cross resistance between antiseptics and antibiotics. This resistance can compromise the effectiveness of hospital hygiene measures.

Keywords: *Staphylococcus aureus*, Methicilline resistance, Antiseptics, Antibiotics, Susceptibility, Resistance genes

Analyse métagénomique de la flore muqueuse respiratoire chez les poulets de chair COBB 500 en Algérie

DRICI Amine El-Mokhtar

Département de Biologie, Faculté des sciences de la Nature et de la Vie, Université Djilali Liabès de Sidi Bel Abbes, Algérie,

E-mail : drici.amine@gmail.com

Contexte : Les maladies respiratoires chez les poulets de chair impactent la production, mais le microbiote respiratoire est mal caractérisé. Nous avons profilé la flore de la muqueuse respiratoire supérieure de deux lots de poulets de chair COBB 500 (l'un sain, l'autre présentant des symptômes respiratoires sous traitement) du même élevage par séquençage d'amplicons d'ARNr 16S (V2–V3). L'étude a été menée à l'Université Djilali Liabès (Algérie) dans le respect des normes d'éthique animale.

Méthodes : L'ADN des écouvillons muqueux a été séquencé par Illumina et analysé dans QIIME2. Un contrôle de séquençage négatif a donné des lectures négligeables, confirmant une contamination minimale.

Résultats : Le lot sain présentait une richesse bactérienne plus élevée (4 700 contre 1 435 séquences uniques) et une plus grande diversité (indice de Shannon plus élevé) que le lot malade. La composition de la communauté différait sensiblement. Le lot sain était dominé par Rothia nasimurium (~55 % des séquences) et contenait des agents pathogènes respiratoires connus comme Ornithobacterium rhinotracheale (~6 %) et Mycoplasma synoviae (~0,3 %). En revanche, le microbiome du lot malade était dominé par Lactobacillus spp. (>50 %), avec une diminution relative de Rothia (~20 %) et une quasi-absence d'Ornithobacterium et de Mycoplasma. Enterococcus cecorum (~12 %) était abondant dans les deux lots, et Gallibacterium anatis était plus répandu dans le lot malade (2,1 % contre 0,4 %).

Conclusions : Les maladies respiratoires (et le traitement antibiotique) étaient associées à une réduction de la diversité microbienne et à un changement des genres dominants. Le troupeau malade présentait une dysbiose (prolifération de Lactobacillus et perte de diversité commensale), tandis que le troupeau sain conservait un microbiote plus diversifié (incluant des agents pathogènes potentiels porteurs). Cette première étude métagénomique de la flore respiratoire des poulets de chair en Algérie fournit des données de base pour comprendre la santé et les maladies respiratoires des volailles.

Session 5 :

Antibiorésistance et Antimicrobiens

CO21

Antimicrobial Resistance Profile of Klebsiella pneumoniae and Escherichia coli isolates

from CBEU Samples at Beja University Hospital: ESBL Phenotypes and Resistance Mechanisms

Chourouk IBRAHIM[1,2,3], Mohamed Salah ABBASSI[4], Hadhemi CHAOUCH KORKAD[2], Salah HAMMAMI[5], Ismail Trabelsi[2], Abdennaceur HASSEN[2].

[1] Medical Biology laboratories Unity, Ministry of Health, Tunisia;
[2] Centre of Research and Water Technologies (CERTE), Laboratory of Treatment and Valorization of Water Rejects (LTVRH), 8020 Techno Park of Borj-Cédria, Tunisia
[3] Microbiology Laboratory, Beja University Hospital, Beja,Tunisia;
[4] Tunisian Veterinary Research Institute, 1006 Tunis, Tunisia
[5] National School of Veterinary Medicine at Sidi-Thabet, 2020 Tunis, IRESA, University of Manouba, Tunisia

Abstract

This study investigated 147 *Klebsiella pneumoniae* and 338 *Escherichia coli* isolates collected from urine samples between January and November 2023 at the bacteriology laboratory of Béja University Hospital (Tunisia). Bacterial isolation was performed using Drigalski and Uriselect 4 media, and identification was confirmed with the API 10S system. Antimicrobial susceptibility and ESBL detection were assessed using the disc-diffusion method following CLSI guidelines.

PCR screening targeted genes encoding β-lactamases (blaCTX-M-grp1, blaCTX-M-grp9, blaCTX-M-grp8, blaTEM, blaSHV), tetracycline resistance (tetA, tetB, tetC), quinolone resistance (qnrA, qnrB, qnrS, aac(6')-Ib, qepA), sulfonamide resistance (sul1), and integrons (class 1 and 2).

High resistance rates were observed among *K. pneumoniae* isolates to ampicillin (52%), amoxicillin-clavulanic acid (68%), and piperacillin (81%). *E. coli* isolates showed similar resistance to β-lactams, notably amoxicillin-clavulanic acid (71%) and piperacillin (60%), but lower resistance to other antibiotic classes.

Overall, 28 (19%) *K. pneumoniae* and 45 (13%) *E. coli* isolates were identified as ESBL producers. The predominant ESBL gene was blaCTX-M-grp1, found in 53% of *K. pneumoniae* ESBL strains. Co-resistance genes (tetA, sul1, qnrB, qnrS, aac(6')-Ib-cr) and class 1 integrons were also detected.

These findings reveal alarming resistance levels, especially to β-lactams, and underscore the urgent need for continuous monitoring and innovative antimicrobial stewardship strategies.

Keywords: *Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli*, urinary infection, antimicrobial resistance, ESBL.

CO22

Whole-genome sequence analysis of carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae* recovered from hospitalized patients in Tunisia

Safia Dahmen[1,2], Saoussen Oueslati [2], Houcemeddine Othman [3], Imen Chatti [1], Olfa Bouzgarrou [4], Hajer Rhim [1,4], Thierry Naas [2] and Maha Mastouri [14]

(1) Laboratory of transmitted diseases and biologically active substances (LR99ES27), Faculty of Pharmacy, Monastir, University of Monastir, Tunisia.
(2) Team ReSIST, INSERM U1184, School of Medicine, Université Paris-Saclay, LabEx LERMIT, 94270 Le kremlin-Bicêtre, France.
(3) Laboratory of Cytogenetics, Molecular Genetics and Biology of Human Reproduction, University Hospital Farhat Hached, Sousse, Tunisia.
(4) Fattouma Bourguiba University Hospital, Laboratory of Microbiology, Monastir, Tunisia.

Objectives: Carbapenems are considered the last-resort antibiotics for treating infections caused by multidrug-resistant *Enterobacteriaceae*. With the increasing use of carbapenems in clinical practice, the emergence of carbapenem-resistant pathogens poses a great threat to human health. This study presents antibiotic resistance genes, plasmid replicons, multilocus sequence typing and virulence genes of clinical carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae* (CRE) recovered from 2021 to 2022 from hospitalized patients in Fattouma Bourguiba University Hospital of Monastir, Tunisia. **Methods**: Whole-genome sequencing (WGS) using an Illumina NextSeq 500 was performed on clinical CREs (including *K. pneumoniae*, *Enterobacter hormaechei*, *E. coli*, and *Citrobacter freundii*), followed by in silico analysis.

Results: $bla_{\text{OXA-48}}$ (32%) and $bla_{\text{OXA-48-like}}$ genes were among the detected resistance determinants, with fifteen isolates co-harbouring $\text{bla}_{\text{NDM-5}}$. Various bla_{NDM} variants, $\text{bla}_{\text{NDM-1}}$ (50%) and $bla_{\text{NDM-5}}$, different ESBLs, and AmpC β-lactamases were detected. Carbapenem resistance determinants were linked to a variety of incompatibility groups, with IncFIB being the most prevalent, followed by IncFIIK, IncR, IncL, and IncX3. Phylogenetic analysis based on core genome SNPs illustrated that *K. pneumoniae* and *Enterobacter hormaechei* are closely related. **Conclusion:** This study underscores the importance of monitoring the dissemination and prevalence of clinically relevant carbapenemase-encoding plasmids in healthcare settings.

CO23

Etude de la prévalence *d'Escherichia coli* productrice de bêta-lactamase à spectre étendu dans les points de ventes de poulets vivants dans la région de Sousse

Meriem MAHER MTIBAA[1,2], Sana AZAIEZ[1,2], Jean-Yves Madec[3], Marisa Haenni[3] et Wejdene Mansour[1,2]

[1] Université de Sousse
[2] Laboratoire de Recherche Biophysique Métabolique et Pharmacologie Appliquée, LR12ES02, Faculté de
Médecine Ibn El Jazzar de Sousse, Tunisie
[3]ANSES-Laboratoire de Lyon, Unité AVB, Lyon, France.

Résumé

En Tunisie, la production de poulets de chair a presque doublé entre 2000 et 2024, passant de 73 639 tonnes à 147 569 tonnes. Cette expansion, portée par une forte demande en viande blanche, s'est accompagnée d'un usage intensif d'antibiotiques, tant à des fins préventives que comme promoteurs de croissance. Afin d'évaluer l'impact de cette utilisation sur la dissémination de bactéries résistantes, une étude épidémiologique a été menée dans les points de vente de poulets vivants du gouvernorat de Sousse.

Des écouvillons cloacaux (n=372) ont été collectés, incubés puis ensemencés sur un milieu sélectif contenant des antibiotiques.

L'analyse a permis d'isoler 263 souches d'*Escherichia coli* productrices de BLSE et 11 souches de *Klebsiella pneumoniae* résistantes. L'étude phylogénique des isolats d'*E. coli* a montré la présence majoritaire du phylogroupe A (n = 101), suivi des groupes D (n = 78), B1 (n = 69) et B2 (n = 15).

L'étude de la clonalité par PFGE des souches de *K. pneumoniae* a révélé la prédominance d'un clone majeur (8 souches) et de 3 clones distincts. Chez *E. coli*, l'analyse par PCR-MLVA a mis en évidence 27 clones communs et 17 clones uniques, traduisant une grande diversité génétique mais également une dissémination clonale importante.

Le séquençage génomique complet des souches isolées est maintenant requis afin de caractériser de manière précise et détaillée les clones circulant et les mécanismes de résistance impliqués dans la filière avicole tunisienne.

Antimicrobial Potential and Mechanistic Insights of *Artemisia vulgaris* and *Laurus nobilis* Aqueous Extracts

Marwa Taboui[a,b*], Mohamed Mendili [a,d], Ayda Khadhri [d] and **Chedia Aouadhi** [a,c]

[a]University of Jendouba, Higher Institute of Biotechnology of Beja (ISBB), Habib Bourguiba Avenue, 9000 Beja, Tunisia.

[b]University of Jendouba, Higher Institute of Biotechnology of Beja, Laboratory Functional Physiology and Bio-resources Valorization, Avenue Habib Bourguiba, BP 382, 9000 Beja, Tunisia.

[c]University of Tunis El Manar (UTM), Pasteur Institute of Tunisia, Laboratory of Epidemiology and Veterinary Microbiology. Group of Bacteriology and Biotechnology, BP 74, 13 place Pasteur, Belvédère, 1002 Tunis, Tunisia.

[d]University of Tunis El Manar, Faculty of Sciences, Plant, Soil, Environment Interactions Laboratory, Campus Academia, 2092 Tunis, Tunisia.

*Email : chediaaouadhi@yahoo.fr

ABSTRACT

This study conducted a comparative evaluation of the phenolic composition, antioxidant capacity, and antimicrobial properties of aqueous extracts derived from *Artemisia vulgaris* and *Laurus nobilis*. Phytochemical profiling revealed that *A. vulgaris* was markedly richer in total polyphenols (308.11 ± 2.24 mg GAE/g DW), flavonoids, flavanols, and proanthocyanidins compared to *L. nobilis*. In *A. vulgaris*, chlorogenic, caffeic, syringic, ellagic, and ferulic acids, as well as rutin, were detected, whereas *L. nobilis* displayed a lower diversity of phenolics but a relatively higher content of ferulic acid. Antioxidant assays showed that *A. vulgaris* exhibited significantly stronger DPPH radical scavenging activity, while both plants displayed similar ferric reducing antioxidant power (FRAP). Antimicrobial testing demonstrated that *A. vulgaris* exerted more potent inhibitory and bactericidal activities against Gram-positive and Gram-negative bacteria, with notable killing kinetics. Mechanistic analyses indicated that both extracts compromised bacterial membrane integrity, enhanced susceptibility to osmotic stress, and induced leakage of nucleic acids and proteins, with effects being more pronounced in *A. vulgaris*. Overall, these results highlight *A. vulgaris* as a valuable source of hydrophilic phenolics with strong antimicrobial potential, whereas the bioactivity of *L. nobilis* is likely linked to its volatile constituents, meriting further investigation.

Keywords: *Artemisia vulgaris*; *Laurus nobilis*; phenolic profile; membrane disruption; phytotherapy

CO25

Etude de l'activité antibactérienne de deux souches de *Lactobacillus* isolées à partir du l'urine de chamelle

Noura Elmnasser[1], Tarek Zmantar[1], Wafa Hassen[2], Sihem Bayar[1], Mejdi Snoussi[3,4], Hassan Bouzidi[1]

[1] Laboratoire d'Analyse, Traitement et Valorisation des Polluants de l'Environnement et des Produits. Faculté de Pharmacie de Monastir, 5000 Monastir. Tunisie.

[2] Laboratoire de Traitement et Valorisation des Rejets Hydriques Centre de Recherches et des Technologies des Eaux, 8020 Soliman, Tunisie.

[3]Département de Biologie, Université de Hail, College de Science, P.O. Box 2440, 2440 Hail, Arabie Saoudite.

[4]Laboratoire de Génétique, Biodiversité et Valorisation des Bioressources, Institut Supérieur de Biotechnologie de Monastir, 5000 Monastir, Tunisie.

La persistance de la contamination microbienne et la formation de biofilms dans les environnements médicaux et agroalimentaires constituent un défi majeur pour la santé publique mondiale. Ces phénomènes favorisent la résistance des micro-organismes aux traitements antimicrobiens classiques et soulignent l'urgence de développer de nouvelles stratégies à la fois sûres, naturelles et efficaces.
Dans ce contexte, la présente étude a porté sur l'isolement et la caractérisation de souches de *Lactobacillus* issues d'urine de chamelle, dans le but d'évaluer leur potentiel antimicrobien et anti-biofilm. Deux isolats, désignés S1 et S2, ont été obtenus. L'identification morphologique, biochimique et moléculaire par PCR multiplex a permis de déterminer qu'il s'agissait respectivement de *Lactobacillus rhamnosus* (S1) et de *Lactobacillus plantarum* (S2).
L'analyse enzymatique (API-ZYM) a mis en évidence la production d'enzymes variées impliquées dans le métabolisme des glucides, des lipides, des protéines et des phosphates. Les tests d'adhésion in vitro ont révélé une capacité moyenne d'attachement des deux souches aux surfaces en polystyrène, suggérant un bon potentiel de colonisation.
Les essais d'activité antagoniste, réalisés par la méthode des puits, ont démontré que les deux souches possèdent une activité antibactérienne marquée contre plusieurs pathogènes, avec des zones d'inhibition comprises entre 11,5 et 20 mm. *Pseudomonas aeruginosa* s'est révélée être la souche la plus sensible, avec des valeurs de concentration minimale inhibitrice (CMI) et bactéricide (CMB) de 3 % et 4 % respectivement.
Par ailleurs, les deux isolats ont montré une activité anti-biofilm remarquable, inhibant la formation de biofilms de *P. aeruginosa* et *Escherichia coli* de plus de

80 % (BI_{50} = 83,54–90,44 % pour *P. aeruginosa* et BE_{50} = 84,97–87,66 % pour *E. coli*).

Dans l'ensemble, ces résultats démontrent que les souches *L. rhamnosus* et *L. plantarum* ainsi que leurs métabolites extracellulaires représentent des candidats prometteurs pour le développement d'alternatives biologiques destinées à la prévention et à la maîtrise des infections causées par des pathogènes multirésistants et producteurs de biofilm.

Mots clés : *Lactobacillus*, urine du chamelle, activité enzymatique, activité antagoniste, adhésion, activité anti-biofilm.

Isolation and characterization of bacteriophages targeting carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* from Tunisian hospital

Auteurs: **Ahlem Khachroub Mahjoub[1,2]**, Marisa Haenni[3] , Jacob Diderich[1], Aurélie Leroux[4], ,Damien Thiry[1] and Wejdene Mansour[2]

[1] Veterinary Bacteriology and Bacterial Animal Diseases, Department of Parasitic and Infectious Diseases, Centre for Fundamental and Applied Research for Animals and Health (FARAH), University of Liège, Liège, Belgium
[2] Laboratory of Biophysical Research, Metabolic Pharmacology and Applied Pharmacology, Faculty of Medicine Ibn Al Jazzar Sousse, University of Sousse, Sousse, Tunisia
[3] ANSES - University of Lyon, Bacterial Antibiotic Resistance and Virulence Unit, Lyon, France
[4]ANSES, Ploufragan-Plouzané-Niort Laboratory, Bacterial Antibiotic Resistance and Virulence Unit, 22440 Ploufragan, France

mahjoubahlem@hotmail.com

The global burden of antimicrobial-resistant *Klebsiella pneumoniae*, especially the increase of carbapenemase-producing strains (CRKP), presents a rising challenge to public health. These bacteria commonly harbored the carbapenemase-encoding genes on mobile genetic elements, thereby promoting further resistance dissemination and severely subsequently limiting treatment options.
From March to September 2024, a total of 58 CRKP was recovered from a hospital in Sousse, Tunisia and investigated using PCR, antimicrobial susceptibility (CLSI), whole genome sequencing (Illumina technology). Resistance genes (*blaNDM-5*, *blaOXA-48*, *blaCTX-M-15*) and plasmids (IncF, IncL) were detected as well as the major capsular types KL51 and KL64 associated with the high-risk ST147 clone. Eight wastewater samples were screened for phages targeting the dominant capsular types. Thirteen phages were enriched and isolated by double layer agar technique with titers between 2.3×10^{6} PFU/ml to 2.8×10^{9} PFU/ml. Preliminary genomic analysis have indicated that nine of these phages were obligately lytic. Most of the phages had a high efficiency of plating (≥ 0.5) and also a rapid adsorption ($\leq$10 min for 90% of particles, $k = 1.5\times10^{-8}$ mL/min).
These results highlight the importance of combining bacterial molecular epidemiology to phage isolation to counteract multidrug-resistant *K. pneumoniae*, paving the way for personalized phage cocktail design.

Session 6 :
Microbiologie Fondamentale

Genetic variants of the transporter octn1 are associated with higher abundance and increased proinflammatory capacity of *Fusobacterium nucleatum* in colorectal cancer.

Samah Chouaibi[1,2], Veronica Fertitta[1], Leila Njim[3], Khadija Zhouari[4], Maha Mastouri[2] , Yosr Kadri[2], and Giovambattista Pani[1,5].

1. Department of Translational Medicine and Surgery, Faculty of Medicine, Università Cattolica del Sacro Cuore, Largo Francesco Vito, 1, 00168 Rome, Italy;
2. Laboratory of Transmissible Diseases and Biologically Active Substances LR99ES27, Faculty of Pharmacy, University of Monastir, Monastir 5000, Tunisia;
3. Department of Pathological Anatomy and Cytology, Fattouma Bourguiba University Hospital, 1st June Avenue, 5000 Monastir, Tunisia;
4. Colorectal diseases research unit, Monastir University, 5000 Monastir, Tunisia;
5. Fondazione Policlinico Universitario A. Gemelli IRCCS, L. go A. Gemelli 8, 00168 Rome, Italy;

Abstract

Intestinal microbiota affects colorectal cancer (CRC) development, but its interaction with the host's genetic profile in tumorigenesis is largely unknown. We quantified the CRC-associated pathobiont *Fusobacterium nucleatum* (*F. nucleatum*) and the commensal *Escherichia coli* (*E. coli*) in 99 cases of archival colorectal cancer and adjacent normal mucosa. Tissues were genotyped for the OCTN1 SNP c1672t. Colorectal cancer stem cells were engineered to overexpress OCTN1 and exposed *in vitro* to *F. nucleatum* infection. *F.nucleatum* was similarly present in colorectal cancer tissues and the adjoining normal mucosa. However, the *F. nucleatum*/*E. coli* ratio was significantly higher in tumors (303.82 versus 30.86, p-value = 0.0396). Importantly, the *F. nucelatum*/*E. Coli* ratio steadily increased with the number of mutant OCTN1 alleles (23.48, 159.56, and 211.03 for 0, 1 or 2 T alleles, respectively; p= 0.0215) in tumors versus healthy mucosa. Overexpression of OCTN1 in colon cancer stem cells enhanced their proinflammatory response to *F. nucelatum in vitro*, supporting a mechanistic link between *F.nucelatum* and the transporter. Genetic variants of the intestinal carrier OCTN1 shape the intratumor microbiota in favor of a pro-carcinogenic pathobiont, likely by enhancing the response of cancerous cells to bacterially derived inflammatory signals.

CO28

Anti-inflammatory properties of bacterial exopolysaccharides produced by Lactobacillus plantarum issued by probiotics *in a murine model*

Authors: **Mariem Mouelhi**[1], Nadia Leban[2], Wisaal Rouihem[1], Hassen Bouzidi[1], Abdelkarim Mahdhi[1]

[1] Laboratory of Analysis, Treatment and Valorization of Pollutants of the Environment and Products (LATVPEP). Faculty of Pharmacy, University of Monastir, 5000. Tunisia: meryem.mouelhi@gmail.com, rwyhemwyssal116@gmail.com, bouzidihassan@yahoo.fr, abdelkarim_mh@yahoo.fr
[2] Laboratory of Human Genome and Multifactorial Diseases, Faculty of Pharmacy of Monastir, University of Monastir, Monastir 5000, Tunisia: lebannadia@yahoo.fr

Abstract
Exopolysaccharides (EPS) from lactic acid bacteria have recently emerged as promising natural bioactive molecules with immunomodulatory effects. The aim of this study was to investigate their anti-inflammatory potential in vivo. EPS were administered to mice and tested in a xylene-induced ear oedema model, and cytokine levels were quantified by ELISA. At 100 mg/kg, EPS reduced ear oedema by 63.3%, a stronger effect than aspirin (31.7%) but less potent than dexamethasone (83.3%). Moreover, EPS significantly decreased pro-inflammatory cytokines (IL-2, IL-6, IL-5, IL-17A, IFN-γ, TNF-α, and G-CSF) and modulated anti-inflammatory mediators (IL-4, IL-10, IL-13, and TGF-β1). These findings suggest that EPS exert both anti-inflammatory and immunoregulatory actions, highlighting their potential as natural therapeutic agents against acute inflammation.

Identification de deux nouvelles peptidases (SAPN et SAPV) bactériennes ayant un intérêt biotechnologique

Bouacem Khelifa [1,2], Mechri Sondes[3], Allala Fawzi[1], Nateche Farida[1], Bouanane-Darenfed Amel[1], and Jaouadi Bassem[3].

[1] *Laboratoire de Biologie Cellulaire et Moléculaire (LBCM), Equipe de Microbiologie, Faculté des Sciences Biologiques (FSB), Université des Sciences et de la Technologie Houari Boumediene (USTHB), B.P 32, El Alia, Bab Ezzouar, 16111 Algérie.*
[2] *Département de Biochimie-Microbiologie, Faculté des Sciences Biologiques et des Sciences Agronomiques, Université Mouloud Mammeri de Tizi Ouzou*
[3]*Laboratoire des Biotechnologies Microbiennes et Enzymatiques et de Biomlécules (LBMEB), Centre de Biotechnologie de Sfax (CBS), Université de Sfax (USF), Rue de Sidi Mansour, B.P 1177, Sfax 3018, Tunisie.*
Adresse email khelifa.bouacem@ummto.dz ; kbouacem@usthb.dz

Deux nouvelles peptidases nommées SAPN et SAPV produites respectivement à partir de la souche *Melghiribacillus thermohalophilus* Nari2A^T gen. nov.,s p. nov., isolée à partir de chott Melghir (Wilaya d'El Oued) et la souche *Virgibacillus natechei* FarD^T sp. nov., isolée à partir de la sebkha de Taghit (Wilaya de Béchar) ont été purifiées et caractérisées. Les techniques de purification, utilisées dans ce travail, ont permis d'aboutir à des solutions enzymatiques homogènes ayant des masses moléculaires de 30 kDa (SAPN) et 31 kDa (SAPV) déterminées par SDS-PAGE et HPLC. Le séquençage de leur extrémité NH_2-terminales montre une forte homologie avec les peptidases à sérine de *Bacillus*. L'optimum de l'activité protéase de SAPN est obtenu à pH 10 et à 75°C contre pH 9 et à 60°C pour SAPV. Les deux enzymes se distinguent par une large spécificité vis-à-vis des substrats protéiques naturelles et modifiés ainsi que des peptides synthétiques. Elles présentent également une stabilité remarquable en présence des osmolytes NaCl et KCl. La protéase SAPV présente une stabilité et compatibilité remarquable avec les détergents liquides et solides par rapport aux enzymes commerciales. Également, l'ajout de la protéase SAPV à la solution détergente améliore les performances des détergents Class et iSiS dans le sens d'une meilleure décoloration des taches du sang, du chocolat et du jaune d'œuf. La SAPN est aussi une meilleure candidate pour la récupération de la chitine à partir des coproduits de crevette blanche « *Metapenaeus monoceros* » et le crabe bleu « *Portunus segnis* »

Mots clés : Peptidases ; Bactéries ; Purification, Séquençage, Détergence.

COMMUNICATIONS AFFICHEES

Microbiologie Environnementale et Industrielle

CA01

La mer, vecteur de contaminants microbiologiques : Etude de cas de la région de mahdia

Sana ALIBI[1,2], Sabrine AFSA[2], Amel JEBARA[2], Ferdawes FENNI[2], Hedi BEN MANSOUR[2]

[1] Faculté des sciences de Gafsa, Tunisie . alibi_sana@hotmail.fr
[2] Analyses et Procédés appliqués à l'environnement, UR17ES3, Tunisie.
hdbenmansour@gmail.com

Résumé :
Riche en iode et sels minéraux, l'eau de mer présentent plusieurs bénéfices sur la santé humaine. Cependant, actuellement, les zones côtières sont de plus en plus affectées par la pollution causée par les activités humaine qui perturbent les processus microbiens et détériorent la qualité de l'eau.
Notre travail s'est concentré sur l'évaluation de la contamination microbiologique dans la côte de Mahdia, l'estimation le taux de la résistance aux antibiotiques et d'identifier l'origine de cette contamination.
Les analyses ont confirmé l'existence d'une contamination microbiologique importante de la côte de Mahdia. Des espèces bactériennes, particulièrement *Enterococcus feacalis*, ont montré une résistance accrue à plusieurs classes d'antibiotiques. Nos travaux ont également suggéré que les rejets d'eaux usées, en particulier les effluents hospitaliers, sont la source majeure de cette contamination.
En conclusion, les contaminations microbiologiques des eaux représentent une menace majeure à laquelle sont soumis les milieux littoraux Tunisiens.

Mots clés : Eau ; Contamination ; Bactérie ; Résistance ; Côte

CA02

Extraction and characterization of exopolysaccharides produced by Lactobacillus plantarum issued by probiotics

Authors: Mariem Mouelhi[1], Wisaal Rouihem[1], Nadia Leban[2], Hassen Bouzidi[1], Abdelkarim Mahdhi[1]

[1] Laboratory of Analysis, Treatment and Valorization of Pollutants of the Environment and Products (LATVPEP). Faculty of Pharmacy, University of Monastir, 5000. Tunisia: meryem.mouelhi@gmail.com, rwyhemwyssal116@gmail.com, bouzidihassan@yahoo.fr, abdelkarim_mh@yahoo.fr
[2] Laboratory of Human Genome and Multifactorial Diseases, Faculty of Pharmacy of Monastir, University of Monastir, Monastir 5000, Tunisia: lebannadia@yahoo.fr

Abstract

Exopolysaccharides (EPS) produced by lactic acid bacteria have attracted increasing attention due to their functional properties and potential applications in the food, pharmaceutical, and biomedical fields. The aim of this study was to extract and characterize EPS produced by *Lactobacillus plantarum* 899. EPS were isolated from the culture supernatant by ethanol precipitation, purified by dialysis, and subsequently lyophilized. Structural characterization was performed using Fourier-transform infrared spectroscopy (FTIR), which revealed the presence of characteristic functional groups of polysaccharides, confirming their carbohydrate nature. In addition, size-exclusion chromatography (SEC) analysis showed that EPLB (36 kDa) exhibited low polydispersity (Đ = 1.12) and high intrinsic viscosity, reflecting a homogeneous and stable structure.

CA03

Fungal strains from goat milk as a source of extracellular enzymes.

ASMANI Katia Louiza[1, 2], ZAREB Amina[2], TALEB Kahina[2, 3], AOUCHICHE Melissa[2], HADDAD Kenza[2], DJELLOULI Mustapha[4, 5], BOUACEM Khelifa[2, 6].

[1]Laboratory of Ecology, Biotechnology and Health, Faculty of Biological and Agronomic Sciences, Mouloud Mammeri University of Tizi-Ouzou (UMMTO), Algeria. katialouiza.asmani@ummto.dz
[2]Department of Biochemistry and Microbiology, Faculty of Biological and Agronomic Sciences, Mouloud Mammeri University of Tizi-Ouzou (UMMTO), Algeria. katialouiza.asmani@ummto.dz, amina.zareb@ummto.dz; kahina.taleb@ummto.dz; khelifa.bouacem@ummto.dz
melissaaouchiche2000@gmail.com; kenza2020haddad@gmail.com
[3]Laboratory of Analytical Biochemistry and Biotechnology, Mouloud Mammeri University of Tizi-Ouzou (UMMTO), Algeria. kahina.taleb@ummto.dz
[4]Laboratory of Environment and Sustainable Development, Faculty of Natural and Life Sciences, Ahmed Zabana University of Relizane, Bourmadia 48000, Relizane, Algeria. mustapha.djellouli@univ-relizane.dz
[5]Laboratory of Biochemistry, Molecular Biology and Environmental Toxicology, Faculty of Medicine, Abdelhamid Ibn Badis University of Mostaganem, Kharouba 27000, Mostaganem, Algeria. mustapha.djellouli@univ-relizane.dz
[6]Laboratory of Cellular and Molecular Biology (LBCM), Microbiology Team, Faculty of Biological Sciences, University of Science and Technology Houari Boumediene (USTHB), Algeria. khelifa.bouacem@ummto.dz

Abstract:

Goat milk, whose composition is close to that of human milk, is well known for its nutritional qualities, digestibility, and richness in bioactive components. It exerts beneficial effects on the immune system and provides a favorable substrate for the development of a diverse microbial flora, including yeasts and filamentous fungi. This microflora influences both the microbiological quality and the technological properties of derived dairy products. In this context, the present study aimed to isolate fungal strains from raw goat milk and to evaluate their ability to produce extracellular enzymes. A total of 29 fungal isolates were obtained from raw goat milk. Microscopic examination revealed notable diversity, including the genera *Aspergillus*, *Cladosporium*, *Fusarium*, *Scopulariopsis*, and *Geotrichum*, with *Penicillium* and *Trichophyton* as the predominant taxa. Some isolates could not be identified morphologically, as they did not exhibit distinctive structures under microscopic observation; these may be affiliated with new taxa. Certain strains also demonstrated tolerance to salinity up to 10% NaCl. Enzymatic screening highlighted the ability of most isolates to produce various extracellular enzymes such as amylases, pectinases, cellulases, chitinases, and proteases. These results demonstrate the high

potential of these isolates for practical applications in biotechnology, such as improving bread making, fermenting dairy products, and producing industrial enzymes.

Keywords: Fungal strains, Extracellular enzymes, Goat milk, Biotechnology.

CA04

Valorisation of black cumin seed cake : Antimicrobial, biological and physicochemical properties

Ahlem Ben Sassi[a], Samar Aouina[a], Sarra Msehli[a], Maha Mastouri[a]

[a] Laboratoire des Maladies Transmissibles et Substances Biologiquement Actives, Faculté de Pharmacie, Université de Monastir, rue Avicenne, 5000 Monastir, Tunisie.

Corresponding author's e-mail : ahlem_ben_sassi@yahoo.fr

Black cumin is an herb that is commonly used in the treatment of various diseases. A byproduct is produced when oil is extracted from seeds. The objective of this study is to assess the physicochemical characteristics and biological activities of black cumin seed cake that is generated using the cold press technique. The seed cake had a moisture content of 7.26% and it contained a crude protein content of 26.82%, while its crude fat content was 15.85%. The total phenol, flavonoid and tannin contents were 3.31 mgGAE/gDW, 3.58 mgCE/gDW and 24.29 mgCE/gDW, respectively. The extract of seed cake was analyzed for antibacterial activity by agar disk diffusion and liquid agar dilution methods against *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli* and *Bacillus subtilis*. The antibacterial assay showed that the extract was found to have a positive effect on most bacterial strains tested with MIC of 25 mg/ml. The seed cake extract that had been prepared was tested for antioxidant activity using the DPPH and ABTS radical scavenging tests and reduction power. The extract exhibited a pronounced antioxidant activity with IC50 ranging from 19,10 to 143,06 mg/ml. Regarding the allopathic effect, the extract completely inhibits seed germination and the growth of canary seedlings at a concentration of 40 mg/ml. Thus, the black cumin seed cake could be used as a material for pharmaceutical and agricultural purposes.

Keywords : Antibacterial; black cumin; biological activities; physicochemical parameters; seed cake extract.

CA05

Évaluation de la cinétique d'adsorption microbienne des eaux usées par les argiles HJ1 et AM activée à l'HCl

Hakima Gharbi-Khelifi[a,b], Firas Fki[c], Mahjoub Aouni[a], Maha Mastouri[a]

[a]LR99-ES27, Faculté de Pharmacie de Monastir, Université de Monastir, Tunisie
[b]Département de Biotechnologie, Faculté des Sciences et Techniques de Sidi Bouzid. Université de Kairouan. Tunisie
[c]Laboratoire des Bioprocédés Environnementaux, Centre de Biotechnologie de Sfax, Université de Sfax, Tunisie.
E-mail: hakimakhlifi32@gmail.com

Résumé

Cette étude vise à évaluer l'efficacité de deux argiles naturelles, HJ1 et AM activée à l'acide chlorhydrique (HCl), dans la réduction de la charge microbiologique des eaux usées traitées.

Les analyses bactériologiques ont porté sur les germes totaux (GT), les coliformes totaux (CT), les coliformes fécaux (CF), ainsi que sur les levures, moisissures et staphylocoques. Les essais ont été effectués à différents temps de contact (15, 30, 60, 120, 240, 420 et 1440 minutes) afin de suivre la cinétique d'adsorption microbienne.

Les résultats ont montré que les deux argiles assurent une élimination progressive et significative des micro-organismes pathogènes, sans relâchement après adsorption. L'argile AM activée à l'HCl s'est révélée plus performante, atteignant un taux d'élimination de 100 % pour les coliformes fécaux et totaux dès 60 minutes, contre 240 minutes pour HJ1. De même, pour les moisissures et les germes totaux, les taux d'abattement ont atteint respectivement 100 % après 120 minutes et 420 minutes avec AM, traduisant une cinétique plus rapide.

Ces résultats confirment le potentiel des argiles locales, notamment de l'AM activée, comme adsorbants naturels efficaces pour la dépollution microbiologique des eaux usées, contribuant ainsi à la valorisation de matériaux naturels dans le traitement durable des effluents.

Mots clés : Eaux usées traitées ; Argile activée ; Paramètres microbiologiques ; Adsorption ; Cinétique d'abattement.

CA06

Potentiel des substances polymériques extracellulaires pour le traitement durable des eaux contaminées

Jihen Elleuch[1*], Marwa Drira[2], Imtinen Ghribi[2], Farah Hadjkacem[1], Philippe Michaud[3], Imen Fendri[2], Slim Abdelkafi[1]

[1] Université de Sfax, Ecole Nationale d'ingénieurs de Sfax, Laboratoire de Génie Enzymatique et Microbiologie, Sfax, 3000, Tunisie
[2] Université de Sfax, Faculté des Sciences de Sfax, Laboratoire de Biotechnologies végétales appliquées à l'amélioration des cultures, Sfax, 3000, Tunisie
[3] Université Clermont Auvergne, CNRS, Institut Pascal, F-63000 Clermont-Ferrand, France

*E-mail: jihen.elleuch@enis.tn

Résumé :

La transition vers une économie circulaire dans le domaine de traitement des eaux nécessite le développement de biomatériaux biodégradables, performants et respectueux de l'environnement. Dans ce contexte, les substances polymériques extracellulaires produites par les microalgues apparaissent comme des biopolymères naturels multifonctionnels particulièrement prometteurs.

Cette étude met en évidence le potentiel des substances polymériques extracellulaires extraites de deux microalgues autochtones pour la dépollution des eaux polluées. Les substances polymériques extracellulaires ont été obtenues par précipitation à l'éthanol et caractérisées par FTIR, spectroscopie Raman, GC–MS et analyse du potentiel zêta.

Les tests de biosorption ont révélé de fortes capacités d'élimination de métaux lourds, atteignant jusqu'à 170 % (w/w). Plusieurs groupements fonctionnels ont été identifiés comme sites majeurs de fixation des métaux lourds. Par ailleurs, les substances polymériques extracellulaires ont montré une efficacité de floculation élevée (jusqu'à 82 % à 5 mg/L), renforcée par la présence de cations. Leur pouvoir émulsifiant s'est également confirmé, avec une stabilisation de plus de 90 % d'émulsions huile/eau, même en conditions salines (10 % NaCl).

Ces résultats confirment l'intérêt des substances polymériques extracellulaires de microalgues comme biosorbants, biofloculants et bioémulsifiants naturels pour un traitement intégré et durable des eaux. Leur valorisation s'inscrit dans une approche d'éco-conception et d'économie circulaire, réduisant la dépendance aux polymères synthétiques. Les perspectives concernent l'optimisation de la production, l'intégration dans des matériaux composites et l'évaluation en effluents complexes.

Mots-clés : substances polymériques extracellulaires ; Métaux lourds ; Floculation ; Émulsification ; Économie circulaire ; Traitement des eaux.

Microbiologie Agricole et Alimentaire

Optimization Study Using Central Composite Design: Effect of Potassium Sorbate on Raw Milk Microbiological Quality

Chedia Aouadhi[a,b*], Samar Brahmi[b] and Abderrazak Maaroufi[b]

[a]University of Jendouba, Higher Institute of Biotechnology of Beja (ISBB), Habib Bourguiba Avenue, 9000 Beja, Tunisia.
[b]University of Tunis El Manar (UTM), Pasteur Institute of Tunisia, Laboratory of Epidemiology and Veterinary Microbiology. Group of Bacteriology and Biotechnology, BP 74, 13 place Pasteur, Belvédère, 1002 Tunis, Tunisia. *Email : chediaaouadhi@yahoo.fr

Abstract

The use of natural preservatives such as potassium sorbate has gained increasing attention as a strategy to control microbial growth in raw milk and extend its shelf life. This study investigated the antimicrobial efficacy of potassium sorbate in raw cow's milk using a central composite design. Microbiological responses were evaluated as logarithmic reductions in total bacterial count, coliforms, aerobic spores, psychrotrophic bacteria, yeasts, and molds. The optimal microbial reductions achieved were 4.8 log for total bacteria, 2 log for coliforms, 4.8 log for psychrotrophic flora, 1 log for spores, and 0.5 log for yeasts and molds. These effects were obtained at potassium sorbate concentrations of 0.1–0.2% after incubation at 4 °C for 4 h 40 min. The antimicrobial action varied among microbial groups and increased with both sorbate concentration and incubation time. Overall, potassium sorbate significantly reduced foodborne microorganisms while maintaining raw milk quality, underscoring its potential as an effective preservation strategy to enhance the safety, stability, and marketability of dairy products.

Keywords: *Potassium sorbate; Incubation time; Milk Quality; Antibacterial effect; Total bacteria count*

Phytochemical composition, *in vitro* biological activities and *in situ* preservative potentialities of *Laurus nobilis* L. essential oil on raw red meat

Olfa Ben Braïek[1,2], Ibrahim Djelassi[1], Maha Mastouri[1]

[1]: Laboratory of Transmissible Diseases and Biologically Active Substances (LR99ES27), Faculty of Pharmacy of Monastir, University of Monastir, 5000, Monastir, Tunisia (*Email : olfa_bbraiek@yahoo.fr)
[2]: Faculty of Sciences and Techniques of Sidi Bouzid, University of Kairouan

Abstract

The objectives of this work were to extract the essential oil (EO) from laurel leaves (*Laurus nobilis* L.), determine its phytochemical composition by GC-MS, assess its biological activities through *in vitro* assays, and apply it for the *in situ* biopreservation of raw red meat (minced beef) during 10 days at 4°C. The extraction was carried out by hydrodistillation with the Clevenger apparatus and the yield was 1.22%. The GC-MS identified 22 chemical compounds in this EO with 57.04% of oxygenated monoterpens and confirmed that its chemotype was 1,8-cineole. Moreover, *Laurus nobilis* L. EO showed potent *in vitro* biological activities. Indeed, laurel EO displayed interesting antimicrobial activities ($P<0.05$) against 13 Gram-positive and Gram-negative bacteria and one yeast (*Candida albicans*) with inhibition zone diameters ranging from 14.67±0.44 mm to 35.00±0.00 mm. Furthermore, laurel EO exhibited strong *in vitro* antioxidant activities using DPPH and ABTS tests that were highly significant ($P<0.05$) than those of ascorbic acid. In regards to its *in situ* application in raw minced beef meat, laurel EO allowed an effective ($P<0.05$) antimicrobial activities against aerobic plate counts and Enterobacteriaceae, significantly ($P<0.05$) inhibited the formation of metmyoglobin (MetMb), and relatively stabilized ($P<0.05$) the sensory quality of treated red meat in terms of color, odor and appearance. Hence, findings obtained herein demonstrated that *Laurus nobilis* L. EO could extend the shelf life of refrigerated raw beef meat up to 7 days at 4°C suggesting its future use as natural preservative in the meat industry.

Keywords: Essential oil, *Laurus nobilis* L., GC-SM, Antimicrobial activity, Antioxidant activity, Biopreservation, Red meat.

CA09

Détection et caractérisation des bactéries responsables des pathologies en pisciculture de *Sparus aurata* et *Dicentrarchus labrax* en Tunisie

DENDEN Ikbel*, RJEB Amel, MASTOURI Maha.

Laboratory of Transmissible Diseases and Biologically Active Substances, LR99 ES27, Faculty of Pharmacy of Monastir, Tunisia.
*denden_ikbel@yahoo.fr

Résumé

Ce travail vise à identifier et caractériser les bactéries impliquées dans les pathologies de la daurade royale (*Sparus aurata*) et du loup de mer (*Dicentrarchus labrax*) en pisciculture marine en Tunisie. Sur un total de 87 échantillons analysés, 24 (27,6%) étaient infectés par des bactéries pathogènes. Cinq espèces principales ont été isolées : *Vibrio alginolyticus*, *Aeromonas hydrophila*, *Vibrio vulnificus*, *Vibrio parahaemolyticus* et *Photobacterium damselae*. Les souches isolées ont ensuite été caractérisées phénotypiquement et génotypiquement. Les résultats ont montré une hétérogénéité des caractéristiques phénotypiques au sein et entre les espèces pathogènes. L'analyse génotypique a révélé la présence de gènes de virulence, tels que *toxR* chez *V. parahaemolyticus* et *vvhA* chez *V. vulnificus*.

Mots-clés : Pisciculture marine, Aquaculture, *Sparus aurata*, *Dicentrarchus labrax*, bactéries, virulence.

Parasitologie Mycologie

Preliminary Inventory of Endoparasites in the Vulnerable *Ammotragus levia* from the Djelfa Hunting Reserve, Algeria

OUARDIA CHAHEB LAIN[1], NORA KHAMMES- EL HOMSI[1] & FARID BOUNACEUR[2]

[1] Laboratoire d'Ecologie et Biologie des Écosystèmes Terrestre. Faculté des Sciences Biologiques et Sciences Agronomiques. Université Mouloud Mammeri Tizi Ouzou 15000 Algérie. Tel : 05 58 29 47 16. E-mail : ouardia.chaheblain@ummto.dz
[1] Laboratoire d'Ecologie et Biologie des Écosystèmes Terrestre. Faculté des Sciences Biologiques et Sciences Agronomiques. Université Mouloud Mammeri Tizi Ouzou 15000 Algérie. E-mail : n_khammes@hotmail.com
[2] Equipe de recherche Biologie de la conservation en zones arides et semi arides. Laboratoire Agronomie & Environnement. Institut des Sciences de la Nature et de la vie Université de Tissemsilt 38000 Algerie. E-mail: fbounaceur@yahoo.fr

Abstract

Ammotragus levia, a vulnerable ungulate endemic to North Africa, is maintained in the Djelfa hunting reserve (near Aïn Maabed, ~20 km north of Djelfa province), within a semiarid ecological zone. As part of a broader study parasitic dynamics, this preliminary survey aimed to document the diversity of parasitic taxa currently affecting the population.

Between May and June 2024, 50 fecal samples were randomly collected and examined using direct smears and sodium chloride flotation techniques. The inventory revealed a range of protozoan and helminth parasites, including *Eimeria sp*, amoebic cysts (presumed *Entamoeba sp*), *Balantidium sp*, cestode eggs, *Nematodirus sp* and a presumed *Dicrocoelium dendriticum*.

These findings contribute to the parasitological profiling of *Ammotragus levia* in captivity and provide a foundation for future seasonal assessments. Future phases will incorporate quantitative metrics such as prevalence and intensity to support targeted health management and conservation planning.

Keywords: *Ammotragus levia*; endoparasites inventory; Djelfa Hunting Reserve, conservation

Séroconversion toxoplasmique au T3 : un risque persistant pour le nouveau-né

Oumaima Sassi, Fida Maatallah, Rania Maatoug, Karim Aoun, Aida Bouratbine, Rym Ben Abdallah

Laboratoire de parasitologie, Institut Pasteur de Tunis
Email : sassioumaima96@gmail.com

Introduction :
La surveillance sérologique de la toxoplasmose est primordiale chez les femmes enceintes séronégatives. Le risque de transmission fœtale en cas de séroconversion tardive reste élevé. L'objectif de notre étude était d'étudier les caractères clinico-radiologique, biologiques et thérapeutiques des toxoplasmoses congénitales (TC) suite à des séroconversions au 3ème trimestre (T3).

Matériel et méthodes :
Il s'agit d'une étude rétrospective réalisée au laboratoire de Parasitologie de l'Institut Pasteur de Tunis sur une période de 4 ans (2022–2025). Elle a inclus toutes les femmes enceintes ayant présenté une séroconversion toxoplasmique au T3. Le suivi postnatal a été effectué par ELISA et/ou Western blot (WB).

Résultats :
Douze femmes ont été incluses. Aucune femme n'a bénéficié d'un diagnostic anténatal. Toutes ont reçu un traitement préventif sauf une, la séroconversion ayant été diagnostiquée au post-partum. Le diagnostic de la TC a été retenue chez 6 nouveau-nés (NN). Trois devant la présence des IgM au-delà de J10 de vie par ELISA et 3 devant la positivité du WB durant les 3 premiers jours de vie ; 2 positifs en IgG et IgM et 1 en IgM seulement. Le suivi clinico-radiologique des cas de TC était normal et tous ont bénéficié d'un traitement actif durant un an. Un seul NN a présenté une granulopénie. Le diagnostic de TC a été écarté chez les 6 NN restants devant la négativation des IgG maternels durant le suivi sérologique.

Conclusion :
La sensibilisation des femmes enceintes au risque de la séroconversion per gravidique reste primordiale pour éviter la transmission materno-fœtale et ses complications potentiellement graves.

In vitro susceptibility of *Leishmania major* clinical isolates to pentavalent antimonial (Glucantime®) and analysis of the expression of three target genes (MRPA, GCS, AQP1) in Tunisia

Nihel Cherni [1], **Hala Baba** [1], Latifa Remadi [1 2], Amara Jemli [3], Hamouda Babba [1], Najoua Haouas [1*]

[1]Medical and Molecular Parasitology-Mycology Laboratory, Department of Clinical Biology B, Faculty of Pharmacy, University of Monastir, Tunisia, halabababiologie@gmail.com ; nihelcherni1999@gmail.com
[2]Molecular Entomology Laboratory, Institute of Molecular Biology and Biotechnology, Foundation for Research and Technology, Hellas, Heraklion, Greece.
Corresponding author:
[*]**Najoua Haouas**, Laboratory of Medical and Molecular Parasitology, Department of Clinical Biology B, Faculty of Pharmacy, University of Monastir, Tunisia/street 1, avicenne 5000 Monastir, Tel: +216 73 461 000, Fax:+216 73 461 830, E-mail; najoua.h@laposte.net

Background: Pentavalent antimonials, primarily Glucantime®, are the first line treatment of leishmaniasis all over the world. However, toxicity, severe side effects and drug resistance remain the main causes hindering the control of this disease. In Tunisia, zoonotic cutaneous leishmaniasis (CL) continues to be a serious public health issue. Since many decencies, treatment has been limited to Glucantime® and cases of resistance to treatment were reported.
Objectives: To assess the susceptibility profile of *Leishmania (L.) major* isolates to Glucantime® using two approaches: one phenotypic (*in vitro* susceptibility of *Leishmania* promastigotes using the microdilution method) and one molecular (analysis of the RNA expression level of MRPA, AQP1, and GCS genes involved in antimony metabolism)
Methods: Clinical *Leishmania* isolates were obtained from CL patients and typed using PCR-RFLP of ITS1 region to confirm the species. Glucantime® *in vitro* susceptibility was evaluated by a microdilution method. Quantitative reverse transcription polymerase chain reaction (qRT-PCR) was used to measure the mRNA levels of MRPA, AQP1, and GCS genes associated with antimony (Sb) resistance.
Findings: A total of 13 *L. major* clinical isolates were isolated and tested. The in vitro susceptibility profile of these isolates was similar to that of the sensitive reference strain, with IC_{50} values ranging from 4.38 to 11.62 mg/mL and an average resistance index of 0.8. Expression analysis of MRPA, γ-GCS, and AQP1 showed a mosaic pattern, with overexpression of different genes affecting distinct subsets of isolates. However, the overall expression profile supports a sensitive phenotype in the majority of isolates.

Conclusion: By combining two complementary approaches—phenotypic and molecular—this study demonstrated that *Leishmania* isolates circulating in Tunisia predominantly exhibit a susceptibility to pentavalent antimony. However, larger-scale studies using advanced technologies such as next-generation sequencing (NGS) are necessary to confirm these findings and to gain deeper insights into the resistance mechanisms of this protozoan

Key words: Leishmania major; antimony susceptibility, Gene expression, Quantitative Real-Time PCR

Microbiologie Clinique et Vétérinaire

CA13

Épidémiologie et microbiologie des infections urinaires masculines : étude rétrospective au CHU La Rabta

O.Layeb, H,Laajailia, A.Znazen, M.Zribi

Laboratoire de microbiologie, CHU La Rabta, Tunis

Introduction:Les infections urinaires (UI) masculines constituent un défi diagnostique et thérapeutique en raison de leurs particularités anatomiques et de leur lien fréquent avec les facteurs de risque hospitaliers. Ce travail vise à décrire leurs caractéristiques épidémiologiques et microbiologiques dans notre établissement.

Matériels et méthodes :Étude rétrospective, monocentrique, menée au laboratoire de microbiologie du CHU La Rabta. Tous les prélèvements urinaires réalisés chez les patients de sexe masculin entre janvier2024 et juillet2025 ont été inclus. Les données démographiques, la provenance hospitalière et les germes isolés ont été analysés.

Résultats:Un total de12962 prélèvements urinaires masculins a été colligé, correspondant à57,6% de total des prélèvements urinaires pendant cette période.

Le taux global de positivité était de10,6% dont 4,9% des patients présentaient au moins deux épisodes infectieux au cours de la période étudiée témoignant de la récurrence des IU masculines.

Par ailleurs,21,7%des IU masculines étaient liées au soins(N=300).

Sur le plan microbiologique, les entérobactéries dominaient largement, avec *Escherichia coli* en tête(43,8%), suivi de *Klebsiella pneumoniae*(19,5%) et *Enterococcus faecalis*(7,6%).

Le service le plus incriminé était la médecine d'urgence(39,4%des cas),suivi par l'urologie(28,7%), la néphrologie(6,9%) et l'anesthésie-réanimation(5,8%).

Parmi les1375 épisodes d'IU masculines, un total de 70 décès ont été enregistrés. L'analyse microbiologique des décès révèle une nette prédominance des bacilles à Gram négatif, dominés par Klebsiella pneumoniae(34%).

Conclusion: Ces résultats soulignent non seulement la prédominance des germes classiques mais également l'importance des infections récurrentes et nosocomiales, mettant en évidence la nécessité d'une surveillance épidémiologique continue et d'une optimisation des pratiques de prévention et de prise en charge.

Investigation of dual-species biofilm interactions between *Candida glabrata* and *Klebsiella pneumoniae* co-isolated from a peripheral venous catheter using scanning electron microscopy and Raman mapping

Abdelfettah Seghir[1*], Abdeselem Benahmed[1] Fayçal Dergal[2,3], Anisse Chiali[4,5] , Zahia Boucherit-Otmani[1]

[1] Laboratory of Antibiotics Antifungals: Physico-chemistry, Synthesis and Biological Activity, Department of Biology, Tlemcen University, BP119 Imama, Tlemcen, Algeria
[2] Center for Scientific and Technical Research in Physico-chemical Analysis (CRAPC). BP 384, industrial zone 42004 Tipaza, Algeria
[3] Laboratory of Catalysis and Synthesis in Organic Chemistry BP 119, University of Tlemcen, Algeria
[4] Higher School of Applied Sciences of Tlemcen, ESSA-Tlemcen, 13000 - Algeria
[5] Renewable Materials and Energies Unit (URMER), University of Tlemcen, Algeria
*E-mail : safs.bio@gmail.com

Abstract

Polymicrobial biofilm infections, especially associated with medical devices such as peripheral venous catheters, are challenging in clinical settings for treatment and management. In the current study, we planned to analyze in vitro dual-species biofilms formation capacity by *C. glabrata* and *K. pneumoniae* co-isolated from the same peripheral venous catheter using Scanning electron microscopy. We also employed Raman mapping to study the distribution of biofilm formed on the bottom of microplate wells.

Our results revealed that *C. glabrata* can form mixed biofilms with *K. pneumoniae in vitro* on the bottom of microplate wells, as confirmed by scanning electron microscopy. Additionally, using Raman mapping, we showed the distribution of both species in mono- and dual-species biofilms. The results obtained from single-species biofilms mapping showed that the percentages of Coverage at the bottom of microplate wells were 99% for bacteria and 56% for yeast. On the other hand, the Raman Mapping of mixed biofilms revealed a heterogeneous distribution of *C. glabrata* and *K. pneumoniae*. The percentages of Coverage were 45% for Yeast and 44% for bacteria. Raman mapping allows the separation of superimposed microorganisms to obtain a real distribution of dual-species biofilm (*C. glabrata* covered 65% and *K. pneumoniae* 71%).

Keywords: *Candida glabrata*, *Klebsiella pneumoniae*, mixed biofilm, Scanning electron microscopy, Raman microscopy mapping

Propagation d'un foyer épidémique au virus du Nil occidental dans l'Est algérien : état des lieux épidémiologique et approche de diagnostic biologique.

Auteurs : Amel BOUARICHA [1] (amelbouaricha23@yahoo.com), Nassima DJAHMI [2] (djahmin@yahoo.fr) , Sabrina NEDJAI [3] (nedjaisabrina@yahoo.fr). 1.2.3 (Faculté de Médecine Université Badji Mokhtar ANNABA Algérie.)

Texte :

Fin août 2024, une épidémie de virus du Nil occidental (VNO) a été enregistrée dans l'Est algérien, marquée par un nombre important de cas humains. Le VNO, flavivirus transmis principalement par les moustiques *Culex*, est responsable d'infections asymptomatiques dans la majorité des cas, mais peut évoluer vers des formes neuro-invasives graves.

Au CHU d'Annaba, 136 patients suspects ont été explorés à visée diagnostique. Les analyses sérologiques et moléculaires ont permis de confirmer environ **30 % de cas positifs**, parmi lesquels près de **60 % présentaient des formes neuro-invasives**. L'évolution clinique a montré que la majorité des patients se sont rétablis, tandis qu'environ **25 % ont conservé des séquelles neurologiques** et **10 % sont décédés**.

Le diagnostic s'est avéré difficile, en raison du caractère non spécifique des manifestations cliniques et de la virémie souvent transitoire. L'utilisation combinée de la sérologie (IgM/IgG spécifiques) et de la RT-PCR sur différents prélèvements, notamment le LCR, le sang et l'urine, a permis d'améliorer la détection des cas.

Ces résultats illustrent l'impact sanitaire majeur du VNO dans la région et soulignent l'urgence de renforcer la surveillance épidémiologique, d'optimiser les méthodes diagnostiques et de sensibiliser les structures de santé à une prise en charge précoce et adaptée. La compréhension de cette épidémie contribue à améliorer la préparation face à d'éventuelles futures flambées en Algérie.

Etude des altérations buccodentaires polymicrobiennes chez les enfants cancéreux de l'ouest et du sud-ouest Algérien

Zahia BOUCHERIT-OTMANI [a], Karima GOURARI-BOUZOUINA[a], Rania BENMOSTEFA DAHO[a], and Kebir BOUCHERIT[a]

[a] Antibiotics Antifungal Laboratory, Physico-Chemistry, Synthesis and Biological Activity (LAPSAB), Department of Biology, Faculty SNVSTU, University of Tlemcen, BP 119, Tlemcen 13000, Algeria
zahia.otmani@univ-tlemcen.dz karimabouzouina@gmail.com , fafarania9180@gmail.com, boucheritkebir@yahoo.fr

Résumé

L'objectif de cette étude est la recherche des altérations buccodentaires polymicrobiennes chez les enfants cancéreux de l'ouest et du sud-ouest Algérien, hospitalisés au service d'oncologie pédiatrique de l'EHS d'Oran-Algérie.
30 enfants âgés de 2 à 15 ans (16 garçons et 14 filles), sont inclus dans cette étude. Les prélèvements ont été effectués sur la plaque dentaire et sur la langue en cas de présence de mucite.
Les bactéries isolées ont été identifiées par Viteck2 et les levures par AUXACOLOR ™ 2.
Pour les tests de sensibilité, nous avons suivi la méthode du e-test pour les bactéries et la microdilution pour les levures.
Les 39 prélèvements effectués ont tous présenté une culture positive. Les altérations polymicrobiennes abritant deux ou plusieurs espèces sont majoritaires (82%).
Les altérations levures/bactéries Gram- sont dominantes (57,14%) et sont majoritairement rencontrées chez les filles âgées de 10 à 15 ans.
Quatre-vingt-sept (87) espèces microbiennes ont été isolées et identifiées, dont 41 bactéries Gram-, 31 bactéries Gram+ et 15 levures assignées toutes au genre *Candida*.
Aeromonas hydrophilae est l'espèce majoritaire des bactéries Gram- avec un taux de 41,46%, suivie de *Klebsiella pneumoniae* (39,02%). Alors que pour les bactéries Gram+, l'espèce dominante est *Bacillus subtilis* avec un taux de 70,96%. Les 15 levures isolées appartiennent toutes au genre *Candida* dont neuf *Candida albicans*, trois *Candida glabrata* et trois *Candida tropicalis*.
Toutes les bactéries isolées sont sensibles à l'amikacine avec des CMI comprises entre 0,032 et 8µg/mL). En revanche, les levures, elles sont toutes résistantes à l'amphotéricine B (CMI>16µg/mL).

Mots-clés : Altérations buccodentaires polymicrobiennes - enfants cancéreux - profil de résistance - ouest Algérien.

CA17

Towards Measles elimination in Tunisia: The critical role of molecular surveillance

Bochra Ouertani (1,3), Anissa Chouikha (1,2), Hela Hannachi (1,2,3), Zina Meddeb (2), Henda Touzi (2), Henda Triki (1,2,3)

1. Laboratory of Clinical Virology, WHO Reference Laboratory for Poliomyelitis and Measles in the Eastern Mediterranean Region, Pasteur Institute of Tunis, University Tunis El Manar (UTM), Tunis 1002, Tunisia
2. Reasearch Laboratory "Virus, Vectors and Hosts: One Health Approach and Technological Innovation for a Better Health", LR20IPT02, Pasteur Institute, University Tunis El-Manar (UTM), Tunis 1002, Tunisia
3. Faculty of Medicine of Tunis, Tunisia

ouertanibochra@gmail.com; chouikhaanissa@gmail.com; hela.hannachi@fmt.utm.tn zinamedeb@gmail.com; touzihenda@yahoo.fr; Henda.Triki@pasteur.tn

Despite the existence of a safe and effective vaccine, measles remains a major cause of childhood morbidity and mortality worldwide. To accelerate global elimination, the World Health Organization (WHO) established a strategy combining high vaccination coverage with strong laboratory-based surveillance, coordinated through the Global Measles and Rubella Laboratory Network.

Within this framework, the Laboratory of Clinical Virology at the Pasteur Institute of Tunis serves as a WHO Regional Reference Laboratory (RRL-TUN) for measles and rubella in the Eastern Mediterranean Region. Core activities include molecular detection by RT-qPCR, genotyping through sequencing of a 450-nucleotide fragment of the N gene, phylogenetic analysis, WHO nomenclature assignment, and submission of sequences to the Measles Nucleotide Surveillance database. All procedures adhere to WHO standards and are subjected to rigorous internal and external quality controls to ensure accuracy.

Genotyping plays a key role in determining whether circulating strains are classified as endemic or imported, based on the number of mutations and the exact match with strains circulating in other countries that share the same Distinct Sequence ID. This classification enhances the monitoring of transmission pathways and provides strong evidence for elimination.

Tunisia is advancing toward elimination. After a large outbreak in 2019, only sporadic cases have been reported. Between 2022 and 2024, four samples were genotyped B3 : two identical sequences in 2022 and two imported cases in 2024. Sustained collaboration between clinicians, national laboratories, the

Ministry of Health, and RRL-TUN is essential to ensure timely specimen collection and confirm measles elimination in Tunisia.

Keywords: Measles elimination, Molecular surveillance, Genotyping, DSID, Tunisia, Eastern Mediterranean Region

Multidrug-Resistant Shiga Toxin-Producing Escherichia coli in Wild Boars (Sus scrofa) in Tunisia: A Public Health Risk

Ghassan Tayh*, Sinda Srairi, Rachid Selmi and Lilia Messadi

Department of Microbiology and Immunology, National School of Veterinary Medicine, University of Manouba, LR16AGR01, 2020 Sidi Thabet, Tunisia

*Correspondence: Ghassan Tayh,
E-mail address: ghassan.tayh@gmail.com , ghassan.tayh@fst.utm.tn, Tel.: +216 52222463

Abstract

Wild boar (*Sus scrofa*) is increasingly implicated as a reservoir of various pathogens, such as Shiga toxin-producing *E. coli* (STEC) that are transmissible to other wildlife, domestic animals and humans. This representsposes risks to both human and animal health by causing food-borne infec-tions. This investigation set out to evaluate the antibiotic resistance profiles and virulence factor rates of STEC strains isolated from wild boars. A total of 110 fecal samples were taken from postmortem carcasses of wild boar that were collected during the hunting campaign. PCR was used to check for the presence of the STEC virulence genes *stx1*, while *stx2*, *eaeA*, and *ehxA* in *E. coli* isolates. The detection of STEC serogroups was carried out by PCR amplification. Additional virulence genes, phy-logenetic groups and integrons were determined in the STEC strains. Antibiotic resistance was as-sessed in the isolates against 21 antimicrobial agents by disk-diffusion method. STEC isolates were identified in 10.9 % (12/110) of the E. coli isolates and the serogroups were O157, O145, O45 and O26. Of the strains, 75% contained the Shiga toxin-1 gene (*stx1*), *stx2* and *ehxA* were identified in 66.7% and 33.3% respectively. Other virulence factors *fimH*, *traT*, *iutA*, *cdt3*, *ibeA*, *aer* and *fyuA* were found in 100%, 50%, 41.7%, 41.7%, 33.3%, 25% and 8.3% of the strains, respectively. β-Lactamases genes $bla_{CTXM\text{-}G1}$, bla_{TEM}, bla_{SHV}, and $bla_{OXA\text{-}48}$ were detected. Integrons classes 1 and 2 were found in 58.3% and 8.3% of the strains, respectively. Our findings suggest that wild boars are an important reservoir of STEC isolates. Based on the presence of virulence factors encoding for toxins (*stx1* and *stx2*), adhesins, and invasion among STEC strains in association with integrons as mobile genetic elements, these strains may have a high potential to cause human disease.

Keywords: Shiga toxin-producing *E. coli* (STEC); antibiotic resistance; Shiga toxins; Integrons; Wild boars (*Sus scrofa*); Foodborne disease

CA19

Impact de la résistance aux biocides sur la persistance et la dissémination d'un même clone de *Klebsiella pneumoniae* multi résistant isolé dans l'environnement hospitalier d'un service de soins intensifs

Auteurs : Sana Azaiez[1], Safa Mnafek[1], Ahlem Mahjoub[1], Amine Ben Ibrahim[1], Wejdene Mansour[1]

1: Université de Sousse, Faculté de Médecine Ibn Jazzar Sousse, Laboratoire de recherche Biophysique Métabolique et Toxicologie Professionnelle et Environnementale Appliquée LR12ES02

Résumé :

La propagation des entérobacterales productrices de β-lactamases à spectre étendu (BLSE) et de carbapénèmases constitue un problème majeur de santé publique, en particulier dans les unités de réanimation. Cette étude visait à évaluer la persistance clonale de souches multirésistantes de *Klebsiella pneumoniae* dans un service de soins intensifs avant et après l'application de procédures de bio-nettoyage.

Deux campagnes successives de prélèvements environnementaux ont été menées, comptant respectivement 214 échantillons pour la première et 171 pour la seconde. L'isolement et la sélection des BMR ont été réalisés sur milieu MacConkey additionnés d'antibiotiques, puis identifiés biochimiquement à l'aide de microgaleries API. Lors de la première campagne, 73 prélèvements se sont révélés positifs, permettant d'isoler 48 souches d'Enterobacterales (dont 23 *Klebsiella pneumoniae*) et 25 souches non fermentaires. La seconde campagne a mis en évidence 67 prélèvements positifs, comprenant 35 Enterobacterales (dont 19 *K. pneumoniae*) et 32 non fermentaires. La multirésistance de ces isolats a été confirmée par antibiogramme selon les recommandations EUCAST 2024.

L'étude de la clonalité génétique par électrophorèse en champ pulsé (PFGE) a révélé la persistance d'un même clone avant et après le bio-nettoyage, suggérant une survie environnementale malgré la désinfection. Ce clone présentait un double profil de résistance, aux antibiotiques de dernier recours et aux biocides utilisés, traduisant une probable co-sélection de résistances.

Ces résultats mettent en évidence la nécessité d'une surveillance microbiologique régulière et d'une révision des protocoles de désinfection afin de limiter la propagation nosocomiale de clones hautement résistants.

Mots-clés : *Klebsiella pneumoniae*, BMR, PFGE, bionettoyage, résistance croisée, soins intensifs

Acinetobacter baumannii et infections respiratoires en réanimation

SKANDRANI M, KADRI Y, GHEDIRA S, JELLALI B, MAATOUK Y, MASTOURI M

Laboratoire de Microbiologie, CHU Fattouma Bourguiba Monastir, Tunisie

Objectif -Introduction :

Acinetobacter baumannii est une bactérie opportuniste qui a acquis plusieurs mécanismes de résistance des dernières décennies. L'analyse du profil de résistance de cette bactérie permet d'adapter une éventuelle antibiothérapie empirique.

L'objectif de notre étude est de déterminer les caractéristiques épidémiologiques et le profil de sensibilité aux antibiotiques des souches d'*A. baumannii* responsables d'infections respiratoires aux services de réanimation du CHU de Fattouma Bourguiba de Monastir-Tunisie.

Matériels et Méthodes :

Il s'agit d'une étude rétrospective menée au service de microbiologie du CHU Fattouma Bourguiba durant 6ans(janvier 2017-Décembre2022) incluant toutes les souches *d'A. baumannii* responsables d'infections respiratoires en milieu de réanimation. L'identification bactérienne a été effectuée selon les méthodes conventionnelles. L'étude de la sensibilité aux antibiotiques a été faite selon les recommandations du CA-SFM/EUCAST.

Résultats :

Durant la période d'étude, 541 prélèvements respiratoires étaient positifs à *A. baumannii* sur un total de 5631 prélèvements respiratoires issus des services de réanimation. Deux cents quatre-vingt-sept souches provenaient du service de réanimation polyvalente soit 53% des cas ,189 souches provenaient du service d'anesthésie-réanimation soit 35% des cas et 65 souches provenaient du service du réanimation pédiatrique soit 12% des cas. Le sexe ratio H/F est de 1 ,86. L'étude de la sensibilité aux antibiotiques a montré des pourcentages élevés de résistances aux différents antibiotiques : 98,4% à la ceftazidime, 94,5% à l'imipénème, 98 ,3% au méropénème, 81,7% à l'amikacine, 92 ,3% à la gentamicine, 97,9% à la ciprofloxacine et 100% pour la pipéracillline-tazobactam. Le taux de résistance à la plupart des antibiotiques est en nette augmentation tout au long de la période d'étude. Les deux seuls antibiotiques encore actifs sur *A. baumannii* sont la tigécycline et la colistine avec des niveaux de résistances respectifs de 44 ,66% et de 1 ,33%.

Conclusion :

Dans notre CHU, la surveillance de l'antibiorésistance d'*Acinetobacter baumannii* est obligatoire vu que le taux de résistance est en nette augmentation

Les infections urinaires au service de néphrologie du CHU Fattouma Bourguiba

O. Bouzgarrou (1), N. Daghari (1), M. Bhouri (1), H. Rhim (1), O. Haddad (1), Y. Kadri (1), M.Mastouri (1)

(1) : Laboratoire de microbiologie du CHU Fattouma Bourguiba, Monastir
bouzgarrou.olfa@gmail.com

Introduction :
Les infections urinaires (IU) sont fréquentes chez les patients suivis en néphrologie et peuvent compromettre la fonction rénale, aggravant ainsi les pathologies sous-jacentes.

Objectif :
Déterminer le profil épidémiologique et la résistance des bactéries isolées à partir des examens cytobactériologiques des urines (ECBU) dans les services de néphrologie du CHU Fattouma Bourguiba de Monastir.

Méthodes :
Étude rétrospective menée sur 10 ans dans les services de néphrologie (hommes, femmes et soins intensifs). Les souches bactériennes ont été identifiées par des méthodes classiques, et la sensibilité aux antibiotiques évaluée selon les recommandations de l'EUCAST.

Résultats :
Un total de 1162 souches bactériennes ont été isolées, dont 330 multirésistantes (28 %). Les espèces les plus fréquentes étaient *Escherichia coli* (47,5 %), *Klebsiella pneumoniae* (26,3 %) et *Pseudomonas aeruginosa* (3,27 %).

- *E. coli* présentait une résistance à la ciprofloxacine (39 %), à la lévofloxacine (38 %), au cefotaxime (23 %) et au triméthoprime-sulfaméthoxazole (43 %).
- *K. pneumoniae* était résistante à la cefotaxime (50 %), à la ciprofloxacine (43 %) et au triméthoprime-sulfaméthoxazole (51 %).
- *P. aeruginosa* montrait une résistance modérée, notamment à la ciprofloxacine (17 %) et à la ceftazidime (9 %).

Conclusion :
Les IU en néphrologie sont dominées par *E. coli* et *K. pneumoniae*, avec une forte proportion de souches multirésistantes. Une antibiothérapie raisonnée et des mesures de prévention sont essentielles pour limiter les complications

Etude des souches de *Serratia marcescens* à l'hôpital universitaire Tahar Sfar de Mahdia : aspects épidémiologiques et profils d'antibiorésistance

Characterization of Serratia marcescens strains from Tahar Sfar University Hospital, Mahdia: epidemiological features and antibiotic resistance profiles

Ikram El Ahmer[1,2,3], **Naim Mekacher[1]**, Nedra Harbach[1], Nedra Mdimegh[1], Maha Mastouri[2,3]

4. Hôpital universitaire Tahar Sfar, Service de Microbiologie, 5100, Mahdia, Tunisie
5. Université de Monastir, Faculté de pharmacie, 5000, Monastir, Tunisie
6. Université de Monastir, Faculté de pharmacie, Laboratoire de recherche Maladies transmissibles et substances biologiquement actives LR99ES27, 5000, Monastir, Tunisie

Emails des auteurs : ikramelahmer@gmail.com

Résumé

Introduction

Bactérie ubiquitaire, *Serratia marcescens* se distingue par sa remarquable plasticité génétique. Considérée aujourd'hui comme un pathogène émergent, elle est responsable d'infections et de flambées épidémiques. Notre travail vise à étudier le profil épidémiologique et l'antibio-résistance des souches de *S.marcescens* dans un hôpital universitaire tunisien.

Patientes et méthodes

Il s'agit d'une étude rétrospective incluant l'ensemble des analyses à culture positive dans le laboratoire de microbiologie de l'hôpital Tahar Sfar de Mahdia sur un an (01/09/2024-31/08/2025). L'identification bactérienne était réalisée selon les techniques conventionnelles, l'étude de la sensibilité aux antibiotiques selon les recommandations les plus récentes de l'EUCAST-CASFM. L'analyse des données a été réalisée à l'aide des logiciels Excel et SPSS.

Résultats

S.marcescens a représenté 1,5 % de l'ensemble des bactéries documentées. Un total de 68 souches a été recueilli auprès de 51 patients, population majoritairement masculine (58,8%) avec un âge moyen de 33,3±28,9 ans. Environ les trois quarts des patients étaient hospitalisés, principalement au service de pédiatrie.

Les souches de *S.marcescens* étaient surtout isolées d'hémoculture et de pus divers.

Elles ont montré une résistance de 26,5% à la ticarcilline et 8,8% à la céfotaxime. Une seule souche n'était pas catégorisée sensible à l'imipénème. Les taux de sensibilité à la ciprofloxacine, la gentamicine et le cotrimoxozale étaient respectivement à 64,5%, 82,4% et 64,3%

.

Conclusion

Notre étude confirme le statut de *S.marcescens* en tant que pathogène opportuniste important, aux spécificités épidémiologiques marquées.

Par ailleurs, les taux d'antibio-résistance rapportés soulignent l'impérieuse nécessité d'une surveillance microbiologique continue et d'une stratégie thérapeutique rigoureuse.

Enquête de l'Evaluation Externe de la Qualité de Microbiologie en Tunisie (2016 – 2021)

Asma Gnouma[1], Imen Mkada[2], Mouna Mejri[3], Safa Bouwazra[4]

1- Faculté des Sciences de Tunis, Université de Tunis el Manar
2- Faculté des Sciences de Bizerte, Université de Carthage
3- Unité des Laboratoires de Biologie Médicales (ULBM), Ministère de la Santé
4- Centre de Greffe de Moelle Osseuse- Ministère de la santé

Résumé

Conformément à l'arrêté ministériel du 29 janvier 2010, le ministère de la santé exige la réalisation d'évaluations externes de qualité (EEQ) pour les analyses médicales et microbiologiques. Cette étude présente les résultats d'une enquête concernant les EEQ de bactériologie, distribuées entre 2016 et 2021 au sein de l'Unité des Laboratoires de Biologie Médicale (ULBM).

Notre enquête avait deux objectifs principaux : Étudier l'évolution de la conformité, tant pour l'identification bactérienne que pour l'antibiogramme, sur la période 2016-2021. Evaluer l'impact des méthodes utilisées par les laboratoires sur la conformité des résultats

Méthodologie

L'enquête s'est déroulée en quatre étapes : la planification de l'EEQ, la mise en œuvre de l'EEQ, le suivi de l'EEQ, et enfin le bilan de de l'EEQ.

Résultats

Concernant l'identification bactérienne, nous avons observé une nette progression : les six bactéries proposées lors du contrôle national de qualité ont été correctement identifiées par **86,09%** des laboratoires en 2021, contre seulement **70%** en 2020.

Pour l'antibiogramme, l'amélioration est encore plus spectaculaire : la conformité est passée de **32,52%** en 2016 à **68,61%** en 2021. Cela représente plus qu'un doublement en cinq ans. Nous avons également constaté que la marque des disques utilisés influence significativement la conformité. Par exemple, **28,17%** des laboratoires participants utilisent la marque Biorad, qui affiche des performances dépassant **45,64%** de conformité.

Mots clés : Enquête, EEQ, CNQ, Tunisie, Microbiologie, Identification, Antibiogramme

Factors for Multidrug-Resistant Bacterial Infections in Intensive Care Units: Insights from a Prospective Study

Louay jelili[1,2] , Nesrine Chebil[1,2], Aymen Gamra[1,2] , Lamia Tilouche[1,2,3], Nadia Jaidane[1,2,3],Sameh Boughattas[1,2], Yomna Ben lamine[1,2], Soumaya Ketata[1,2], Abdelhalim Trabelsi[1,2]

Louay Jelili **Jelililouay@gmail.com**

(1) Laboratory of clinical microbiology, CHU Sahloul, Sousse, Tunisie ;
(2) Faculty of Pharmacy of Monastir, Tunisia
(3) Laboratory of Metabolic Biophysics and Applied Pharmacology (LR12ES02), Department Biophysics, Faculty of Medicine Ibn El Jazzar of Sousse, University of Sousse, Sousse, Tunisia.

Introduction and Objective

Multidrug-resistant bacteria (MDRB) are a major concern in ICUs, limiting treatment options and worsening outcomes. This study aimed to identify the main risk factors for MDRB acquisition in critically ill patients.

Patients and methods

A prospective observational study was conducted from August 2024 to March 2025 in ICU patients with confirmed MDRB infection. Data included demographics, comorbidities, prior hospitalization, inter-hospital transfer, delay to first MDRB isolation, invasive procedures and prior antibiotic therapy.

Results

A total of 168 patients were included (mean age 53.2±19.5 years, sex ratio M/F 2.5).

Patients were admitted mainly to anesthesia and surgical ICU (n=95), cardiovascular and thoracic surgery (n=39), medical ICU (n=25), and burn unit (n=9).

Prior hospitalization was noted in 44 patients, inter-hospital transfer in 132, and previous MDRB in 15.

The mean delay before first MDRB isolation was 16.3 ± 15.8 days; all eight patients with early acquisition (<48h) had either prior hospitalization or transfer.

Comorbidities included mainly diabetes (n=43), chronic kidney disease (n=14) and cancer (n=10).

Invasive procedures were frequent: central venous catheter (n=158), urinary catheter (n=150), mechanical ventilation (n=114), and parenteral nutrition (n=95); 85 patients had all four.

All patient were exposed to antibiotic (mean 3.9/patient), mostly aminoglycosides (64,9%), β-lactams with inhibitors (63,1%) and carbapenems (61,3%).
Mortality reached 50 patients, including 33 with all four invasive procedures.

Conclusion

MDRB acquisition in the ICU is mainly driven by prior healthcare exposure, invasive procedures, and extensive antibiotic use. Recognition of these factors is essential to guide infection control and stewardship.

CA25

Profil épidémiologique de la résistance bactérienne aux antibiotiques à l'hôpital Haj Ali Soua de Ksar Hellal en 2025

Sahar Gnaba (A), **Rania Ben Cheikh (R)**, Mohamed Jaffeli (R), Amira Cherif (C)

(A) : Maître Assistant
(C) : Chef de service
(R) : Résident

gnabasahar@gmail.com
raniabch488@gmail.com
med.jaffeli.ph@gmail.com
cherifamiraaa@gmail.com

Introduction :
L'émergence de la résistance bactérienne représente un enjeu majeur de santé publique. Leur diffusion complique la prise en charge des infections, augmente la morbidité, et limite les options thérapeutiques disponibles.
Cette étude vise à décrire les profils de résistance bactérienne aux antibiotiques au sein de notre hôpital.
Matériel et méthodes :
Il s'agit d'une étude rétrospective menée sur une période de 9 mois, incluant toutes les souches non redondantes isolées à partir de prélèvements positifs.
L'identification bactérienne ainsi que les antibiogrammes ont été réalisés à l'aide du système automatisé VITEK® (Biomérieux) en se référant aux normes du CA-SFM/EUCAST 2024. Des tests complémentaires ont été réalisés pour l'étude phénotypique.
Résultats :
Pendant la période d'étude, 35 souches de BMR et 7 souches de BHRe ont été isolées parmi les 417 prélèvements positifs. L'âge moyen était de 55,2 ans (1-90) avec un sex-ratio H/F de 0,45. Parmi ces isolats, 4 provenaient des infections nosocomiales et les autres de contextes communautaires.
Les prélèvements étaient issus d'infections urinaires (83%), suivies des infections cutanées et des tissus mous (7 %). Les espèces les plus fréquentes étaient de la famille des entérobactéries: *Escherichia coli* (43 %) et *Klebsiella pneumoniae* (21 %).
Parmi les BMR, 74 % des isolats étaient BLSE et 2 % des SARM.
Les BHRe correspondaient à des entérobactéries productrices de carbapénèmes.
Conclusion :
La prévalence notable de la résistance bactérienne souligne la nécessité d'un suivi épidémiologique continu et du renforcement des mesures de prévention et de contrôle.

Antibiorésistance et Antimicrobiens

CA26

Molecular epidemiology of multidrug-resistant *Enterobacteriaceae* isolated from the paediatric ward of Fattouma Bourguiba Hospital, Monastir

Imen chatti[1], Belly Diallo[1], Olfa Bouzgarrou[2], Maha Mastouri[1,2], Safia Dhamen[1,3]

(1) Laboratory of transmitted diseases and biologically active substances (LR99ES27), Faculty of Pharmacy, Monastir, University of Monastir, Tunisia.
(2) Fattouma Bourguiba University Hospital, Laboratory of Microbiology, Monastir, Tunisia.
(3) Higher Institute of Biotechnology of Monastir.

Introduction: The emergence of multidrug-resistant bacteria, particularly ESBL and carbapenemase-producing *Enterobacteriaceae*, poses a major challenge in paediatrics, where treatment options are limited.
Materials and methods: Eighty strains of *Enterobacteriaceae* isolated from the paediatric wards of the Fattouma Bourguiba University Hospital in Monastir were analysed. Their antibiotic sensitivity profile was established using the MH agar diffusion method, and β-lactamases were characterised using phenotypic (synergy test, Carba NP test) and genotypic (PCR and sequencing) methods.
Results: The most common resistance mechanism, found in 87.5% of strains, is the production of ESBL, mainly of the CTX-M-15 type. This resistance is also associated with hyperproduction of cephalosporinase (12.5%) in addition to the production of an OXA-48-type carbapenemase (10%).
Conclusion: This study reveals the emergence of multidrug-resistant strains, dominated by CTX-M-15 ESBLs, at the Fattouma Bourguiba University Hospital. Our results highlight the urgent need to strengthen surveillance and adopt control strategies to combat antimicrobial resistance in paediatric settings.

Keywords: Paediatrics, *Enterobacteriaceae*, multidrug resistance to antibiotics, ESBL, carbapenemase.

Evaluation de l'effet antimicrobien de l'huile essentielle de l'écorce de citron sur la formation de biofilms de quelques souches isolées de la cavité buccale d'enfants de la ville de Tlemcen (Algérie)

Hassaine Lahfa Imane[1*], Boucherit-Otmani Zahia[1], Seghir Abdelfettah[1], Laouedj Nadia[1]

[1]Université Aboubekr Belkaïd, Département de biologie, Laboratoire Antibiotiques Antifongiques : Physico-chimie, Synthèse et Activité Biologique (LapSab).

E-mail : *imane.hassainelahfa@univ-tlemcen.dz; imanebio90@yahoo.fr**

La cavité buccale constitue un écosystème complexe et multifonctionnel, ayant un impact majeur sur la santé globale de l'enfant. Elle abrite divers micro-organismes. Ces derniers, souvent regroupés en biofilms, présentent une résistance notable aux traitements antimicrobiens classiques. Au cours de ces dernières années, les chercheurs se sont tournés vers des traitements alternatifs qui reposent sur l'utilisation de produits naturels provenant des plantes médicinales, en particulier les huiles essentielles obtenues à partir des plantes aromatiques.
L'objectif de cette étude est d'évaluer l'effet antimicrobien *in vitro* de l'huile essentielle d'écorce de citron sur la formation de biofilms mono et multi-espèces des souches de *Klebsiella pneumoniae*, *Staphylococcus haemolyticus* et *Candida albicans* isolées de la cavité buccale d'un enfant asthmatique de la ville de Tlemcen (Algérie) souffrant de muguet et de caries dentaires.
Le pourcentage d'inhibition des biofilms diffère selon les souches étudiées, avec une inhibition particulièrement marquée pour *Candida albicans* avec un taux de 80,29%.
L'inhibition des biofilm multi-espèces s'est révélée plus complexe que celles des biofilms mono-espèces, présentant ainsi un pourcentage d'inhibition inférieur à ces derniers.
En conclusion, la formation des biofilms sur les surfaces buccales joue un rôle essentiel dans le développement des maladies bucco-dentaires. Ce processus peut être aggravé par une hygiène buccale insuffisante ou des maladies chroniques.

Mots clés : Cavité buccale, biofilms, huile essentielle de l'écorce de citron.

Etude de l'activité antibactérienne de l'association huile essentielle / huile essentielle et huile essentielle / antibiotique

BOUACEM Khelifa[1,2], BERROUANE Naoual[1], ABIB Anies[1], LAZIB Céline[1], ASMANI Katia-Louiza, SEMRI Mohamed-Lounes[3]

[1]Département de Biochimie-Microbiologie, Faculté des Sciences Biologiques et des Sciences Agronomiques, Université Mouloud Mammeri de Tizi Ouzou
[2]Laboratoire de Biologie Cellulaire et Moléculaire (Equipe de Microbiologie), Faculté des Sciences Biologiques, USTHB. BP 32 Al Alia, Beb Ezzouar, 16111, Algérie.
[3]Laboratoire Milieux de Culture, Institut Pasteur d'Algérie

Les bactéries exposées aux antibiotiques évoluent et développent des mécanismes de défense qui leur permettent d'échapper à l'action des antibiotiques (ATB). Ces derniers deviennent ainsi inefficaces et ne peuvent plus nous soigner contre des infections à bactéries résistantes. Face à ce problème, beaucoup d'études ont été réalisées pour développer des molécules alternatives efficaces contre ces maladies infectieuses, c'est le cas des huiles essentielles (HEs). L'aromatogramme en milieu solide ainsi que la méthode de micro-dilution sur milieu liquide (CMI) ont été utilisées pour évaluer l'efficacité antibacterienne des huiles essentielles de thym, origan et romarin, seules, en synergie ou avec des antibiotiques sur quatre souches bactériennes dont deux souches à Gram positif (*Staphylococcus aureus* MU50 et *Staphylococcus aureus* 25923) et deux souches à Gram négatif (*Escherichia coli* 25922 et *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 27853). L'étude des huiles individuelles a révélé que *Thymus vulgaris* et *Origanium vulgare*, témoignent d'une activité antibactérienne intéressante à l'égard de toutes les souches bactériennes utilisées sauf *P. aeruginosa*. Pour ce qui est de l'association HEs/HEs et HEs/ATB, l'activité antibactérienne résultante de chacune varie selon la combinaison, les types d'antibiotiques et les huiles essentielles employées, la concentration ainsi que la souche bactérienne cible. Les résultats obtenus ont montré que les huiles pouvaient être utilisées indépendamment entre elles et/ou en association avec des antibiotiques car aucun effet n'a été observé antagoniste bien clair. Des additions et parfois mêmes des synergies ont été constatées. Ces résultats sont jugés donc positifs et très intéressants à exploiter. De plus, l'association des huiles essentielles aux antibiotiques peut être employée pour augmenter le spectre antibactérien, empêcher l'apparition des mutants résistants, réduire au minimum la toxicité et minimiser les effets secondaires de l'antibiotique.

Mots-clés: *Thymus vulgaris*, *Origanium vulgare*, *Rosmarinus officinalis*, antibiotiques, activité antibactérienne.

In Vitro Evaluation of Antibacterial and Antibiofilm Effects of Arugula Ethanolic Seed Extract Against Peri-Implantitis-Associated oral Pathogens

Auteurs : **Tarek Zmantar**[a], Rym Kammoun[b], Ghada Hassairi[b], Hassen Bouzidi[a]

[a]Laboratory of Analysis, Treatment and valorization of Pollutants of the Environment and Products, Faculty of Pharmacy, Rue Avicenne, Monastir 5000, University of Monastir, Tunisia.
[b]Laboratory of Dento-Facial, Clinical and Biological Approach (ABCDF), Faculty of Dental Medicine, University of Monastir, Tunisia.
Email : zmantar_t@yahoo.fr

Abstract

Peri-implantitis is a common complication of dental implants. It is characterised by inflammation of the periodontal tissues due to bacterial colonisation of the implant surfaces. If left untreated, it can lead to implant failure and affect the patient's overall health. The bacterial strains involved often exhibit high levels of resistance to conventional antibiotics, which complicates treatment efforts. This study evaluated the antibacterial and antibiofilm activity of ethanolic Arugula (*Eruca sativa*) seed extracts against the bacteria *Staphylococcus aureus, Porphyromonas gingivalis* and *Streptococcus mutans*. The following assays were used: well diffusion for preliminary screening; determination of the minimum inhibitory concentration (MIC) and minimum bactericidal concentration (MBC); and assessment of biofilm inhibition using a microtiter plate assay on polystyrene surfaces, as well as scanning electron microscopy (SEM) on dental implant surfaces. The ethanolic seed extract of Arugula exhibited antibacterial activity, with inhibition zones observed against all tested strains. MIC values ranging from 10 mg/ml to 25 mg/ml confirmed its bacteriostatic properties. Additionally, microtiter plate readings revealed a reduction in biofilm formation on polystyrene treated with the extract. SEM images showed disrupted bacterial structures and reduced biofilm density on treated titanium surfaces compared to the control. The findings suggest that Arugula seed ethanolic extract has promising antibacterial and antibiofilm properties and could be used as a natural adjunctive agent in the management and prevention of peri-implantitis.

Keywords: Peri-Implantitis, Arugula, oral pathogens, antibacterial, Antibioflm.

Development of nanotechnology-based drug delivery systems for controlling clinical multidrug-resistant *Staphylococcus aureus* and *Escherichia coli* associated with aerobic vaginitis

Najla Haddaji[1-2], Badr Bahloul[3], Wael Bahia[4], Abdelkarim Mahdhi[2]

1. Department of Biology, Faculty of Sciences, University of Ha'il, Ha'il 55436, Saudi Arabia. najla_haddaji@yahoo.fr
2. Laboratory of Analysis, Treatment and Valorization of the Pollutants of the Environment and the Products. Faculty of Pharmacy of Monastir. Street Avicenne 5019. Monastir. Tunisia.
3. Pharmaceutical, Pharmacological & Chemical Drug Development Laboratory, LR12ES09, Faculty of Pharmacy, University of Monastir, Tunisia.
4. Research Unit of Clinical and Molecular Biology (UR17ES29), Department of Biochemistry, Faculty of Pharmacy, University of Monastir, Monastir 5000, Tunisia.

Abstract

Historically, pathogenic microbes have caused infections in humans and are sometimes lethal. Bacterial vaginosis, for instance, is the most common genital tract infection among women during their reproductive years, and it has been associated with serious health complications, such as repetitive miscarriages with multiple causative bacteria. The ever-increasing prevalence of antibiotic resistance has rendered *Escherichia coli* and *Staphylococcus aureus* serious pathogens, requiring novel, broad-spectrum antimicrobials. Nanoemulsions with broad antimicrobial activity fight bacteria, viruses, and fungi by emulsifying cosurfactant (Tween 80), oily phase containing the crude biosurfactant, at 1% and 3.33% concentrations (BNE1%, BNE 3.33%), produced from *Bacillus sp.*, and an aqueous phase. All strains became more sensitive to the antibiotics to which they were resistant because of the various biosurfactant formulations combined with antibiotics. Lower concentrations of BNE1% and 3.33% were still more efficient than crude biosurfactant. Our findings demonstrate that the biosurfactant had a strong antibiofilm effect against all tested pathogens. When using nanoemulsions instead of crude biosurfactants, this effect was amplified, and a significant drop in optical density (OD 570 nm) was noted. Our findings provide a foundation for the use of nanoemulsions against antibiotic-resistant pathogenic bacterial vaginosis strains.

Key words: Probiotic, Biosurfactant, Nanotechnology, Antibacterial, antibiofilm, Vaginosis

Profil de résistance aux antibiotiques des staphylocoques à coagulase négative isolés d'hémocultures dans un hôpital universitaire tunisien (2022–2024)

W.Lazreg ; S.Kouki ; M.Bhouri ; Y.Kadri ; O.Hadded ; H.Rhim ; M.Mastouri

Laboratoire de Microbiologie ; CHU Fattouma Bourguiba Monastir

Introduction

Les staphylocoques à coagulase négative (SCN) font partie de la flore commensale de la peau et des muqueuses, mais sont de plus en plus fréquemment impliqués dans les bactériémies nosocomiales. L'émergence d'une résistance élevée à la méticilline complique considérablement leur prise en charge thérapeutique.

Objectif

Évaluer le profil de résistance aux antibiotiques des SCN isolés à partir d'hémocultures de patients hospitalisés dans un hôpital universitaire tunisien.

Méthodes

Étude rétrospective menée de 2022 à 2024 portant sur 546 souches de SCN isolées d'hémocultures. Les données cliniques et microbiologiques ont été analysées, et les tests de sensibilité ont été effectués selon les recommandations du CA-SFM/EUCAST.

Résultats

Les souches provenaient principalement des services de réanimation anesthésie (37,5 %), de pédiatrie (14 %) et de réanimation médicale (11,7 %). Le sex-ratio H/F était de 1,28. Les principales espèces identifiées étaient *Staphylococcus epidermidis* (48 %), *S. hominis* (32 %), *S. haemolyticus* (8 %), *S. xylosus* (2 %) et d'autres espèces (10 %). La résistance à la méticilline atteignait 77 %. Les souches résistantes présentaient des taux de résistance plus élevés à la ciprofloxacine (67,3 % vs 12,7 %), à la clindamycine (51 % vs 16,2 %), à l'érythromycine (70,2 % vs 18,6 %), à la norfloxacine (46 % vs 19,6 %) et à la rifampicine (43,6 % vs 19,8 %). Les antibiotiques les plus actifs étaient la vancomycine (98 % de souches sensibles), la pristinamycine (96 %), le linézolide (97 %) et la tigécycline (100 %).

Conclusion

La forte prévalence des SCN résistants à la méticilline et leur résistance croisée à plusieurs classes d'antibiotiques soulignent la nécessité d'une surveillance microbiologique rigoureuse et d'un usage raisonné des antibiotiques en milieu hospitalier.

CA32

Épidémiologie et profil bactériologique de Pseudomonas aeruginosa isolé à partir des hémocultures (2018–2022) à l'hôpital Farhat Hached de Sousse

A. Khalfallah (1) – aminos01.ouzmaki@gmail.com
Y. Ben Salem (1,2) – ysfbensalem@gmail.com

(1) Laboratoire de Microbiologie – CHU Farhat Hached, Sousse, Tunisie
(2) Faculté de Pharmacie de Monastir, Tunisie

Introduction :
Les bactériémies à *Pseudomonas aeruginosa* constituent une cause majeure de morbidité hospitalière. Ce travail vise à décrire leur épidémiologie et leur profil de résistance entre 2018 et 2022 au CHU Farhat Hached.

Matériels et méthodes :
Étude rétrospective menée au laboratoire de microbiologie. L'identification a été réalisée par VITEK® et API non entérobactéries. L'antibiogramme a été interprété selon les recommandations de l'EUCAST.

Résultats :
Cinquante-trois souches ont été isolées. Le taux d'isolement variait de 2,65 % (2018) à 1,36 % (2022). Les services les plus concernés étaient la Réanimation (28,3 %), la Néonatologie (18,9 %), l'Hématologie (17 %) et la Pédiatrie (13,2 %).
Pour les β-lactamines, 7 isolats (13,2 %) étaient XDR, 3 (5,7 %) porteurs de porine, 5 (9,4 %) à efflux, 3 (5,7 %) producteurs de β-lactamases, 1 (1,9 %) porine + pénicillinase, et 34 (64,1 %) sensibles.
Concernant les aminosides et fluoroquinolones : 9 isolats (17 %) étaient résistants à la ciprofloxacine, 2 (3,8 %) à l'amikacine, 7 (13,2 %) aux deux, et 35 (66 %) sensibles.

Conclusion :
Les bactériémies à *P. aeruginosa* restent rares (1,15–2,65 %) mais préoccupantes par la progression des souches XDR (40 % en 2022). Une surveillance microbiologique et une antibiothérapie raisonnée demeurent indispensables.

Profil de résistance des bactéries multirésistantes isolées dans un service de maladies infectieuses : Etude rétrospective (2020-2024)

E. Mhamdi (1), M. Bhouri (2), H. Rhim(3), B. Kouidhi(4), O. Haddad(5), M. Mastouri

(1) Faculté de Pharmacie de Monastir [emhamdi1920@gmail.com] (2,3,4,5,6) CHU Fattouma Bourguiba de Monastir, Laboratoire de Microbiologie.

Introduction:

Les bactéries multirésistantes (BMR) représentent un défi croissant en milieu hospitalier, compromettant la prise en charge des infections nosocomiales.

Objectif:

Cette étude vise à évaluer la fréquence et les profils de résistance des BMR isolées au service de maladies infectieuses du CHU Fattouma Bourguiba.

Matériel et méthodes:

Il s'agit d'une étude rétrospective menée de janvier 2020 à décembre 2024. Tous les isolats bactériens responsables d'infections documentées ont été inclus, sans doublon. Les profils de résistance ont été interprétés selon les recommandations EUCAST.

Résultats:

Parmi 271 isolats analysés, 60 (22%) étaient des BMR. Les échantillons provenaient principalement des urines (38%), du pus (25%) et des hémocultures (16%). Les souches prédominantes étaient E. coli (n=18, dont 16 BLSE) et Klebsiella spp. (n=21, dont 9 BLSE). Les SARM représentaient 10 isolats. Parmi les bacilles non fermentants figuraient Pseudomonas aeruginosa (n=6), Stenotrophomonas maltophilia (n=3) et Acinetobacter baumannii (n=1). Les BLSE présentaient une résistance élevée aux fluoroquinolones (78%) et au cotrimoxazole (64%), avec une sensibilité conservée à l'imipénem (100%) et à l'amikacine (82%). Les SARM affichaient une co-résistance à la clindamycine (60%) et à l'érythromycine (70%), tout en restant sensibles à la vancomycine et au linézolide.

Conclusion:

Les BMR demeurent fréquentes dans notre structure, dominées par les BLSE urinaires et les SARM cutanés. L'extension des résistances croisées renforce la nécessité d'une surveillance continue et d'une antibiothérapie raisonnée pour limiter leur diffusion.

First description of *Klebsiella pneumoniae* KPC-producing isolates at Rabta Hospital, Tunis

Safa Blibech , Rihab Ghedira , Feryel Mliki , Salma Abbes , Mariem Zribi

Microbiology Department, Rabta Hospital, Tunis, Tunisia

Introduction

The rise of carbapenemase-producing *Enterobacteriaceae* represents a major public health threat, with limited therapeutic options and high mortality. This study aimed to describe the epidemiological characteristics of carbapenemase-producing *Klebsiella pneumoniae* (CPKP) strains, particularly KPC-type isolates, identified for the first time in our hospital.

Materials and Methods

A retrospective study was conducted from January 2023 to December 2024. Antibiotic susceptibility testing followed CASFM-EUCAST guidelines. Carbapenemase types (KPC, OXA-48, VIM, IMP, NDM) were identified using the NG-Test CARBA-5 (NG.BIOTECH, India).

Results

Among 248 multidrug-resistant isolates, *K. pneumoniae* was identified in 213 cases (86%). A total of 91 isolates were tested for carbapenemase production, and 80 (88%) were positive. The distribution showed a predominance of OXA-48 (53.7%), followed by NDM+OXA-48 (35%) and, for the first time, KPC (12.5%). Three isolates produced NDM alone, and two co-produced OXA-48 and NDM. All isolates were resistant to penicillins; 53% to imipenem and 49% to meropenem. Colistin resistance was observed in 27.4% (MIC 4–64 mg/L). The sex ratio was 1.41 with a median age of 50 years. The most affected hospital departments were intensive care (35%), surgery (30%), emergency (6%), and pediatrics (5%). Major risk factors included central venous catheter (30%), urinary catheter (25%), intubation (25%), and tracheostomy (22%).

Conclusion

CPKP infections represent the majority of multidrug-resistant *Enterobacteriaceae* isolates, dominated by OXA-48-type enzymes. They mainly affect intensive care patients with invasive devices. Continuous microbiological surveillance and infection control are crucial to limit their spread.

Bactériémies pédiatriques : Tendances, agents pathogènes et résistances aux antibiotiques en milieu hospitalier tunisien

O.Rabia(1),H.Rhim(1), M.Bhouri(1),B.Kouidhi(1), Y.Kadri(1), O.Haddad(1), M.Mastouri(1)

(1) Laboratoire de Microbiologie CHU Fattouma Bourguiba Monastir

Introduction :

La bactériémie, représente une urgence diagnostique et thérapeutique, en particulier en milieu pédiatrique. Ce travail vise à déterminer les différentes bactéries responsables de bactériémie pédiatrique et d'étudier leurs profils de sensibilité aux antimicrobiens.

Matériel et méthodes :

Cette étude rétrospective a été réalisée au sein de l'Hôpital Fattouma Bourguiba de Monastir-Tunisie, sur une période de 5 ans, du 1er janvier 2020 au 31 décembre 2024, et portant sur les isolats d'hémocultures provenant du service de pédiatrie.

Résultats :

Parmi les 1965 flacons d'hémocultures positives durant cette période, 270 (13,7%) provenaient du milieu pédiatrique. L'évolution des cas de bactériémie pédiatrique a montré une augmentation progressive, passant de 45 cas (16,7%) en 2020 à 74 cas (27,4%) en 2024. Les **Cocci à Gram positif étaient représentés dans 147 cas (54,4%) avec 21 isolats de *Staphylococcus aureus*** (7,8%). Les bacilles à Gram négatif étaient retrouvés dans 123 cas (45,6%) dont 92 entérobactéries avec ***Klebsiella pneumoniae*** en tête (31 isolats, soit 33,7%). Parmi les souches isolées, 37 (13,7%) étaient des bactéries multirésistantes, principalement des entérobactéries **(BLSE) (70,3%)** et des **SARM (10,8%)**.

Conclusion :

Cette étude met en évidence une augmentation progressive des cas de bactériémie pédiatrique au cours des cinq dernières années. De plus, les bactéries multi résistantes représentent un défi croissant, nécessitant une vigilance continue dans la gestion des infections pédiatriques.

Bactériémies en pédiatrie au CHU La Rabta (2021–2024) : évolution épidémiologique et résistances bactériennes

W.Ben Mansour (1) , F.Mliki (1), A.Znazen (1), M.Zribi (1)

(1) **laboratoire de microbiologie ,CHU La Rabta**

Introduction:

Les bactériémies représentent une cause majeure de morbidité en milieu pédiatrique, aggravée par la progression des résistances bactériennes. Cette étude vise à décrire le profil épidémiologique et les résistances des germes isolés à partir d'hémocultures pédiatriques au CHU La Rabta.

Matériel et méthodes:

Étude rétrospective descriptive portant sur les hémocultures positives recueillies dans les services de pédiatrie et de cardiopédiatrie entre janvier2021 et décembre2024. L'identification bactérienne a été réalisée selon les recommandations du REMIC, et l'antibiogramme interprété conformément au CASFM.

Résultats:

Parmi les 150 hémocultures positives analysées, les bacilles à Gram négatif (BGN) représentaient la majorité des isolats (77,8%,n=116), suivis des staphylocoques (21,4%,n=33), dont *Staphylococcus aureus* (5,1% n=9) et les staphylocoques à coagulase négative (16,2%,n=24).
Parmi les BGN, les espèces les plus fréquemment isolées étaient *Klebsiella pneumoniae* (n=23;15,3%), *Achromobacter xylosoxidans*(n=21;14%), *Serratia marcescens*(n=16 ;10,6%), *Escherichia coli*(n=9;6%) et *Pseudomonas aeruginosa*(n=8;5,3%).
Une recrudescence marquée d'*A. xylosoxidans* a été observée entre juin et septembre2023, touchant particulièrement ces deux services. Ce regroupement spatio-temporel suggère une possible transmission interservice ou un phénomène de diffusion nosocomiale.
Concernant les profils de résistance, *K. pneumoniae* présentait 33% de résistance aux céphalosporines et 11% aux carbapénèmes, tandis que *E. coli* montrait40% de résistance aux céphalosporines sans atteinte des carbapénèmes. Pour *A. xylosoxidans*, une résistance faible au triméthoprime-sulfaméthoxazole(5%) a été observée,sans résistance détectée aux carbapénèmes.

Conclusion:

Les bactériémies pédiatriques au CHU La Rabta sont dominées par les BGN, notamment *Klebsiella pneumoniae*. La recrudescence d'*Achromobacter*

xylosoxidans en2023, particulièrement entre les services de pédiatrie et de cardiopédiatrie, souligne la nécessité d'une surveillance ciblée et du renforcement des mesures d'hygiène hospitalière.

Gram-Negative Predominance in Multidrug-Resistant Healthcare-Associated Infections: A Point Prevalence Survey at Fattouma Bourguiba University Hospital, Monastir, Tunisia (August–September 2025)

Ahmed Araoud[1], **Mayssa Rebei[2]** , Héla Abroug[3]

[1] Département de Médecine préventive et communautaire, CHU Fattouma Bourguiba Monastir
[2] Hôpital régional de Jammel, Monastir
3 Département de Médecine préventive et communautaire, CHU Fattouma Bourguiba Monastir

Background:
Multidrug-resistant (MDR) organisms pose a major threat to patient safety. Point prevalence surveys (PPS) are essential for defining local resistance epidemiology and guiding infection prevention and control (IPC) and antimicrobial stewardship (AMS) strategies.

Methods:
A cross-sectional PPS was conducted at Fattouma Bourguiba University Hospital, Monastir, Tunisia, between August and September 2025. Ninety-six consecutive patients with culture-confirmed MDR infections from the *Surveillance-BMR* registry were included. MDR categories comprised third-generation cephalosporin-resistant Enterobacterales (ERC-3G), carbapenem-resistant Enterobacterales (ERC), methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA), imipenem-resistant *Acinetobacter baumannii* (ARi), and *Pseudomonas aeruginosa* with reduced susceptibility (PARC/PARI). Descriptive statistics summarized patient demographics, clinical departments, and resistance phenotypes.

Results:
Among 96 patients, 63 (65.6%) were male and 33 (34.4%) female, with ages ranging from 1 month to 90 years. MDR infections were most frequent in General Surgery (n = 26), Resuscitation/ICU (n = 16), Orthopaedics (n = 14), and Urology (n = 9). Gram-negative bacilli predominated (88.5%). ERC-3G accounted for 52.1% (n = 50), MRSA for 20.8% (n = 20), ARi for 15.6% (n = 15), ERC for 13.5% (n = 13), and PARC/PARI for 7.3% (n = 7). One glycopeptide-resistant *Enterococcus* was detected (1.0%).

Conclusions:
Gram-negative organisms were the predominant MDR pathogens, particularly ERC-3G and carbapenem-resistant *A. baumannii*. Surgical and intensive care units represent priority areas for targeted IPC interventions and AMS optimization.

Keywords:

Antimicrobial Resistance; Healthcare-Associated Infection; Point Prevalence Survey; Gram-Negative Bacteria; Infection Control; Tunisia.

Molecular typing of multidrug resistant *Klebsiella pneumoniae* clinical isolates

Fethi Ben Abdallah[1]*, Rihab Lagha[1]

Unité de recherche: Virologie & Stratégies Antivirales (UR17ES30), Institut supérieur de Biotechnologie, Université de Monastir, Monastir, 5000, Tunisia
***fetyben@yahoo.fr**

Abstract

Klebsiella pneumoniae is an opportunistic pathogen responsible for a significant proportion of nosocomial and community-acquired infections. Genotypic variation in *K. pneumoniae* populations is a major barrier to control public health risk associated with pathogen. In this work, thirty clinical *K. pneumoniae* isolates were tested for their resistance to antibiotics. Genetic variability of the isolates was performed using PCR based on genes coding for porins and efflux pumps, (GTG)5 and BOX repetitive sequences. *K. pneumoniae* showed heterogenicity of resistance to antibiotics. Further, out of 30 isolates, 25 different profiles were found and 83.33% are multidrug-resistant. PCR detection of genes coding for porins and efflux pumps revealed seven different genotypes and strong correlation between antibiotics resistance profiles and investigated genes. PCR genomic fingerprinting showed high genetic diversity of *K. pneumoniae*. BOX-PCR and (GTG)5 generated 18 and 19 clusters with discriminatory indexes 0.97 and 0.98, respectively at 80% of similarity. *K. pneumoniae* clinical isolates showed high phenotypic and genetic variability, and many strains can be circulating simultaneously. This genetic variability should be taken into consideration when designing strategies for controlling *K. pneumoniae* outbreaks. In addition, a significant correlation was detected between (GTG)5-genotyping and antibiotic resistance patterns of *K. pneumoniae* and could be valuable in the prediction of antibiotic resistance profiles of *K. pneumoniae*.

Keywords: *K. pneumoniae*, Antibiotics, Porins and efflux pumps genes, BOX-PCR, (GTG)5-PCR, Genetic diversity

Hémocultures à l'hôpital universitaire Tahar Sfar de Mahdia : un an de surveillance des pathogènes et des résistances aux antibiotiques vers les perspectives d'amélioration

Blood Cultures at Tahar Sfar University Hospital, Mahdia : One-year surveillance of pathogens and antibiotic resistance toward improvement opportunities

Ikram El Ahmer[1,2,3], Maha Mastouri[1,3]

1. Hôpital universitaire Tahar Sfar, Service de Microbiologie, 5100, Mahdia, Tunisie
2. Université de Monastir, Faculté de pharmacie, 5000, Monastir, Tunisie
3. Université de Monastir, Faculté de pharmacie, Laboratoire de recherche Maladies transmissibles et substances biologiquement actives LR99ES27, 5000, Monastir, Tunisie

Emails des auteurs :

- ikramelahmer@gmail.com
- mastourimaha@yahoo.fr

Résumé

La septicémie représente un enjeu majeur de santé publique. L'hémoculture en est la clé, méthode de référence pour identifier une bactériémie. Pour garantir un diagnostic précoce, tout en minimisant les préjudices potentiels associés, il est crucial de rationaliser ses pratiques. L'objectif de notre étude est d'analyser les données des hémocultures dans un hôpital universitaire tunisien pour identifier leurs opportunités d'optimisation. Les hémocultures traitées par le laboratoire de microbiologie de l'hôpital Tahar Sfar de Mahdia entre septembre 2024 et août 2025 ont été évaluées rétrospectivement. L'identification bactérienne reposait sur les techniques conventionnelles, la sensibilité aux antibiotiques sur les critères EUCAST-CASFM et le traitement des données à l'aide des logiciels Excel et SPSS. Un total de 3643 hémocultures a été prélevé auprès de 1469 patients, avec un âge moyen de 25,8±28,7 ans. Seulement 12,8% hémocultures se sont révélées positives. Les entérobactéries et les bacilles à Gram négatif non fermentaires représentaient 36% et 12,2% respectivement. Le taux d'isolement des staphylocoques à coagulase négative (SCN) (5%) le plus élevé a été enregistré au service de pédiatrie. Les bactéries multi-résistantes étaient présentes à 22,3% significativement associés à la mortalité. Les taux de résistance à l'imipénème étaient à 86,4% et 38,8% respectivement parmi les souches d'*Acinetobacter baumannii* et *Klebsiella pneumoniae* isolées.

Notre étude a révélé un faible rendement des hémocultures avec un taux alarmant d'isolement des SCN, contaminants fréquents, soulignant la nécessité impérieuse d'un contrôle rigoureux de la phase pré-analytique. Etablir un état

des lieux précis des pratiques actuelles servira à développer des recommandations fondées.

Microbiologie Fondamentale

Impact of Au-TiO_2 nanocomposite on biofilm formation and heat shock protein expression in pathogenic bacteria

Rihab Lagha[1]*, Amine Mezni[2], Fethi Ben Abdallah[1]
[1]Unité de recherche: Virologie & Stratégies Antivirales (UR17ES30), Institut supérieur de Biotechnologie, Université de Monastir, Monastir, 5000, Tunisia
[2]Laboratoire des Composées Hétéro-organiques et des Matériaux Nanostructurées (LR18ES11), Faculté des Sciences de Bizerte, Université de Carthage, Zarzouna, 7021, Tunisia

*rihablagha@yahoo.fr

Abstract
Nanoparticles have gained significantly due to their extensive biological applications. Further, there is a growing interest in the utilization of metal oxide nanoparticles as antimicrobial agents. This study aimed to evaluate the antimicrobial and antibiofilm properties of Au-TiO_2 NCs against pathogenic bacteria. The Au-TiO_2 NCs structure was analyzed by X-ray diffraction (XRD). The morphology of NPs was characterized by transmission electron microscopy (TEM) and their chemical composition was determined using energy-dispersive X-ray spectroscopy (EDX). The antibacterial activity was assessed using the microdilution method. The antibiofilm property was determined spectrophotometrically using crystal violet staining. Additionally, the expression level of GroEL/GroES heat shock proteins was examined by western blot technique. XRD analysis revealed a pure cristalline structure for both NPs. TEM images of Au-TiO_2 NCs showed a quasi-spherical gold cores surrounded by TiO_2 NPs with good dispersity and an average size around 11 nm. Au-TiO_2 NCs exhibited great antibacterial activity against pathogenic bacteria with MICs values extended from 39 µg/mL to 78 µg/mL. These nanoparticles showed good biofilm inhibition activity with rates ranging from 26,05 % to 83.37%. Heat shock protein analysis demonstrated that GroES which is an Au-TiO_2-inducible protein Contrary to GroEL. Consequently, these NPs could be a promising alternative to antibiotics in the treatment of bacterial infections.
Keywords: Au-TiO_2 NCs; pathogenic bacteria; Antibacterial; Antibiofilm; GroEL/GroES expression.

Apprentissage Automatique pour la prédiction des variants du SARS-CoV-2 à partir des données biologiques

Narjess Aouni[a], Nabil Abid[b], Besma Rabhi[a], Emna Hajlaoui[a]

[a] Faculté des Sciences et Techniques de Sidi Bouzid, Université de Kairouan, Tunisie.
[b] Institut Supérieur de Biotechnologie de Monastir, Université de Monastir.
[c] Laboratoire des Maladies Transmissibles et Substances Biologiquement Actives, LR99ES27, Faculté de Pharmacie de Monastir, Université de Monastir, Tunisie.

Abstract

Depuis son émergence en Chine, le SARS-CoV-2 s'est rapidement diversifié en une multitude de variants présentant des différences notables en termes de transmissibilité, de virulence et d'échappement immunitaire. L'identification rapide et fiable de ces variants à partir des génomes complets représente un enjeu majeur pour la surveillance épidémiologique mondiale et la conception de stratégies de contrôle efficaces.

Dans cette étude, nous avons développé un modèle d'intelligence artificielle basé sur l'apprentissage automatique, combinant la représentation **k-mer** du génome et la méthode de la **forêt aléatoire (Random Forest)**. Le modèle a été entraîné sur un ensemble de **133,298 génomes annotés** issus de la base de données **NCBI**, couvrant l'ensemble des variants connus à ce jour.

Les performances obtenues montrent une **précision moyenne de 98,3 %**, surpassant les approches de classification conventionnelles nécessitant un alignement multiple. Le modèle s'est également révélé robuste face à des données incomplètes ou bruitées, confirmant sa fiabilité pour l'analyse de séquences réelles issues du séquençage de terrain.

Ces résultats démontrent que l'apprentissage automatique constitue une alternative rapide, scalable et précise pour la classification et la surveillance des variants du SARS-CoV-2. À terme, cette approche pourrait être intégrée dans les plateformes de surveillance génomique pour améliorer la détection précoce de nouveaux variants émergents et soutenir les décisions de santé publique.

Liste des participants

N°	Prénom et Nom	Université/Institution/Organisme ou laboratoire de recherche	E-mail
1	Abed Rabab	Laboratoire d'analyses médicales	biorabab406@gmail.com
2	Ahmed ALOULOU	Université de Sfax/Ecole Nationale df'Ingénieurs de Sfax	ahmed.aloulou@enis.tn
3	Allagui zeyneb	Laboratoire de biologie INNTA	zeyneballagui@gmail.com
4	Jallouli Wafa	Université de Sfax/Centre de Biotechnology de Sfax/Laboratoire des biopesticides	jallouliwafa2@yahoo.fr
5	Ouertani Bochra	Faculté de médecine de tunis	ouertanibochra@gmail.com
6	Abdelfettah Seghir	Université de Tlemcen	safs.bio@gmail.com
7	Ahlem Khachroub Mahjoub		*mahjoubahlem@hotmail.com*
8	ahmed araoud	Université de Monastir/ CHU Fattouma Bourguiba Monastir/ Service d' Hygiène et de Médecine Préventive et communautaire	ahmed.araoud14@gmail.com
9	Alexandre NOIRIEL	Université Claude Bernard Lyon 1 (UCBL), Institut de Chimie et de Biochimie	alexandre.noiriel@univ-lyon1.fr
10	Aroua ben haouala	Laboratoire hôpital jemmel	benhaoualaaroua@gmail.com
11	Asma GNOUMA	Faculté des Sciences de Tunis-Université de Tunis el Manar	asmagnouma@gmail.com
12	ASMANI Katia Louiza	Université Mouloud Mammeri de Tizi-Ouzou. Laboratoire d'écologie, Biotechnologie et Santé.	katialouiza.asmani@ummto.dz
13	Baba Hala	Université de Monastir/ Faculté de Pharmacie de Monastir/Laboratoire de Parasitologie-Mycologie Médicale et Moléculaire (LR12ES08)	halababababiologie@gmail.com
14	BEN BRAÏEK OLFA	Université de Kairouan/Faculté des Sciences et Techniques de Sidi Bouzid/LR99ES27	olfa_bbraiek@yahoo.fr
15	Ben Cheick Salma	Faculté de pharmacie de monastir	salma.bncheick@gmail.com
16	Ben Cheikh Rania	Pharmacienne résidente en deuxième année biologie (spécialité virologie) ; laboratoire de l'hôpital régional Haj Ali Soua Ksar Hellal.	raniabch488@gmail.com
17	Ben Sassi Ahlem	Université de Monastir/Faculté de Pharmacie/Laboratoire des Maladies Transmissibles et Substances Biologiquement Actives	ahlem_ben_sassi@yahoo.fr

18	BLIBECH SAFA	Service de microbiologie , Hôpital la Rabta , Tunis , Tunisia	safa.blibech@etudiant-fmt.utm.tn
19	BOUACEM Khelifa	Département de Biochimie-Microbiologie, Faculté des Sciences Biologiques et des Sciences Agronomiques, Université Mouloud Mammeri de Tizi Ouzou	khelifa.bouacem@ummto.dz
20	BOUANANE DARENFED AMEL	Laboratoire de Biologie Cellulaire et Moléculaire (LBCM), Equipe de Microbiologie, Faculté des Sciences Biologiques, Université des Sciences et de la Technologie Houari Boumediene (USTHB), El Alia, Alger, Algérie	amelbouanane@gmail.com
21	Bouaricha Amel	BADJI MOKHTAR ANNABA	amelbouaricha23@yahoo.com
22	Bouglita Wafa	Université de la Manouba/Institut Supérieur de Biotechnologie Sidi Tahbet / Laboratoire Biotechnologie et Valorisation des Bio-Géo Ressources (BVBGR) LR11/ES31	Wafabouglita@gmail.com
23	Bouzgarrou olfa	chu FB	benmustaphaamohamed@gmail.com
24	CHAHEB LAIN Ouardia	Université Mouloud Mammeri Tizi Ouzou Algérie, Faculté des Sciences Biologiques et Sciences Agronomiques, Laboratoire d'Ecologie et Biologie des Écosystèmes Terrestre.	ouardia.chaheblain@ummto.dz
25	Chakroun Ibtissem	Laboratoire d'Analyse , Traitement et Valorisation des Polluants de l'Environnement et des produits	chakrounibtissem2244@yahoo.fr
26	Chayma Jradi	Hôpital	chaymajradi@gmail.com
27	Chedia Aouadhi	Université Jendouba/ISBB	chediaaouadhi@yahoo.fr
28	CHOUAIBI Samah	faculté de pharmacie de Monastir	samahchouaibi02@gmail.com
29	CHOUROUK ibrahim	Unité des Laboratoires de Biologie Médicale, Ministère de la santé	chourouk.ibrahim@rns.tn
30	Dabboussi Malek	Institit National de Nutrition	daboussi.malek@gmail.com
31	DIAF Mustapha	Université Djillali LIABES de Sidi Bel Abbes Algérie	diafmustapha@gmail.com
32	Drici Amine El-Mokhtar	Université de Sidi Bel Abbès	drici.amine@gmail.com
33	El Ahmer Ikram	Université de Monastir/ Faculté de pharmacie de Monastir/ LR99ES27	ikramelahmer@gmail.com
34	Emna Mhamdi	Faculté de pharmacie de Monastir	emhamdi1920@gmail.com
35	Farjallah Dhekra	université de Monastir /Faculté de pharmacie/ laboratoire de parasitologie mycologie médicale et moléculaire	farjallahdhekra5@gmail.com
36	Fethi Ben Abdallah	Unité de recherche: Virologie & Stratégies Antivirales (UR17ES30),	etyben@yahoo.fr

		Institut supérieur de Biotechnologie, Université de Monastir, Monastir, 5000, Tunisia	
37	Gharbi marwa	Institut national de nutrition	Marwagharbi65@yahoo.com
38	Ghassan Tayh	Service de Microbiologie et d'Immunologie, Ecole Nationale de Médecine Vétérinaire, Université de La Manouba	ghassan.tayh@gmail.com
39	Hajer Briki	INAT	hajerbriki1@gmail.com
40	HAMDI Rawand	Laboratoire des maladies transmissibles et substances biologiquement actives	rawandhamdi5@gmail.com
41	Hassaine Lahfa Imane	Université Aboubekr Belkaïd, Laboratoire Antibiotiques Antifongiques : Physico-chimie, Synthèse et Activité Biologique (LapSab).	imane.hassainelahfa@univ-tlemcen.dz
42	Hekima KHELIFI	Université de Monastir/Faculté de pharmacie de Monastir/Laboratoire des maladies transmissibles et substances biologiquement actives	*hakimakhlifi32@gmail.com*
43	HEMISSI IMEN	Institut National de la Recherche Agronomique de Tunisie	imen.hemissi@yahoo.fr
44	IKBEL DENDEN	Université de Monastir, Tunisie	denden_ikbel@yahoo.fr
45	Ilyes Dammak	Université de Sfax	ilyes.dammak@enis.tn
46	Ines Othman	LR99ES27	ines_othman@yahoo.fr
47	Jihen Elleuch	Université de Sfax, Ecole Nationale d'ingénieurs de Sfax, Laboratoire de Génie Enzymatique et Microbiologie	jihen.elleuch@enis.tn
48	Khammassi ghofrane	Hôpital militaire principal d'instruction de tunis	khammassighofrane7@gmail.com
49	Malek SKANDRANI	CHU FB DE MONASTIR	benmustaphaamohamed@gmail.com
50	Mariem Mouelhi	Faculté de Pharmacie de Monastir : Analyse et contrôle des polluants chimiques et microbiologiques de l'environnement -optimisation des techniques de traitement et de valorisation des rejets -effets sur l'équilibre écologique (LR01ES16)	meryem.mouelhi@gmail.com
51	Mayssa Rebei	Université de Monastir/ CHU Fattouma Bourguiba Monastir/ Service d' Hygiène et de Médecine Préventive et communautaire	ahmed.araoud14@gmail.com
52	Mohamed amine khalfallah	faculté de pharmacie de monastir	aminos01.ouzmaki@gmail.com

53	Mohamed Chaabane		mohamadoo02@yahoo.fr
54	Narjes AOUNI		narjes.ouny1997@gmail.com
55	Naim Mkacher		
56	Najla Haddaji	Département de biologie, Collège des sciences, Université de Hail, P.O. Box 2440, Hail 81451, Arabie saoudite.	najla_haddaji@yahoo.fr
57	Nor Eddine BENYOUB	Université de Tlemcen Algérie	benyoubnoreddine@yahoo.fr
58	Noura ELMNASSER	Laboratoire d'Analyse, Traitement et Valorisation des Polluants de l'Environnement et des Produits. Faculté de Pharmacie de Monastir, 5000 Monastir. Tunisie	mnassernoura@yahoo.fr
59	Otmane Aouad	Université Abdel-Malek Essaadi - tetouan / Faculté de médecine et de pharmacie de Tanger -Laboratoire de microbiologie et biologie moléculaire	otmanfmptlabo@gmail.com
60	Oumayma Layeb	Laboratoire de microbiologie, CHU La Rabta	layeboumayma410@gmail.com
61	Rabaoui ghada	Faculté des sciences de Tunis	rabaouighada1@gmail.com
62	RABIA OUMAIMA	laboratoire de microbiologie CHU fattouma bourguiba monastir	oumaima.rabia97@gmail.com
63	Rahma sassi	Institut national de nutrition	sassirahmasassi@gmail.com
64	Rebai sirine	Laboratoire d'analyses médicales à l'hôpital régional de Sidi Bouzid	rebaii.cyrine@gmail.com
65	Rihab Lagha	Unité de recherche: Virologie & Stratégies Antivirales (UR17ES30), Institut supérieur de Biotechnologie, Université de Monastir, Monastir, 5000, Tunisia	rihablagha@yahoo.fr
66	Safia Dahmen	Université de Monastir/ISBM/Laboratoire des maladies transmissibles et substances biologiquement actives, faculté de pharmacie de Monastir	safia_dah@yahoo.fr
67	Sana AZAIEZ	FMSo	sanaazaeiz@yahoo.fr
68	Sana ALIBI	Faculté des sciences de Gafsa, Université de Gafsa	alibi_sana@hotmail.fr
69	Sassi Ali	Laboratoire prévention EPSP Algérie	sassi7347@yahoo.fr
70	Sassi Oumaima	Faculté de pharmacie de monastir/ Institut pasteur de Tunis	Sassioumaima96@gmail.com
71	Sellami Sameh	Centre de Biotechnologie de Sfax	sellamisameh@gmail.com
72	Siwar HABIBI	Université de Manar/ institut supérieur des sciences biologiques appliquées	hbibisiwar1@gmail.com
73	Tarek Zmantar	Université de Monastir/Faculté de Pharmacie de Monastir/Laboratoire	zmantar_t@yahoo.fr

		d'analyse, traitement et valorisation des polluants de l'environnement et des produits	
74	TOUATI Djamila	faculté de pharmacie	dj.touati@univ-alger.dz
75	wafa ben mansour	Faculté de pharmacie de Monastir	wafabenmansour123@gmail.com
76	Wejdene MANSOUR	FMS	wejdene.mansour@gmail.com
77	Wiem LAZREG	Laboratoire de microbiologie hopital fattouma bourguiba monastir	lazregwiem2@gmail.com
78	Zahia BOUCHERIT-OTMANI	Université Aboubekr BELKAÏD-Tlemcen	zahia.otmani@univ-tlemcen.d
79	Zaidi Slah	Institut des régions Arides-Medenine	zaidislahali@gmail.com